C-13

한국 메기목(Siluriformes) 어류의 분자계통분류적 연구

김맹진 · 정상철 · 송춘복
제주대학교 해양과학부

서론

메기목(Siluriformes) 어류는 34과, 412속, 2405종으로 전세계의 담수역이나 해수역에 분포하고 있다(Nelson, 1994). 그 중 우리나라의 담수지역에 서식하고 있는 메기목 어류는 동자개과(Bagridae) 6종, 퉁사리과(Amblycipitidae) 3종 및 메기과(Siluridae) 2종이며(Kim and Park, 2002) 중국의 경우 11과, 29속 113종이 분포한다(Gang et al., 2005). 동자개과 어류 중 한국의 *Leiocassis nitidus*은 중국에서 *Reltrobagrus nitidus*의 학명으로 사용하고 있어 한국과 중국의 동자개과 어류의 분류체계를 확립하여 통일된 학명을 사용해야 할 것이다.

계통분류학적 연구에서 있어서 형태형질이나 골격형질을 이용한 연구들이 활발히 진행되고 있다. 그러나 종 사이에 유사한 형태인 경우 분류 체계에 있어 어려움을 가진다. 최근에 들어 형태학적 분류의 한계를 극복하기 위해 분자계통학적 연구들이 진행되고 있다. 특히 분자계통학적 연구에 사용되고 있는 미토콘드리아 cytochrome *b* 유전자는 보존영역과 변이영역을 동시에 보유하고 있어 분자 마커로 척추동물에 적용되어 널리 이용되고 있다. 본 연구에서는 cytochrome *b* 유전자를 이용하여 한국, 중국 및 일본에 분포하는 메기목 어류의 분자계통학적 관계성을 파악하였다.

재료와 방법

1. 재료

연구에 사용된 한국산 메기목 어류는 3과 8종을 사용하였고 중국과 일본의 메기목 어류는 GenBank의 data를 사용하였다.

2. 방법

간이나 지느러미로부터 DNA 분리 kit를 사용하여 DNA를 추출하였다. Cytochrome *b* 유전자의 주변부 tRNA 서열을 기초하여 Primer를 제작한 후 PCR을 통해 전체 cytochrome *b* 유전자를 증폭하였다. 증폭된 cytochrome *b* 유전자는 cloning을 한 후, 자동서열분석기를 이용하여 DNA 서열 데이터를 획득하였다.

3. 자료분석

획득된 cytochrome *b* 유전자의 데이터는 DNAssist(version 2.2) 프로그램을 이용하여 다중 정렬하였다. 염기조성, 상호비교(Pairwise comparisons)를 위한 염기치환 양상, codon usage를 계산하였으며 계통분석은 neighbor joining 방법으로 계통수를 작성하였다. 모든 분석은 MEGA 3.0 (Kumar et al., 2004) 프로그램을 이용하였다.

결과와 토의

실험에 사용된 메기목 어류의 cytochrome *b* 유전자 서열은 1138 bp로 잉어목 어류와 비교한 결과 시작코돈에서 11 bp - 13 bp 부분이 결손이 나타났으며 ATG 개시

코돈으로 시작되어 종결코돈 TAA와 TAG으로 종결되었다. 계통분석에 사용된 740 bp는 403군데의 conserved site와 337군데의 variable site로 구성되었다. Variable site들 중 283개의 parsimony informative site를 포함되고 있다. 염기조성에 있어서 낮은 조성을 나타내고 있는 G(Guanine) 염기조성(14.3%)과 거의 균일한 나머지 T(Thymine), C(Cytosine) 및 A(Adenine)의 염기조성(T: 29.1%, C: 28.5%, A: 28.0%)이 나타났다. 첫 번째 코돈 위치에서의 transversition에 대한 transition의 비율은 전체적으로 평균 1.6%를 나타났다.

계통수를 분석한 결과 동자개과(Bagridae), 메기과(Siluridae) 및 퉁가리과(Amblycipitidae)는 단일진화군을 이루었다. 동자개과 어류는 2개의 clade가 형성하였다. Clade 1는 *Leiocassis*, *Pseudobagrus* 및 *Pelteobagrus* 어류들로 구성되었고 clade 2는 *Hemibagrus* 어류들로 이루어졌다. 메기과 어류인 경우 미유기(*Silurus microdorsalis*)가 가장 먼저 분화 되었으며 메기(*Silurus asotus*)가 가장 최근에 분화되었다. 퉁가리과 어류는 2개의 clade가 형성되었다. Clade 1는 *Liobagrus reini*(일본)과 *Liobagrus mediadiposalis*(한국)이며 clade 2는 *Liobagrus anderson*(한국)과 *Liobagrus anguillicauda*(중국)로 이루어졌다.

참고문헌

Gang, P.Z., Z.Y. Guang, H.S. Ping, and C.Y. Yu. 2005. Phylogeny of chinese catfishes inferred from mitochondrial cytochrome *b* sequences. Acta Genetica Sinica, 32, 145-154.

Kim, I.S. and J.Y. Park. 2002. Freshwater fishes of Korea. Kyo Hak publishing Co., Ltd., 234-260.

Nelson, J.S. 1994. Fishes of the world. John Wiley & Sons, New York, 2-89.