

한국산 복어목(Tetraodontiformes) 어류의 분자계통분류학적 연구

송춘복 · 김맹진
제주대학교 해양과학부

서론

복어목(Order Tetraodontiformes) 어류는 크게 파랑쥐치아목(Suborder Balistoidei)과 참복어목(Suborder Tetraodontoidei)으로 나뉘며, 전세계적으로 약 360종 정도가 알려져 있다(Santini and Tyler, 2003). 우리나라의 복어목의 파랑쥐치아목은 분홍쥐치과(Triacanthodidae), 은비늘치과(Triacanthidae), 쥐치복과(Balistiae), 쥐치과(Monacanthidae), 육각복과(Aracantidae) 및 거복복과(Ostraciidae)의 6개의 과로 구분되어지며(Kim and Lee, 1991) 참복어목은 불뚝복과(Triodontidae), 참복과(Triodontidae), 가시복과(Diodontidae) 및 개복치과(Molidae)의 4개의 과로 분류되어진다(Kim and Lee, 1990). 그러나 육각복과 어류는 거복복과로 다시 편입되어 현재 우리나라의 기재된 복어목 어류는 9과 31속 59종으로 보고되고 있다(Kim et al., 2005). 현재까지의 복어목 분류체계는 Kim and Lee (1990, 1991) 등에 의해 형태형질을 기초로 하여 분류되고 있지만 유전자 방법을 이용하여 기존 분류 체계에 대한 검토는 없는 실정이다. 따라서, 이 연구는 우리나라의 서식하고 있는 복어목 어류 내의 과(Family)간, 속(Genus)간 분류학적 관계 및 종간의 유전자 차이를 파악하기 위해 mitochondrial cytochrome *b* 유전자를 이용하여 조사하였다.

재료 및 방법

복어목 어류의 분자계통분류학적 관계성을 파악하기 위해 사용된 어류는 대부분 제주도 주변 해역을 포함하여 우리나라의 연안지역에서 채집하거나 시장에서 구입하여 연구에 이용하였다.

Genomic DNA는 Genomic isolation kit를 이용하여 분리한 후 Glu-F3와 Pro-R primer를 이용하여 PCR (Polymerase Chain Reaction) 반응을 통해 cytochrome *b* gene를 증폭하였다. 증폭된 cytochrome *b* 유전자는 cloning을 한 후, 자동서열분석기를 이용하여 DNA 서열 데이터를 확인하였다. 유전자서열은 DNAsist 프로그램을 통해서 다중 정렬하였다. 염기서열 차이(p-distances) 와 염기조성은 MEGA 3.0 그림을 이용하여 계산하였다. 분자계통분류학적 관계성은 MEGA 3.0과 PAUP 4.0d54 프로그램을 이용하여 MJ tree와 MP tree를 작성하였다.

결과 및 토의

복어목 어류의 cytochrome *b* 유전자 서열은 참복과 어류의 경우, 1137 bp이며 쥐치복과,

쥐치과 거북복과, 가시복과 및 개복치과는 1140 bp를 보였다. 우리나라 복어목 어류의 분류는 기존의 형태 형질을 기반으로 한 체계와 유사한 결과를 획득하였다. 참복과는 개복치과와 가장 가깝게 묶여서 단진화군을 형성하였고 이들 어류들의 진화과정에서 가장 먼저분화하였던 참복과 내의 어류는 크게 3개의 clade로 나뉘어 졌다. 하나의 clade는 졸복, 황복, 까치복, 복섬, 까칠복, 자주복, 참복 및 흰점복이 이루어졌으며 두 번째 clade는 청복, 별복, *Tetraodon steindachneri*, 및 *Tetraodon nigroviridis* 등을 포함하였다. 세 번째 clade는 은밀복, 흑밀복, 청밀복이 포함되면 은밀복이 먼저 분화 한 후 흑밀복과 청밀복이 분화된 양상을 보였다. 또한 *Lagocephalus* 속내의 중간 유전자 차이는 0.115-0.146의 p-distance를 보였다. 참복과 어류의 p-distance는 0.011-0.219값을 나타내었고 *Takifugu* 속내의 경우는 0.011-0.062의 p-distance를 보였다. *Takifugu* 중간 최소 유전자 차이는 자주복과 흰점복 사이에서 보였으며 까칠복과 흰점복 사이에서는 최대 유전자 차이를 나타냈다. 거북복과는 단진화군으로 형성하였으며 빨복이 먼저 진화 후 노랑거북복과 거북복이 분화한 형태를 보였다. 이들 어류의 p-distance는 0.085-0.151 값을 보였다. 쥐치과는 두 개의 clade로 구분 할 수 있었으나 bootstrap 값을 고려할 때 이들 어류의 단진화군을 유무는 확실치 않아 단진화군을 형성하지 못하였다. 객주리, 별쥐치 및 말쥐치가 하나의 clade를 형성하였고 쥐치와 그물코쥐치가 다른 clade을 이루었다. 객주리보다 말쥐치와 별쥐치가 가장 묶였으며 쥐치과의 p-distance는 0.074-0.237을 보였다. 그리고 말쥐치와 별쥐치 사이에서는 최소 유전자 차이를 나타내었다.

참고문헌

- Kim, I.S., C. Youn, C.L. Lee, Y.J. Lee, B.J. Kim and J.H. Kim. 2005. Illustrated book of Korean fishes. Kyo-Hak publishing Co., Ltd. pp. 491~515.
- Kim, I. C. and W. O. Lee. 1990. Synopsis of the suborder Tetraodontioidei (Pisces; Tetraodontiformes) from Korea. Korea J. Ichthyol. 2(1), 1~27.
- Kim, I. C. and W. O. Lee. 1991. Taxonomical study of the suborder (Pisces; Tetraodontiformes) from Korea. Korea J. Ichthyol. 3(2), 98~119.
- Santini, F. and J. C. Tyler. 2003. A phylogeny of the families of fossi and extant tetraodontiform fishes (Acanthomorpha, Teraodontiformes), Upper Cretaceous to Recent. Zool. J. Linn. Soc. 139, 565~617.