

韓國產 통가리屬 魚類의 遺傳 및 形態的 變異에 關한 研究\*

梁 瑞 榮 · \*\*孫 永 牧

(仁荷大學校 生物學科 · \*\*淸州師範大學 生物學科)

Genetic and Morphological Variation of the Genus *Liobagrus* in Korea\*

Yang, Suh-Yung and \*\*Son, Yeong-Mok

(Department of Biology, Inha University, Incheon, 160 Republic of Korea, \*\*Department of Biology, Cheongju University of Education, Cheongju, 310 Republic of Korea)

ABSTRACT

Genetic and morphological variation among seven populations of two species of the genus *Liobagrus* that had been collected from six separate river systems in Korea were analyzed by means of starch gel electrophoresis and discriminant function analysis. The degree of genic variation among three populations of *L. andersoni* was  $\bar{P}=21.3\%$ ,  $\bar{H}=0.068$ , and that of four populations of *L. mediadiposalis* was  $\bar{P}=16.3\%$ ,  $\bar{H}=0.560$ . Rogers' genetic similarity coefficients (S) of *L. andersoni* and *L. mediadiposalis* were  $\bar{S}=0.592$ ,  $\bar{S}=0.675$  respectively. In morphometric characters of *L. andersoni*, the population from Küm River was distinctly different from other conspecific populations.

Key words: Genetic, Morphological, *Liobagrus*, Korea.

緒 論

통가리屬 魚類는 大同江과 赤壁江 以南의 韓半島를 비롯하여 日本 臺灣 및 楊子江 以南의 中國大陸에 分布하는 南方系로 看做되는 小形淡水魚(宮地 등, 1976; 內田, 1939)로서 現在 까지 8種이 알려져 있다.

韓國產 통가리屬 魚類에 對해서는 Regan(1908)이 처음으로 江原道 金化에서 採集한 標本으로 *Liobagrus andersoni*를 記載하였고 Mori(1936)가 洛東江 및 蟾津江產 標本에 對하여 *L. mediadiposalis*로 報告한 以來, 內田(1939), 田(1980), 金 등(1981) 및 孫 등(1984)에 依한 形態, 分布, 發生, 生態, 및 蛋白質 등에 대한 報文이 있어 왔다. 특히 內田(1936)는 蟾

\*本 研究는 韓國科學財團 研究費(1981—1983) 支援金에 依하여 遂行된 것임.

津江産 *L. mediadiposalis* 와 洛東江産의 그것과는 꼬리지느러미의 色彩에서 差異가 보인다고 하였고, 田(1980)은 錦江水系에는 두 種이 모두 棲息한다고 밝힌 바 있으며 金 등(1981)은 錦江産 一部 標本이 *L. andersoni* 와 *L. mediadiposalis* 의 中間形質을 나타낸다고 報告하였다. 또 孫 등(1984)은 錦江産 *L. andersoni* 에서 두 種의 共同形質과 함께 다른 水系集團과 뚜렷히 區別되는 特徵적인 韓國産 淡水魚에 관한 遺傳的 變異 및 類緣關係에 대하여는 梁 등(1982, 1983, 1984), 金 등(1985)에 의해 調査된 바 있으나 種內 集團間을 對象으로 한 研究는 남자루亞科(梁, 1983), 피라미屬(梁 등, 1984) 붕어(梁, 1985), 버들치屬(閔·梁, 1986) 등 뿐이며 本屬魚類에 대한 電氣泳動法 및 數理統計學的 方法 등을 利用한 系統分類學的 研究는 이루어진 바 없는 상태이다.

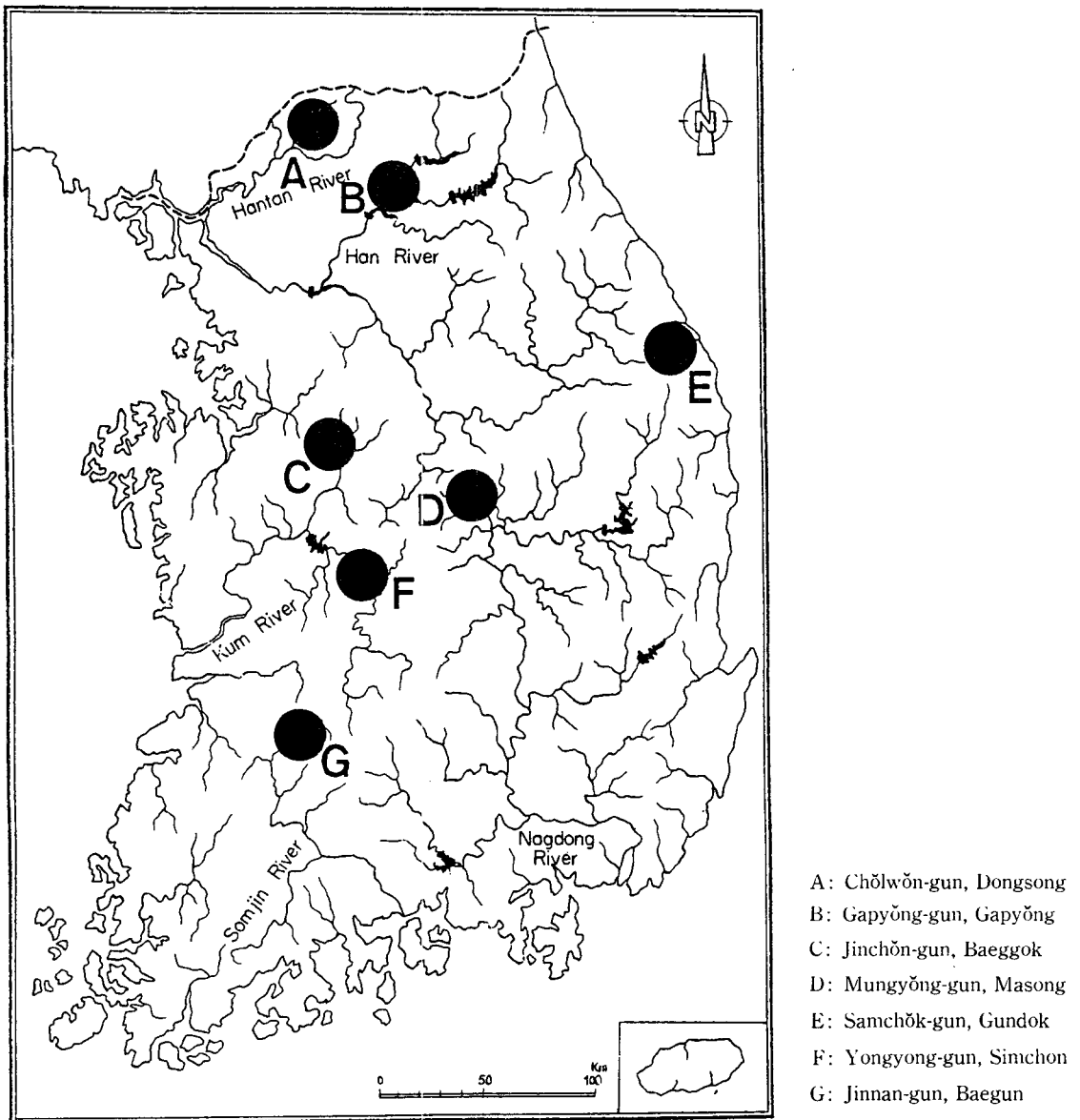


Fig. 1. Map showing the collection area.

따라서 本 研究에서는 동가리屬 魚類의 種間 및 種內 集團間의 類緣關係와 遺傳的 및 形態的 形質의 變異程度를 알아 봄으로써 동가리屬 魚類의 系統研究의 基礎資料를 얻고자 하여 酵素 및 蛋白質에 대한 電氣泳動像과 外部形態 形質의 統計的 分析 結果를 比較하였다.

### 材料 및 方法

實驗材料로는 漢灘江, 漢江, 錦江, 落東江, 蟾津江 및 麻邑川水系의 7個 地域(Fig.1)에서 總 420個體를 採集하여 一部는 生體로 實驗室까지 運搬 후  $-70^{\circ}\text{C}$ 의 冷凍機에 保管하여 電氣泳動의 材料로 使用하고 仁荷大學校 生物學科 實驗室에 保管하였고 나머지는 採集即時 5% formalin 溶液에 固定시켜 淸州師範大學 生物教育科 實驗室로 運搬하여 形態形質 測定에 利用하였다.

#### 1. 電氣泳動

電氣泳動의 試料로는 各 標本의 筋肉 0.5g 程度를 摘出하여  $4^{\circ}\text{C}$ 에서 glass homogenizer 로 磨碎한 후 Sorval RC-5B 遠心分離機(Roter-34)를 使用 49,000g 로 30分間 低温遠心分離하여 上層液를 얻어 使用하였다. 電氣泳動法은 Selander *et al.*(1971) 및 梁 등(1984) 方法에 의하여 horizontal starch gel electrophoresis 하였다. 電氣泳動 후 얻어진 酵素 및 蛋白質의 pattern 을 이용하여 遺傳子頻度, %polymorphism(P) 및 heterozygosity(H) 값을 구하여 集團間比較 및 種間變異 程度를 調査하였고(Selander,1976) 各種의 遺傳子頻度를 根據로 하여 Rogers' genetic similarity coefficients(Rogers,1972) 값을 구하여 種間 및 集團間의 遺傳的 近緣關係를 구명하고 Sneath and Sokal(1973)의 方法에 의하여 dendrogram 을 作成 比較하였다.

#### 2. 形態調査

形態的 形質에 대해서는 Hubbs and lagler(1964)의 方法에 따라 Fig.2에 나타난 바와 같은 計測形質을 調査하였다. 計測은 1/20mm dial caliper 를 使用하였으며 體長(standard length), 頭長(head length), 尾柄長(caudal peduncle length), 尾柄高(caudal peduncle depth), 吻長(snout

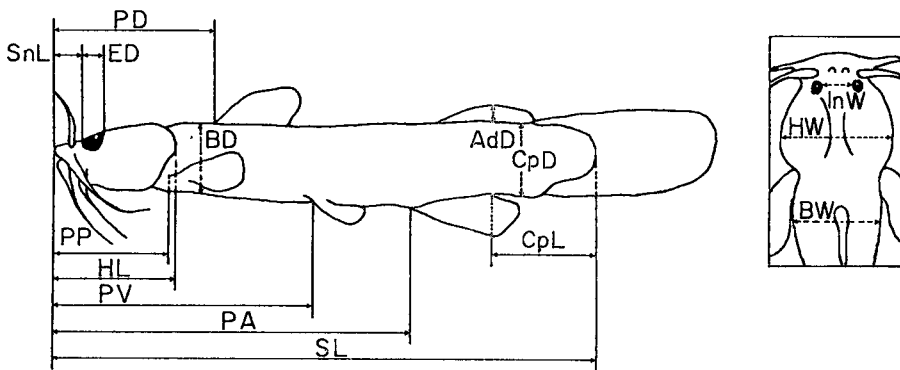


Fig. 2. Schematic drawing showing the main parts of the body measured. Abbreviations are as follow. SL: standard length, HL: head length, CpL: caudal peduncle length, CpD: caudal peduncle depth, SnL: snout length, PD: predorsal length, PV: preventral length, PP: Prepectoral length, PA: Preanal length, HW: head width, BW: body width, InW: interorbital width, BD: body depth, AdD: adipose depth, ED; eye diameter.

length), 등지느러미起點거리(predorsal length), 가슴지느러미起點거리(prepectoral length), 배지느러미起點거리(preventral length), 뒷지느러미起點거리(preanal length), 頭幅(head width), 兩眼間隔(interorbital width), 眼徑(eye diameter), 體高(body depth) 및 기름지느러미높이(adipose depth)를 測定하여 體長, 頭長 및 尾柄長에 대한 百分比를 얻은 후 分散分析과 最少有意差檢定(Scheffler, 1980) 및 Sneath and Sokal(1973)의 discriminant function analysis 方法을 利用하여 電算處理(SPSS-X program)하였다.

## 結果 및 考察

### 1. 集團間 遺傳的 變異 및 近緣關係

18種類의 酵素 및 蛋白質에서 29個의 遺傳子를 얻고 이들의 遺傳子頻度を 調査한 結果는 Table 1과 같다. 29개 遺傳子 중에서 *Ldh*, *Xdh*, *Ipo*, *Gp-1* 및 *Gp-3*의 5개 遺傳子는 種間 및 種內集團間에 전혀 差異가 없었고 나머지 23개 遺傳子는 集團間에 差異를 보였다.

*L. andersoni*의 경우 上記 5개 遺傳子 以外에도 *Fum-1*, *6Pgd-2*, *Gp-2* 및 *Adh-3*의 4개 遺傳子는 集團間에 同一하였으나 錦江 集團에 있어서는 *Pgm-2*, *Mpi*, *Got-2*, *Pept* 및 *Pgi-1*의 5개 遺傳子에서 다른 두 集團과 差異를 나타내는 한편 28개 遺傳子 중 *Adh-2*는 단지 1개체만 變異를 보였다. 가장 變異가 큰 遺傳子는 *Mdh-2*, *Pgm-1*,  $\alpha$ -*Gpd*, *Got-1*, *Pept* 및 *Pgi-1*의 6개 遺傳子였고 이들의 頻度は 集團間에도 현저한 變異를 나타내었다.

*L. mediadiposalis*는 *Pgm-2*, *Idh-2*,  $\alpha$ -*Gpd*, *6Pgd-2*, *Gp-4* 및 *Adh-2*의 6개 遺傳子에서 集團間에 差異를 보이지 않아 전체 28개 遺傳子 중 11개 遺傳子가 同一하였으며 나머지 差異가 나타나는 遺傳子 중 *Pgm-1*, *Got-1*, *Fum-2*, *Pept* 및 *Pgi-1*의 5개 遺傳子는 集團間에 큰 變異를 보였다.

통가리屬 두 種의 集團間 遺傳的 變異程度를 分析한 結果는 Table 2와 같다.

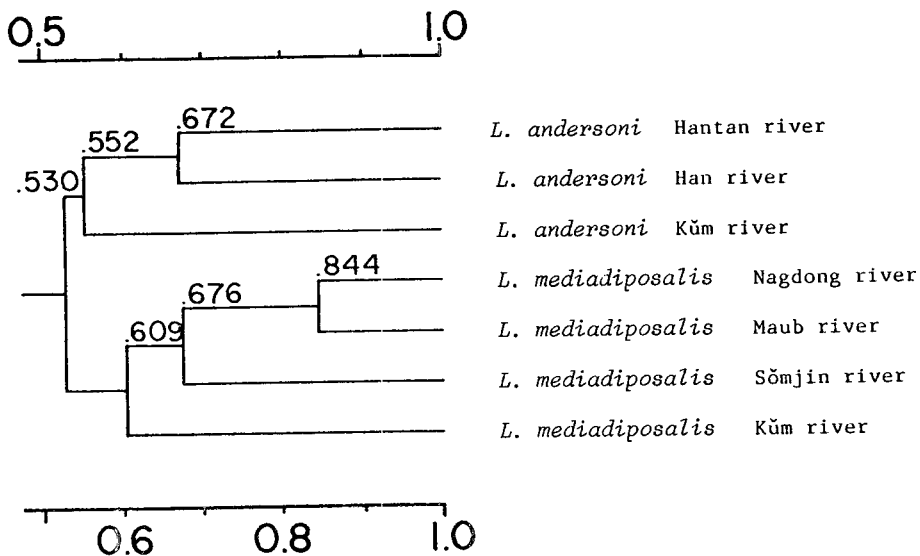


Fig. 3. Dendrogram among 7 populations of *Liobagrus* based on Rogers' genetic similarity coefficients.



Table 1. (continued).

<i>6Pgd-1</i>	a							0.05
	b		1.00		1.00	1.00	1.00	0.95
	c			1.00				
	d	1.00						
<i>6Pgd-2</i>	a				1.00	1.00	1.00	1.00
	b	1.00	1.00	1.00				
<i>Est-1</i>	a			1.00				
	b					1.00		
	c	1.00	—					
	d				1.00		1.00	
	e						1.00	
<i>Est-2</i>	a				1.00			
	b	1.00	—	—			—	1.00
	c					1.00		
<i>Gp-1</i>	a	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00
<i>Gp-2</i>	a					1.00		
	b	1.00	1.00	1.00	1.00		1.00	1.00
<i>Gp-3</i>	a	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00
<i>Gp-4</i>	a		1.00					
	b	1.00		1.00	1.00	1.00	1.00	1.00
<i>Adh-1</i>	a			0.03				
	b				0.45	1.00	1.00	
	c	1.00	1.00	0.97				1.00
	d				0.55			
<i>Adh-2</i>	a	0.02						
	b	0.98	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00
<i>Adh-3</i>	a	1.00	1.00	1.00				
	b				1.00	1.00	1.00	1.00
<i>Pept</i>	a				0.40	1.00		
	b		0.13	0.13	0.60			
	c		0.87	0.87			0.60	
	d	1.00					0.40	1.00
<i>Pgi-1</i>	a					0.06		
	b					0.74		
	c				0.40	0.09	0.58	
	d	1.00			0.50	0.12	0.30	1.00
	e		0.06	0.13	0.10		0.10	
	f		0.94	0.84				
	g			0.03			0.02	
<i>Pgi-2</i>	a			0.70		1.00		
	b	1.00	1.00	0.30			1.00	1.00
	c				1.00			

Table 2. Genetic variations among 7 populations of *L. andersoni* and *L. mediadiposalis*.

Locality	mean number of alleles per locus(A)	% polymorphism per population (P)	mean heterozygosity per individual	
			(H <sub>D</sub> )	(H <sub>E</sub> )
<i>L. andersoni</i>				
Kŭm river	1.04	4.0	0.002	0.002
Hantan river	1.27	27.0	0.109	0.102
Han river	1.42	33.0	0.092	0.081
<i>L. mediadiposalis</i>				
Sŏmjŏn river	1.22	19.0	0.062	0.078
Kŭm river	1.79	11.0	0.029	0.026
Nagdong river	1.28	20.0	0.082	0.080
Maub river	1.28	15.0	0.050	0.038

Table 3. Rogers' genetic similarity coefficients among 7 populations of *L. andersoni* and *L. mediadiposalis*.

	<i>L. andersoni</i>			<i>L. mediadiposalis</i>			
	Kŭm	Hantan	Han	Sŏmjŏn	Kŭm	Nagdong	Maub
<i>L. andersoni</i>							
Kŭm river		0.614	0.489	0.479	0.388	0.574	0.673
Hantan river			0.672	0.456	0.399	0.592	0.621
Han river				0.515	0.442	0.613	0.607
<i>L. mediadiposalis</i>							
Sŏmjŏn river					0.674	0.719	0.633
Kŭm river						0.630	0.552
Nagdong river							0.844
Maub river							

*L. andersoni* 의 경우 3集團의 平均對立因子數는  $\bar{A}=1.25$ , 平均 %polymorphism 은  $\bar{P}=21.3$ , 平均 heterozygosity 는  $\bar{H}=0.068$ 이었으며 이 중 錦江集團의 遺傳的 變異가 현저히 낮게 나타났다. *L. mediadiposalis* 4개 集團의 경우는 平均  $\bar{A}=1.39$ ,  $\bar{P}=16.3$ ,  $\bar{H}=0.056$ 로서 洛東江集團이 가장 變異가 큰 반면 역시 錦江集團에서 가장 낮은 變異를 보였으며 種間差異는 그다지 크지 않았다.

Table 1의 遺傳子 頻度를 이용하여 Rogers(1972)의 遺傳的 近緣值(S)를 算出한 結果는 Table 3과 같다. *L. andersoni* 의 集團間 平均近緣值는  $\bar{S}=0.592$ 로서 集團間의 遺傳的 差異가 큰 것으로 나타났으며 특히 錦江集團과 漢江集團間에는 그 값이  $\bar{S}=0.489$ 로 현저히 낮게 나타나 주목되었다. 또한 *L. mediadiposalis* 의 集團間 平均近緣值는  $\bar{S}=0.675$ 이었고, 이 중에서 洛東江集團과 麻邑川集團間에는  $\bar{S}=0.844$ 로 比較的 가가왔으나 錦江集團과 麻邑川集團 사이에는  $\bar{S}=0.552$ 로 상당한 差異가 있음을 알 수 있었다.

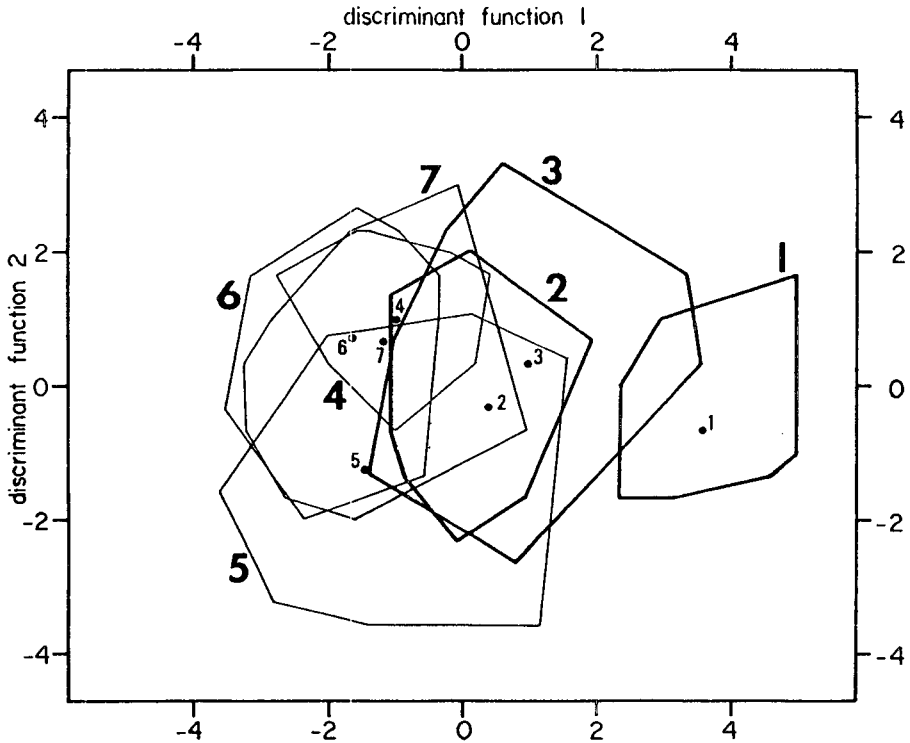


Fig. 4. Plot of the first and second discriminant functions for 7 populations of *L. andersoni* (heavy line) and *L. mediadiposalis* (light line).

1,5: Kūm river; 2: Hantan river; 3: Han river; 4: Sōmjīn river; 6: Nagdong river; 7: Maub river.

이 近緣值를 Sneath and Sokal(1973)의 方法에 따라 dendrogram을 作成한 結果는 Fig. 3과 같은 바 種間 近緣值는  $\bar{S}=0.530$ 으로 區分되었고 種內 사이에는 두 種 모두 錦江集團이 가장 近緣值가 먼 것으로 나타났다. 全般的으로 보아 種內 集團間의 遺傳的 近緣值가 대단히 낮아 他魚類群에서 그 例를 찾아 볼 수 없을 정도이며 梁 등(1984)에 의한 *Zacco platypus* 및 *Z. temmincki*의 種內 集團間 平均近緣值가 각각  $\bar{S}=0.936$ ,  $\bar{S}=0.988$ 로 나타난 것에 비하여도 현저히 그 값이 낮게 나타났다.

種內 集團間의 遺傳的 近緣值가 이처럼 낮은 값을 보이는데 대해서는 여러가지 要因이 考慮될 수 있겠으나 集團間의 分化程度가 클 것이라는 豫想 以外에도 本魚類가 夜行性이고 돌 밑에서 生活을 하며 낮은 移動性 등의 生態的 特性에 따른 높은 隔離性과 棲息處 파괴 및 濫獲 등 人間의 干涉으로 인한 集團의 현저한 減少現象 때문에 나타날 수 있는 bottlenecking의 結果가 아닌가 豫想된다(Soulé, 1976).

## 2. 形態比較

調査된 17가지 形態的 形質에 對한 集團間의 最少有意差檢定의 結果는 Table 4 및 Table 5와 같다. *L. andersoni*(Table 4)에서는 錦江 集團과 다른 두 集團間에 有意한 差異를 나타내는 形質이 전체 17개 形質 중 8개 形質인데 반하여 漢江集團과 漢灘江集團間에는 4개이어서 錦江集團이 가장 뚜렷한 特性을 보여 주었으며 이는 電氣泳動結果와 一致하였다. *L. mediadiposalis*(Table 5)의 경우 4개 集團間에서 有意한 差異를 보이는 形質의 數가 6~8개로 나타나 集團間의 差는 있었으나 電氣泳動結果와 一致하는 傾向성은 弱하였다.



**Table 4.** Population variation of morphometric mean ratio for *L. andersoni* from Han river (a-A), Hantan river (a-B) and Küm river (a-C).

character	HL/SL			PP/SL			PD/SL			PV/SL		
population	a-C	a-B	a-A	a-B	a-A	a-C	a-C	a-A	a-B	a-B	a-A	a-C
mean(%)	21.6	21.1	20.6	18.3	17.6	17.6	29.0	27.4	26.7	45.5	45.2	45.0
subsets	-----			-----			-----			-----		
character	PA/SL			CpL/SL			HW/SL			BW/SL		
population	a-C	a-B	a-A	a-A	a-B	a-C	a-C	a-B	a-A	a-C	a-A	a-B
mean(%)	60.9	59.9	59.8	21.0	20.8	19.0	22.6	20.4	20.3	19.2	17.1	15.6
subsets	-----			-----			-----			-----		
character	BD/SL			CpD/SL			SnL/HL			ED/HL		
population	a-C	a-A	a-B	a-B	a-C	a-AA	a-B	a-C	a-A	a-B	a-C	a-A
mean(%)	18.4	16.3	15.7	12.7	12.5	12.4	24.4	22.3	21.8	8.2	7.3	6.8
subsets	-----			-----			-----			-----		
character	InW/HL			HW/HL			CpD/HL			HW/BW		
population	a-C	a-B	a-A	a-C	a-A	a-B	a-B	a-A	a-C	a-B	a-A	a-C
mean(%)	41.9	37.4	36.2	105.4	97.4	96.8	60.5	60.4	59.0	130.0	119.8	119.3
subsets	-----			-----			-----			-----		
character	AdD/CpD											
population	a-A	a-C	a-B									
mean(%)	30.4	30.0	28.5									
subsets	-----											

**Table 5.** Population variance of morphometric mean ratio for *L. mediadiposalis* from Nagdong river (m-A), Maub river (m-B), Sömjin river (m-C), and Küm river (m-D).

character	HL/SL				PP/SL				PD/SL				PV/SL			
population	m-D	m-A	m-C	m-B	m-B	m-A	m-D	m-C	m-C	m-B	m-D	m-A	m-B	m-D	m-C	m-A
mean(%)	21.5	20.7	20.7	20.6	19.4	19.3	19.2	18.5	26.8	26.5	26.5	26.2	45.8	45.6	45.0	44.9
subsets	-----				-----				-----				-----			
character	PA/SL				CpL/SL				HW/SL				BW/SL			
population	m-B	m-A	m-C	m-D	m-C	m-D	m-A	m-B	m-D	m-C	m-A	m-B	m-D	m-C	m-A	m-B
mean(%)	61.0	60.7	59.7	58.9	21.9	21.4	21.3	20.1	19.5	18.7	18.6	18.2	15.2	14.9	14.7	14.4
subsets	-----				-----				-----				-----			
character	BD/SL				CpD/SL				SnL/SL				ED/HL			
population	m-C	m-A	m-B	m-D	m-A	m-C	m-D	m-B	m-C	m-A	m-B	m-D	m-D	m-B	m-A	m-C
mean(%)	17.3	16.5	15.8	15.6	14.8	14.0	14.0	13.9	30.9	27.6	27.1	24.4	8.6	8.3	8.0	7.4
subsets	-----				-----				-----				-----			
character	InW/HL				HW/HL				CpD/HL				HW/BW			
population	m-A	m-D	m-C	m-B	m-D	m-C	m-A	m-B	m-A	m-B	m-C	m-D	m-D	m-A	m-B	m-C
mean(%)	34.8	33.3	32.7	31.7	90.8	90.6	90.6	88.4	71.8	67.9	67.8	65.1	129.7	127.8	126.9	126.3
subsets	-----				-----				-----				-----			
character	AdD/CpD															
population	m-B	m-C	m-A	m-D												
mean(%)	34.2	33.3	31.4	25.6												
subsets	-----															

Table 6. Standardized canonical discriminant function coefficients of 7 populations of *Liobagrus* species on 17 morphological variables.

	func 1	func 2	func 3	func 4	func 5	func 6
HL/SL	.07992	.23946	-.11971	1.00751	.15097	.36873
OP/SL	.26789	.15137	.19588	.26419	.07964	-.70426
OD/SL	-.43282	.15703	.12365	-.27873	.51616	.48315
OV/SL	-.00829	.12085	.20268	-.10084	-.47328	.14322
OA/SL	.03847	-.07806	-.10959	.07724	.19141	-.34461
BW/SL	.13170	-.08920	-.32204	-.33731	-.02914	.07710
HW/SL	.01448	.50528	.29855	-.07425	-.12088	.07306
BD/SL	-.55883	.09628	.01451	.33997	.21950	.15905
CpL/SL	-.18837	-.39760	.62353	-.62622	.16420	-.42639
CpD/SL	.16246	-.24701	-.30117	-1.38675	-.23675	-.38603
SnL/HL	.15168	-.26482	.22830	-.30926	.16022	-.16425
ED/HL	.11020	.55250	.32176	.43308	.43790	.14241
InW/HL	-.41623	.34385	.47576	-.02037	-.75019	-.06187
HW/HL	-.48864	-.87117	-1.01336	.07125	.32138	-.10037
CpD/HL	.92891	.92282	.50097	1.61028	.03256	1.08600
HW/BW	.01324	.04728	.24139	-.02991	-.26931	.02185
AdD/CpD	.44200	-.65680	.34981	.44460	-.97717	.15231
eigenvalue	6.92220	.83119	.74153	.25698	.18669	.10491
% of variance	76.54	9.19	8.20	2.84	2.06	1.16

上記 形質에 대해서 Sneath and Sokal(1973)의 方法에 의하여 discriminant function analysis를 실시한 結果는 Table 6과 같다. function 1과 function 2의 %variance 값이 각각 76.54%와 9.19%로 나타났으므로 이를 토대로 集團 및 種間을 比較한 結果는 Fig.4에 나타내었다. 그림에서와 같이 functin 1에 대해서 *L. andersoni* 集團(1, 2, 3)과 *L. mediadiposalis* 集團(4, 5, 6, 7)이 대체로 잘 區分되었고 특히 *L. andersoni*의 錦江集團(1)은 같은 種의 다른 두 集團과 뚜렷히 區分되어 電氣泳動結果와 잘 一致하고 있음을 알 수 있었다.

### 摘 要

韓國産 통가리屬 魚類의 種間 및 種內 集團間의 遺傳的 近緣關係의 變異程度를 알아 보기 위하여 南韓의 6개 水系의 7개 地域에서 採集된 420個體 標本을 對象으로 電氣泳動에 의한 遺傳子分析과 形態比較를 實施하였다.

集團間 遺傳的 變異程度를 分析한 結果 *L. andersoni* 3개 集團에서는  $\bar{P}=21.3\%$ ,  $\bar{H}=0.068$ 이었고 *L. mediadiposalis*의 경우는  $\bar{P}=16.3\%$ ,  $\bar{H}=0.056$ 으로 나타났다.

또 *L. andersoni* 및 *L. mediadiposalis*의 集團間 遺傳的 平均近緣値는 각기  $\bar{S}=0.592$ ,  $\bar{S}=0.675$ 이었고 그 중 錦江集團이 가장 近緣値가 먼 것으로 나타났으며 種間 近緣値는  $\bar{S}=0.530$ 이었다.

外部形態形質에 대한 discriminant function analysis 를 實施한 結果 *L. andersoni* 의 錦江集團이 뚜렷하게 區分되어 電氣泳動結果와 一致함을 보였다.

以上の 結果에서와 같이 種內 集團間에서도 현저한 遺傳的 差異를 나타내고 있어 같은 水系內의 集團間에 대하여서도 더욱 자세한 遺傳的, 形態的 比較分析이 있어야 할 것으로 思料된다.

### 謝 辭

本 研究에 관련된 實驗과 資料의 整理에 手筈을 아끼지 않은 仁荷大學校 生物學科 朴炳相君, 沈在漢君, 閔媯淑嬢, 淸州師範大學 生物教育科 洪永杓君에게 謝意를 表합니다.

### 參 考 文 獻

- Hubbs, C. L. and K. F. Largler, 1964. Fishes of the Great Lakes Region. Univ. Michigan Press, 1: 19-26.
- Mori, T., 1936. Descriptions on new genera and three new species of Siluroidea from Korea. Zool. Mag. (Japan), 48, 8-10: 671-675.
- Regan, C. T., 1908. The Duke of Bedford's Zoological Exploraton in Eastern Asia-VIII. A collection of fresh-water fishes from Korea. Proc. Zool. Soc. London, 1: 59-63.
- Rogers, J. S., 1972. Genetic similarity and genetic distance. Studies in Genetics, Univ. Texas Publ., 7213: 145-153.
- Scheffler, W. C., 1980. Statistics for biological sciences. Addison-Wisley Publ. Co., 230pp.
- Selander, R. K., 1976. Genic variation in natural populations. In: "Molecular Evolution" (F. J. Ayala, editor). Sunderland, Mass., Sinauer Assoc. Inc.: 21-45.
- Selander, R. K., M. H. Smith, S. Y. Yang, W. E. Johnson, and J. B. Gentry, 1971. Biochemical polymorphism and systematics in the genus *Peromyscus*. I. Variation in the old-field mouse (*Peromyscus polionotus*). Studies in Genetics, Univ. Texas Publ., 7103: 49-90.
- Sneath, P. H. A. and R. R. Sokal, 1973. Numerical Taxonomy. San Francisco, W. H. Freeman and Co., 1: 573.
- Soulé, M., 1976. Allozyme variation: Its determinants in space and time. In: "Molecular Evolution" (F. J. Ayala, editor). Sunderland, Mass., Sinauer, Assoc. Inc.: 60-77.
- 田祥麟, 1980. 韓國產 淡水魚의 分布에 대하여. 中央大學校 大學院 博士學位 請求論文, pp. 1—91.
- 金益秀·李金泳·朱日永, 1981. 韓國產 동자개科 魚類의 分類學的 研究. 全北大學校 生物學研究所 研究年報, 2: 1—16.
- 金益秀·李金泳·梁瑞榮, 1985. 韓國產 황어亞科 魚類의 系統分類學的 研究. 韓國水產學會誌, 18, 4: 381—399.
- 宮地傳三郎·川那部浩哉·水野信彦, 1976. 原色日本淡水魚類圖鑑. 保育社, pp. 262—263.
- 閔媯淑·梁瑞榮, 1986. 韓國產 머들치屬(genus *Moroco*) 魚類 2種의 分類·分布 및 地理的 變異에 관하여. 한국동물분류학회지, 2, 1: 63—78.
- 孫永牧·崔義烈·安泰仁, 1984. 形態 및 蛋白質 電氣泳動像에 依한 韓國產 통가리屬 魚類比較. 韓國動物學會誌, 21: 25—34.
- 內田惠太郎, 1939. 朝鮮魚類誌 第1卷 糸頸類, 內頸類. 朝鮮總督府 水產試驗場報告, 6: 268—350.
- 梁瑞榮, 1985. 韓國產 붕어의 種問題에 關한 研究. 仁荷大學校 基礎科學研究所 論文集, 6: 155—161.

- 梁瑞榮·田祥麟·朱日永·金載洽, 1984. 피라미亞科 4種의 遺傳的 變異 및 種間類緣關係에 대하여. 仁荷大學校 基礎科學研究所 論文集, 5: 111—118.
- 梁瑞榮·朴炳相, 1982. 韓國產 남자루 亞科의 遺傳的 變異 및 系統分類學的 研究. 全北大學校 生物學研究所 研究年報, 3: 25—32.

수령: 1986. 6. 7.

채택: 1986. 11. 4.