



피빨고둥(*Rapana venosa*)에 감염된 흡충류(trematodes)에 관한 보고

김태호 · 김정호* · 서한길** · 김광일** · 민은영** · 조미영*** ·

최혜승*** · 정승희**** · 한현자**†

국립수산과학원(연구원) · *강릉원주대학교(교수) · **국립수산과학원(연구사) ·

국립수산과학원(연구관) · *국립수산과학원(과장)

The First Report of a Trematodes Infection in Purple Shell, *Rapana venosa*, in Korea

Tae-Ho KIM · Jeong-Ho KIM* · Han-Gil SEO** · Kwang-Il KIM** · Eun-Young MIN** ·

Mi-Young CHO*** · Hye-Sung CHOI*** · Sung-Hee JUNG**** · Hyun-Ja HAN**†

National Institute of Fisheries Science (researcher) · *Gangneung-Wonju National University (professor) ·

National Institute of Fisheries Science (senior researcher) · *National Institute of Fisheries Science (chief
researcher) · ****National Institute of Fisheries Science (director)

Abstract

The large gastropod purple shell, *Rapana venosa*, inhabit in the western and southern coasts of Korea at a depth of approximately 10m. Identification of trematodes found in *R. venosa* from Sihwa lake, Gyeonggi-do, Korea, was conducted in this study. Trematode infection sites were examined using light microscope and genomic DNAs were extracted from the infected tissues of boiled *R. venosa*. Mitochondrial cytochrome c oxidase subunit 1 region (mt COI), internal transcribed spacers rDNA regions (ITS1-5.8S-ITS2) and 28S rRNA region of the trematode DNA were amplified by polymerase chain reaction (PCR), and compared with those already registered in GeneBank. Cercaria and redia of trematodes were found by light microscopy. Although the DNA sequence of mt COI gene did not match with the *Parorchis* sp. mt COI sequence, there was a high genetic similarities of ITS1-5.8S-ITS2 and 28S rRNA genes with those of *Parorchis* sp. (ITS: 97%, 28S: 99%). The phylogenetic analysis also showed our samples were closely clustered with *Parorchis* sp. All of these data suggest that our samples found in *R. venosa* are *Parorchis* sp., but further studies such as electron microscopic observation with fresh samples will be necessary for clear identification at the species level.

Key words : Trematode infection, Purple shell, *Rapana venosa*, *Parorchis* sp.

I. 서론

피빨고둥, *Rapana venosa* (Valenciennes, 1846)은

연체동물문(Phylum Mollusca), 복족강(Class Gastropoda), 빨소라과(Family Muricidae)에 속하며 한국의 남해와 서해, 중국의 보하이 해와 동중국

† Corresponding author : 051-720-2474 hjhan77@korea.kr

* 이 논문은 국립수산과학원(병리연구과 R2019055)의 연구지원으로 수행되었음.

및 대만 연안이 원산지로서 알려져 있다(Mann et al., 2004; Harding et al., 2007; Lee and Chung, 2015). 피빨고둥은 국내 남해안과 서해안의 수심이 얕은 연안에 서식하고 해양 저서생물을 섭이하는 육식성 대형 고등류로서 복잡한 생활사를 가지고 있으며(Hong et al., 1997; Rho et al., 1998; Choe et al., 1999; Hong et al., 2006; Choi and Ryu, 2009), 식용으로 소비되며 패각은 두족류(Cephalopod)에 속하는 주꾸미를 잡는데 사용된다(Yoo, 1976).

이러한 복족류에 기생할 수 있는 흡충류(trematoda)는 연체동물물 제 1 숙주로 삼으며, 이를 포함한 한 종 혹은 그 이상의 중간숙주 종들에 기생할 수 있는 복잡한 생활사를 가지고 있다(Galaktionov and Dobrovolskij, 2013). 일반적으로 기생성 흡충류는 성충 단계에 이르면 충란(eggs)을 배출하며, 부화된 유충은 자유 유영하여 제 1 중간 숙주인 연체동물에 감염하고, 이후 조류나 어류와 같은 척추동물을 제 2 중간 숙주 혹은 종숙주로 하여 최종적으로 성충이 되는 생활사를 가지고 있다(Guilloteau et al., 2016). 따라서 흡충류 기생체와 숙주 사이의 상호작용은 생태계에서 환경적인 요인과 먹이 사슬 단계 및 생물의 다양성을 판단하는데도 중요한 역할을 한다고 알려져 있다(Mouritsen and Robert, 2005; Lafferty et al., 2006; Dunn, 2009). 또한, 이와 같이 패류매개성 기생충(snail-mediated parasites)은 감염된 무척추동물의 체내에서 기생충이 증식하여 다른 척추동물에 감염이 가능하기 때문에 이에 대한 연구는 공중위생학적으로도 매우 중요하다(Chung and Soh, 1991). 현재까지 국내 패류들 중 복족류에 감염하는 기생성 흡충류에 대한 보고가 다수 존재하지만(Cho et al., 1983; Kim et al., 1984; Park et al., 1999; Park et al., 2005; Na et al., 2017), 피빨고둥에서 흡충류의 감염은 Kim and Choi (2005)의 보고가 유일하다.

본 연구에서는 경기도 시화호에서 흡충류의 감염이 의심되는 피빨고둥이 발견되어 광학현미경

을 통한 관찰을 진행하였고, 분자생물학적 동정을 위하여 cytochrome c oxidase subunit I (COI), 28S ribosomal RNA region (28S rRNA), internal transcribed spaces rRNA regions (ITS1-5.8S-ITS2 rRNA) 염기서열 분석을 시도하였다.

II. 연구 방법

1. 시료 채취 및 형태 관찰

2016년 4월 13일 경기도 시화호에서 채집되어 식용으로 유통되던 자연산 피빨고둥에서 흡충류의 감염이 의심되는 개체가 발견되어 이를 분석하였다. 분석 시료는 식용으로 사용하기 위해 삶은 피빨고둥개체를 사용하였다. 감염 부위로 의심되는 피빨고둥의 조직으로부터 기생충을 분리하였으며, 기생충은 여과멸균해수로 washing한 후에 본 연구에 사용하였다. 분리한 기생충을 슬라이드글라스 위에 올려 놓은 후 광학현미경(Carl Zeiss, Germany)으로 관찰하였다.

2. 핵산 추출

피빨고둥에서 분리한 기생충의 분자생물학적 동정을 위해서 high pure PCR template preparation kit (Roche Diagnostics, Germany)를 사용해서 핵산을 추출하였다. Washing한 기생충 25 μ g과 300 μ l의 DEPC-treated water (Invitrogen, USA)를 eppendorf tube에 분주한 후에 homogenizer로 마쇄하였다. 마쇄한 용액이 들어 있는 eppendorf tube를 8,000rpm에 10분간 원심분리해서 분리된 상등액을 본 연구에 사용하였으며 제조사의 매뉴얼에 따라 핵산을 추출하였다.

3. 중합효소연쇄반응(PCR)

분자생물학적 동정을 위해 mt COI (mitochondrial cytochrome oxidase subunit 1) gene, ITS1-5.8S-ITS2 gene, 28S rRNA gene을 타겟으로

하는 3종의 primer set를 사용하여 PCR을 수행하였다. mt COI gene은 forward primer Dice1F (5'-ATTAACCCTCACTAAATTWCNTTRGATCATAAG-3')와 reverse primer Dice14R (5'-TAATACGACTCACTATACCHACMRATAACA TATGATG-3')을 사용해서 증합효소연쇄반응으로 증폭하였으며(Van Steekiste et al., 2015), PCR 반응 조건은 94°C for 2min, 3 cycles of 94°C for 40s, 51°C for 40s, 72°C for 1min, 5 cycles of 94°C for 40s, 48°C for 40s, 72°C for 1min, 35 cycles of 94°C 40s, 45°C for 40s, 72°C for 1min; and a final extension at 72°C for 5min으로 수행하였다. ITS1-5.8S-ITS2 gene은 forward primer D1F (5'-AGGAATTCCTGGTAAGTGCAAG-3')와 reverse primer D2R (5'-CGTACTGAGGGAATCCTGGT-3')를 사용하였으며(Garazzo et al., 2002), PCR 반응 조건은 95°C for 2min, 40 cycles of 94°C for 40s, 55°C for 30s, 72°C for 2min; and a final extension at 72°C for 5min으로 수행하였다. 28S rRNA gene은 forward primer U178F (5'-GCACCCGCTGAA YTTAAG-3')와 reverse primer U1642R (5'-CCAGCGCCATCCATTTTCA-3')를 사용하였고(Lockyer et al., 2003), PCR 반응 조건은 95°C for 2min, 35 cycles of 94°C for 40s, 55°C for 30s, 72°C for 2min; and a final extension at 72°C for 5min으로 PCR을 실시하였다(<Table 1>).

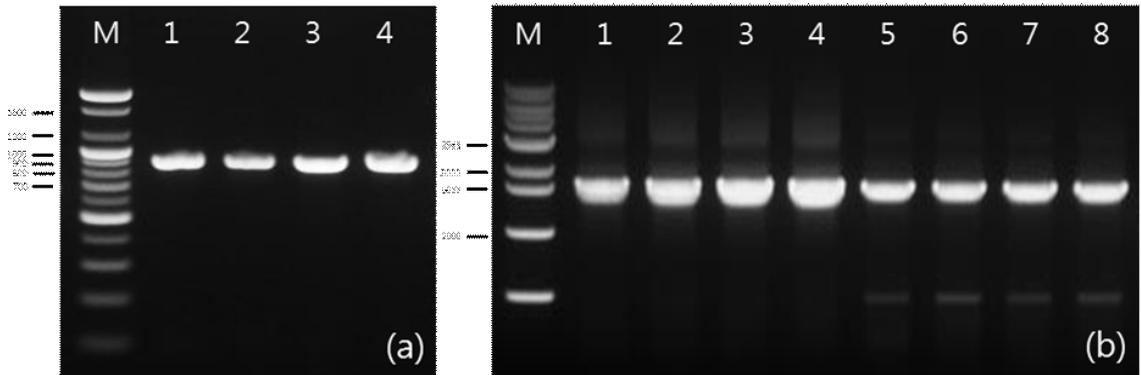
본 연구의 모든 PCR 반응은 25 μ l의 EmeraldAmp PCR mixture (Takara, Japan)와 0.2 μ M 농도의 forward와 reverse primer, 1 μ l의 template DNA (50ng/ μ l)로 총용량 50 μ l 조건에서 실시하였다.

4. DNA 염기서열 분석 및 계통수

증폭된 PCR products를 1.5% (w/v) agarose gel 상에서 확인하였으며 반응조건은 100V에서 30분간 전기영동을 하였다([Fig. 1]). 증폭된 PCR product를 정제하기 위해서 High Pure PCR Product Purification Kit (Roche Diagnostics, Germany)를 사용해서 제조사의 매뉴얼대로 실험을 실시하였다. 정제한 PCR product는 증폭할 때 사용했던 primers로 (주)솔젠트(Daejeon, Korea)에 유전자 염기서열 분석을 의뢰하였다. 피뿔고등에서 발견된 흡충류 기생체의 분류학적 위치를 알아보기 위해서 mt COI, ITS1-5.8S-ITS2 and 28S rRNA genes의 염기서열 분석 결과와 Genbank (NCBI)에 등재되어 있는 염기서열 정보를 수집해서 비교 분석 하였다. 분석한 염기서열은 MEGA 6.0 프로그램으로 Clustal W 방법을 사용해서 정렬시켰으며 계통수는 neighbor-joining 방법과 bootstrap 방법으로 tree를 제작하였다(Huelsenbeck and Hillis, 2007).

<Table 1> Specific primer sets used in the identified by this study

Target	Primer sequences	PCR product(bp)
COI	Dice1F: 5'-ATTAACCCTCACTAAATTWCNTTRGATCATAAG-3'	792
	Dice14R: 5'-TAATACGACTCACTATACCHACMRATAACA TATGATG-3'	
ITS1-5.8S-ITS2	D1F: 5'-AGGAATTCCTGGTAAGTGCAAG-3'	1,561
	D2R: 5'-CGTACTGAGGGAATCCTGGT-3'	
28S rRNA	U178F: 5'-GCACCCGCTGAA YTTAAG-3'	1,710
	U1642R: 5'-CCAGCGCCATCCATTTTCA-3'	



[Fig. 1] Detection of trematodes parasite DNAs amplified by using PCR. (a) Lane M: 100bp DNA ladder; lane 1, 2 and 3, 4: COI gene. (b) Lane M: 1KB DNA ladder; lane 1, 2 and lane 3, 4: 28S rRNA gene; lane 5, 6 and 7, 8: ITS1-5.8S-ITS2 gene.

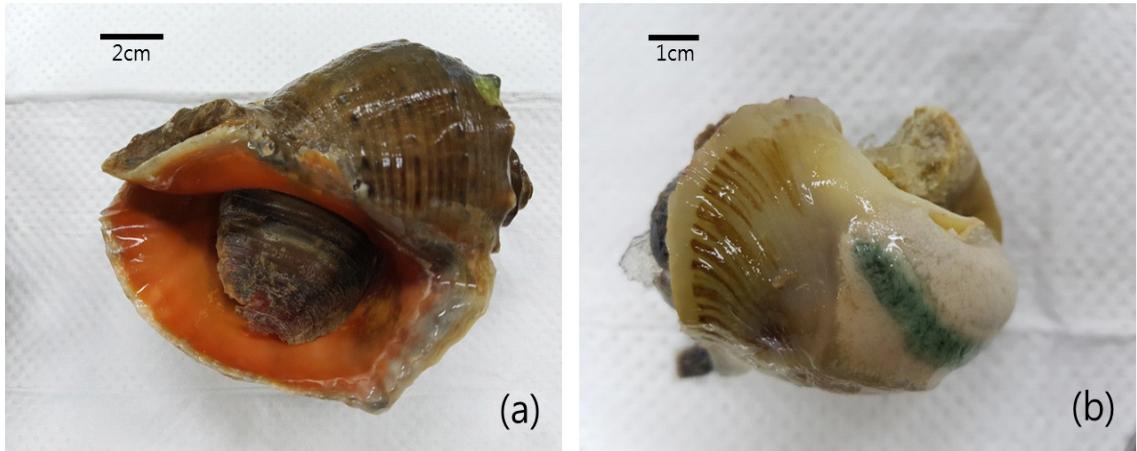
III. 연구 결과 및 고찰

본 연구는 경기도 시화호에서 기생충 감염이 의심되는 피빨고둥이 발견되어 발견된 기생충에 대한 동정을 실시하였다. 살아있는 냉장 피빨고둥에서는 특별한 증상이 있는 개체가 없었으나, 삶은 후 냉동된 피빨고둥에서는 기생충으로 의심되는 개체가 있어 향후 분석에 사용하였다. 정상 피빨고둥과 비교하여 기생충 감염이 의심되는 감염 부위는 ([Fig. 2b])와 같이 유백색을 띄고 있으며 육안으로 쉽게 구별 가능하다.

현재까지 피빨고둥에서 발견된 기생충은 *Perkinsus* sp.와 *Cercaria pseudogranifera* Ito, 1957가 알려져 있다(Kim et al., 1984; Kim and Choi, 2005). *Perkinsus* sp.는 해산 연체동물에 기생하는 원생생물에 속하며, 국내 바지락 양식 산업에 매년 큰 피해를 입히고 있다(Park et al., 1999; Perkins, 1996). *Cercaria pseudogranifera* Ito, 1957는 흡충의 유미유충이며 일본의 짜부락고둥과 (Family Cerithiidae)에 속하는 고둥류에서 보고된 바 있다(Kim and Choi, 2005).

발견된 기생충을 현미경으로 검경한 결과 흡충의 생활사 단계 중 유미유충(cercaria) 및 레디아(redia) 단계로 보이는 개체들이 확인 되었다. 피빨고둥에서 발견된 유미유충의 평균 크기는

2,829 μm x 1,002 μm ($n=20$) 였으며 구흡반(oral sucker)의 크기는 279 μm x 268 μm , 복흡반(ventral sucker)의 크기는 288 μm x 272 μm 였다([Fig. 3a]). Kim et al.(2005)에서 보고된 *Cercaria pseudogranifera* Ito, 1957와 Gilardoni et al.(2011)에서 보고된 *Parorchis* sp.의 cercaria와 비교해 보면, 충체 모양이 둥근 타원형으로 유사 하며 구흡반과 충체 중앙 부근에서 복흡반이 보이는 점이 거의 일치하나 꼬리의 형태는 보이지 않는다. 또한, 식도와 창자는 복흡반 상부에서 좌우로 분리되어 후단으로 이어지는 형태가 유사해 보인다. Kim et al.(2005)에서 보고된 *Cercaria pseudogranifera* Ito, 1957의 cercaria 단계의 평균 크기 505 x 202 μm 와 Gilardoni et al.(2011)에서 보고된 *Parorchis* sp.의 cercaria 단계의 평균 크기 328 x 172 μm 보다 크기가 크다. 유미유충을 만들기 전단계인 레디아의 크기는 3,119 μm x 541 μm 였으며 배세포: 357 μm x 215 μm , 장관(saccular intestine): 814 μm x 216 μm , 인두(pharynx): 216 μm x 174 μm 였다([Fig. 3b]). Kim et al.(2005) 보고된 *Cercaria pseudogranifera* Ito, 1957의 레디아 단계의 평균 크기 2,590 x 433 μm 와 유사하며, Rees et al.(1980)에서 보고된 *Parorchis acantus* Nicoll의 Stage I redia에서 평균 체장이 2,800 μm 로 크기가 거의 유사하다.



[Fig. 2] *Rapana venosa*. (a) Before peeling, purple shell of *Rapana venosa*. (b) After peeling, purple shell infected with trematodes.

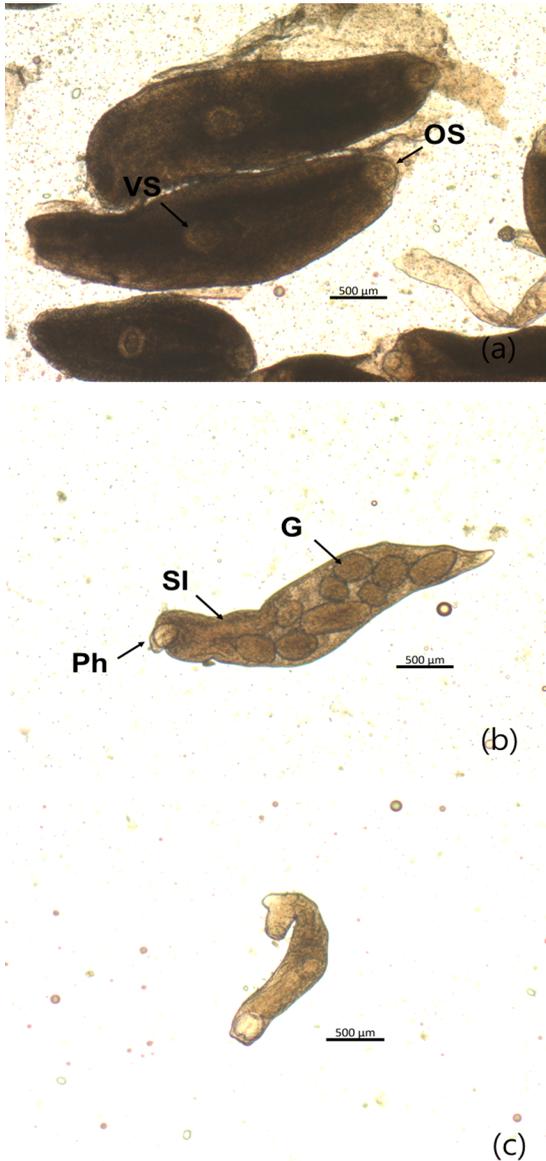
Gilardoni et al.(2011)에서 보고된 *Parorchis* sp.의 redia 평균 크기 1,128 x 271 μm 보다는 크다. 유미유충을 배출하고 난 old redia의 크기는 1,439 μm x 283 μm 였다([Fig. 3c]). Rees et al.(1980)에서 보고 된 *Parorchis acanthus* Nicoll의 특정한 형태를 가지지 않는 Stage III redia의 형태와 유사하며 평균 체장 1,575 μm 로 크기가 거의 일치한다.

기생충 유전자를 중합효소연쇄반응으로 증폭해서 DNA 염기 서열을 분석한 결과 *Parorchis* sp.의 ITS1-5.8S-ITS2 rRNA gene sequence 1,030bp (GeneBank accession number: KF451928)와 97%의 상동성을 보였으며, *Parorchis* sp.의 28S rRNA gene, partial sequence 1,238bp (KF451929)와 *P. acanthus*의 28S rRNA gene, partial sequence 1,165bp (KT956949)에서 99%의 상동성을 보였다. 반면, mt COI gene의 DNA 염기 서열은 기존에 GeneBank에 등록 되어 있는 *Parorchis* sp.의 mt COI gene DNA 염기 서열과 대부분이 일치하지 않았으며, *Acanthoparyphium* sp.의 mt COI gene, partial sequence 480bp (KM880010)와 79%의 낮은 상동성을 보였다(data not shown). *Parorchis* sp.와 같은 Philophthalmidae과에 속하는 *Philophthalmus* sp. DBK-2009 COI gene, partial sequence 706bp (GQ868101)와 *Philophthalmus* sp. 2016-2 voucher

3LF-2699 COI gene, partial sequence 933bp (KX672821)의 염기 서열을 비교해보면, 84.68%의 낮은 상동성을 보인다. 본 연구에서 분석한 *Parorchis* sp.의 mt COI sequence는 7개만이 GeneBank에 등록되어 있어서 상동성이 낮을 가능성이 있다고 사료 된다.

상동성이 높게 나온 ITS1-5.8S-ITS2 rRNA gene과 28S rRNA gene의 유전자 분석 결과를 토대로 계통수 분석을 실시하였으며 *Parorchis* sp.와 유전적 유연관계가 가장 근연하게 나타났다([Fig. 4]).

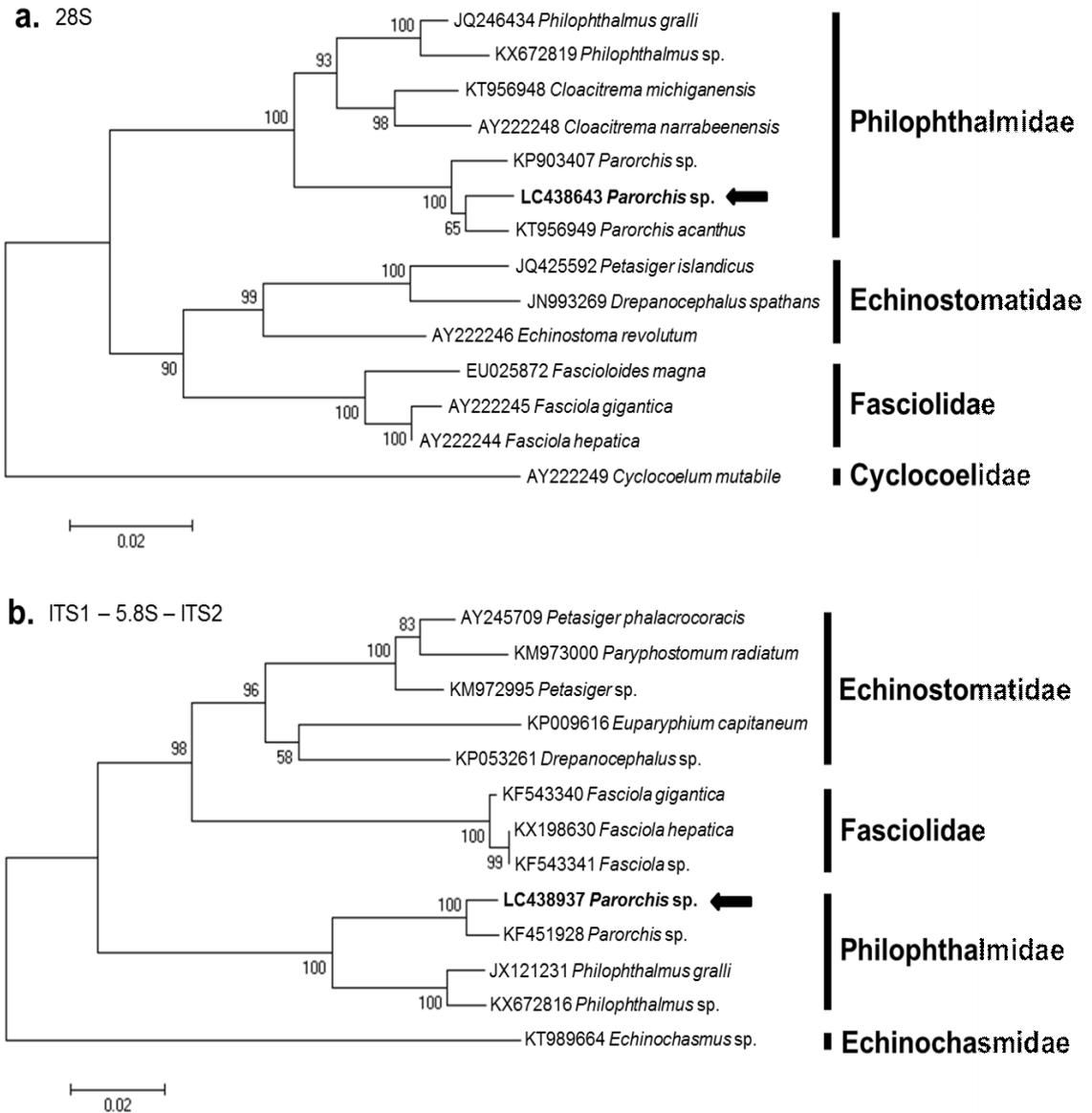
본 연구에서 분석한 흡충 유충 시료와 유전적 유연관계가 가까운 것으로 나타난 *Parorchis* sp.와 *P. acanthus* (Nicoll, 1907)는 Philophthalmidae과에 속하며, *Parorchis* 속에는 *Parorchis* (Gilardoni et al., 2011), *Cloacitrema*, *Philophthalmus* (Schuster, 2013), *Ficedularia* (Peng-Ru, 1981), *Oswaldotrema* (Muniz-Pereira et al., 2000)가 속한다. 이 중 유전적 유연관계가 가장 가깝게 나타난 흡충류인 *Parorchis* sp.는 주로 뉴질랜드 해안가 및 오스트레일리아의 Adelaide 해안가에 서식하는 복족류에서 발견되며 총알고둥과 (Littorinidae)가 제 1 중간 숙주로 알려져 있다(O'Dwyer et al., 2014, 2015). 최종 숙주로는 물떼새류(Shorebird)가 알려져 있으며(Dronen and



[Fig. 3] The trematodes parasites used a microscope $\times 50$ magnification. (a) Stage of cercaria. (b) Stage of redia. (c) Stage of old redia. Abbreviations: G - germ cell, OS - oral sucker, Ph - pharynx, SI - sacculus intestine, VS - ventral sucker.

Blend, 2008; Morton and Joseph, 2018), 물떼새류 중 도요과 (Scolopacidae)에 속하는 좀도요(*Calidris*

ruficollis)와 갈매기과(Laridae)의 일부 *Larus* 속에 속하는 새들에서 성충이 발견되었다(Yamaguti et al., 1971; Fischthal et al., 1973). 물떼새류는 국내 남해 및 서해의 해안가에서 가장 많이 발견되는 조류 중 하나이며(Oh et al., 2002; Hong, 2005), 동아시아 부근의 동중국해와 서해는 매년 36종의 물떼새류 철새들의 중간 서식지이기도 하다 (Battley et al., 2004). 그러므로, 생태학적 및 지리학적인 관점에서 보면 서해에 위치하는 경기도 시화호에서 *Parorchis* sp.에 감염된 피빨고둥이 발견될 수 있다고 생각된다. 하지만, 본 연구에서 얻은 결과만으로 피빨고둥에서 발견된 흡충 유생이 *Parorchis* sp.라고 단정 짓기는 어렵다. 왜냐하면 본 연구에 사용한 피빨고둥 시료가 젊은 상태였기 때문에 전자현미경을 동반한 형태학적 분석이 불가능 하였으며, 광학현미경 관찰 및 분자생물학적 분석만으로 종 동정을 진행할 수 밖에 없었다. 추후에 삶지 않은 기생충에 감염된 피빨고둥 시료를 확보해서 전자현미경을 이용한 형태학적 분석을 추가적으로 한다면 종 동정이 가능할 것으로 사료된다. 또한, *Parorchis* 속 흡충의 DNA 염기 서열에 관한 정보는 *Parorchis* sp.가 16개(7 for mt COI, 3 for ITS1-5.8S-ITS2 rRNA and 6 for 28S rRNA), *P. acanthus*에 관한 유전정보는 1개(1 for 28S rRNA)만으로 DNA 염기 서열을 비교분석하여 동정하기에는 GeneBank (NCBI)에 등재되어 있는 유전 정보가 부족하였다. 따라서, 분자생물학적으로 본 연구에서 발견된 흡충 시료를 *Parorchis* 속의 종(species)수준까지 동정하기에는 GeneBank에 등재되어 있는 *P. acanthus* 28S rRNA gene, partial sequence 1,165bp만으로는 어려움이 있었기 때문에, 경기도 시화호의 피빨고둥에서 발견된 흡충류는 가장 가까운 값을 얻은 *Parorchis* sp.로 추정하였다. 본 연구에서 얻은 유전자 분석 데이터(mt COI, ITS1-5.8S-ITS2 and 28S rRNA)는 차후 *Parorchis* sp.를 동정하기 위한 유용한 기초 자료가 될 것이라고 생각된다.



[Fig. 4] Phylogenetic relatedness of trematodes identified from *Rapana venosa* based on the 28S rRNA and ITS1-5.8S-ITS2 sequences. Scale bars indicate a number of substitutions per site.

References

Battley P(2004). Shorebirds of the Yellow Sea: Importance, Threats and Conservation Status by M. Barter, 299.

Cho HC, Chung PR and Lee KT(1983). Distribution of medically important freshwater snails and larval trematodes from *Parafossarulus manchouricus* and *Semisulcospira libertina* around the Jinyang Lake in Kyongsang-Nam-Do, Korea. The Korean Journal of Parasitology 21, 193~204.

- <http://dx.doi.org/10.3347/kjp.1983.21.2.193>
- Choe BL, Park MS, Jeon LG, Park SR and Kim HT(1999). Commercial molluscs from the Freshwater and Continental shelf in Korea. National Fisheries reserch and Development Instistue Publishing, 1~197.
- Choi JD and Ryu DK(2009). Age and Growth of Purple whelk, *Rapana venosa* (Gastropoda: Muricidae) in the West Sea of Korea. The Korean Journal of Malacology 25, 189~196.
- Chung PR and Soh CT(1991). Snail-borne parasitic zoonoses in Korea. The Southeast Asian J Trop Med Public Health 22, 391~395.
- Dronen NO and Blend CK(2008). Observations on the *Parorchis acanthus* complex (Philophthalmidae: Parorchhiinae) with the description of three new species of *Parorchis* Nicoll, 1907 and the replacement of the preoccupied junior homonym *Paratrema* Dronen & Badley, 1979 with *Stenomesotrema* nomen novum. Zootaxa 1843, 1~23.
- Dunn AM(2009). Parasites and biological invasions. Advances in parasitology 68, 161~184. [https://doi.org/10.1016/S0065-308X\(08\)00607-6](https://doi.org/10.1016/S0065-308X(08)00607-6)
- Fischthal JH and Kuntz RE(1973). Additional digenetic trematodes of birds from North Borneo (Malaysia). Proceedings of the Helminthological Society of Washington 40, 245~255.
- Froger A and Hall JE(2007). Transformation of plasmid DNA into *E. coli* using the heat shock method. Journal of visualized experiments JoVE 6. <http://www.jove.com/index/Details.stp?ID=253>, <https://doi.org/10.3791/253>.
- Galaktionov KV and Dobrovolskij A(2013). The biology and evolution of trematodes: an essay on the biology, morphology, life cycles, transmissions, and evolution of digenetic trematodes. Springer Science & Business Media. <http://doi.org/10.1007/978-94-017-3247-5>
- Galazzo DE, Dayanandan S, Marcogliese DJ and McLaughlin JD(2002). Molecular systematics of some North American species of Diplostomum (Digenea) based on rDNA-sequence data and comparisons with European congeners. Canadian Journal of Zoology 80, 2207~2217. <https://doi.org/10.1139/z02-198>
- Gilardoni C, Etchegoin J, Diaz J, Ituarte C and Cremonte F(2011). A survey of larval digeneans in the commonest intertidal snails from Northern Patagonian coast, Argentina. Acta Parasitologica 56, 163~179. <https://doi.org/10.2478/s11686-011-0021-2>
- Guilloteau P, Poulin R and MacLeod CD(2016). Impacts of ocean acidification on multiplication and caste organisation of parasitic trematodes in their gastropod host. Marine Biology 163, 96. <https://doi.org/10.1007/s00227-016-2871-5>
- Harding JM, Mann R and Kilduff CW(2007). The effects of female size on fecundity in a large marine gastropod *Rapana venosa* (Muricidae). Journal of Shellfish Research 26, 33~42. [https://doi.org/10.2983/0730-8000\(2007\)26\[33:TEOFS O\]2.0.CO;2](https://doi.org/10.2983/0730-8000(2007)26[33:TEOFS O]2.0.CO;2)
- Hong JS, Jung RH, Seo IS, Yoon KT, Choi BM and Yoo JW(1997). How are the Spatio-Temporal Distribution Patterns of Benthic Macrofaunal Communities Affected by the Construction of Shihwa Dike in the West Coast of Korea?. Korean Journal of Fisheries and Aquatic Sciences 30, 882~895.
- Hong SB(2005). A Research for Shorebirds on the Southernmost of Nakdong Estuary. Korean J. Ecol 28, 199~206.
- Hong SY(2006). Marine Invertebrates in Korean Coastes. Academy Publishing Company, Seoul, Korea., 479.
- Huelsenbeck JP and Hillis DM(1993). Success of phylogenetic methods in the four-taxon case. Systematic Biology 42, 247~264. <http://doi.org/10.1093/sysbio/42.3.247>
- Kim YG and Choi JS(2005). Study on the Cercaria of Trematodes Parasitized in the Marine Gastropods, *Batillaria cumingii* CROSSE. Journal of fish pathology 18, 197~204.
- Kim YG, Kim JY and Chun SK(1984). The Trematode Parasitized on the Marine Gastropod I. On the *Cercaria yamagutii*, *Cercaria isoninae* and *Cercaria pseudogranifera*. Korean Journal of Fisheries and Aquatic Sciences 17, 543~548.
- Lafferty KD, Dobson AP and Kuris AM(2006). Parasites dominate food web links. Proceedings of the National Academy of Sciences 103,

- 11211~11216.
<https://doi.org/10.1073/pnas.0604755103>
- Lee IH and Chung JS(2015). Ultrastructural Studies of Germ Cell Developments and Atypical Cells Occurred During Spermatogenesis in the Acini, and the Cyclic Changes in the Epithelial Cells With the Developmental Phases of the Seminal Vesicle in *Rapana venosa* (Valencienes). The Korean Journal of Malacology 31, 9~19.
<http://dx.doi.org/10.9710/kjm.2015.31.1.9>
- Lockyer AE, Olson PD and Littlewood DTJ(2003). Utility of complete large and small subunit rRNA genes in resolving the phylogeny of the Neodermata (Platyhelminthes): implications and a review of the cercomer theory. Biological Journal of the Linnean Society 78, 155~171.
<https://doi.org/10.1046/j.1095-8312.2003.00141.x>
- Mann R, Occhipinti A and Harding JM(2004). Alien Species Alert: *Rapana venosa* (veined whelk). ICES Cooperative Research Report 264, 14.
- Morton JP(2018). Infection by *Parorchis acanthus* (Trematoda) decreases grazing by the keystone gastropod, *Littoraria irrorata*. PeerJ 6, e4544.
<https://doi.org/10.7717/peerj.4544>
- Mouritsen KN and Poulin R(2005). Parasites boosts biodiversity and changes animal community structure by trait-mediated indirect effects. Oikos 108, 344~350.
<https://doi.org/10.1111/j.0030-1299.2005.13507.x>
- Muniz-Pereira LC and Pinto RM(2000). *Oswaldotrema nacinovici* gen. nov. sp. nov. (Digenea: Philophthalmidae) from *Numenius phaeopus* (Aves: Scolopacidae) in Brazil. Memorias do Instituto Oswaldo Cruz 95, 301~304.
<http://dx.doi.org/10.1590/S0074-02762000000300004>
- Na YE, Lee JH, Choi IW, Lee YS, Kim HJ and Lee YH(2017). Distribution of freshwater snails and their cercarial infection status at some regions in Sejong and Daejeon. The Korean Journal of Malacology 33, 207~212.
<http://doi.org/10.9710/kjm.2017.33.3.207>
- Nicoll W(1907). *Parorchis acanthus*, the type of a new genus of trematodes. The Quarterly Journal of Microscopical Science 51, 345~355.
- O'Dwyer K, Blasco-Costa I, Poulin R and Faltynkova A(2014). Four marine digenean parasites of *Austrolittorina* spp.(Gastropoda: Littorinidae) in New Zealand: morphological and molecular data. Systematic parasitology 89, 133~152.
<https://doi.org/10.1007/s11230-014-9515-2>
- O'Dwyer K, Faltynkova A, Georgieva S and Kostadinova A(2015). An integrative taxonomic investigation of the diversity of digenean parasites infecting the intertidal snail *Austrolittorina unifasciata* Gray, 1826 (Gastropoda: Littorinidae) in Australia. Parasitology research 114, 2381~2397.
<https://doi.org/10.1007/s00436-015-4436-9>
- Oh HS, Im IC, Kim BS, Kim WB and Park HS(2002). A Study on the Status of Migrating Shorebirds on Major Wetlands in Cheju Island, Korea. Bulletin of Korea Institute of Ornithology 8, 9~25.
- Park KI, Choi KS and Choi JW(1999). Epizootiology of *Perkinsus* sp. found in the Manila clam, *Ruditapes philippinarum* in Komsoe Bay, Korea. Korean Journal of Fisheries and Aquatic Sciences 32, 303~309.
- Park SW, Lee KH and Choi DL(2005). Prevalence and Detection of *Perkinsus* sp. infection in the Manila clams, *Ruditapes philippinarum*. Journal of fish pathology 18, 49~58.
- Peng-Ru X(1981). A SURVEY OF TREMATODE FAUNA OF FOWLS IN GUANGDONG. Journal of South China Agricultural University 1, 001.
- Perkins FO(1996). The structure of *Perkinsus marinus* (Mackin, Owen, and Collier, 1950) Levine, 1978 with comments on taxonomy and phylogeny of *Perkinsus* spp. J. Shell. Res 15, 67~87.
- Rees FG(1980). Surface ultrastructure of the Redia of *Parorchis acanthus* Nicoll (Digenea: Philophthalmidae). Zeitschrift fur Parasitenkunde 63, 33~46. <https://doi.org/10.1007/BF00927724>
- Rho BJ, Choe BL, Lee JR and Kil HJ(1998). Malacofauna of Geojedo Island, Korea. The Korean Journal of Systematic Zoology 14, 257~278.
- Schuster RK(2013). A New Species of *Cloacitrema* (Digenea, Philophthalmidae) from Greater Flamingo (*Phoenicopterus roseus*) with Remarks on the Genera *Cloacitrema* and *Pygorchis*. Vestnik Zoologii 47, 77~81.
<http://doi.org/10.2478/vzoo-2013-0007>
- Van Steenkiste N, Locke SA, Castelin M,

Marcogliese DJ and Abbott CL(2015). New primers for DNA barcoding of digeneans and cestodes (Platyhelminthes). Molecular ecology resources 15, 945~952.
<http://doi.org/10.1111/1755-0998.12358>

Yamaguti S(1971). Synopsis of digenetic trematodes of vertebrates. Keigaku Publishing Company, Tokyo, Japan., Vol 1~2.

Yoo JS(1976). Korean Shells in Colour. Iijisa Seoul, 196.

-
- Received : 16 April, 2019
 - Revised : 19 June, 2019
 - Accepted : 07 July, 2019