

한국산 *Cobitis*속 (Pisces: Cobitidae) 어류의 系統分類學적 연구 I. 참종개 (*Cobitis koreensis*)의 지리적 변이 및 분류에 관하여

梁瑞榮 · 朴炳相 · 金載洽

仁荷大學校 生物學科

한국 特産種 *Cobitis koreensis*의 두 亞種 *C.k. koreensis*와 *C.k. pumilus*의 지리적 변이 및 亞種의 위치를 규명하기 위하여 남한의 6개 집단에서 채집된 457개체를 대상으로 형태형질 분석 및 전기영동법에 의한 유전적 변이를 조사하였다. 형태형질의 계측, 계수 및 discriminant function 분석에서 집단 간 및 亞種 간에 유의한 차이는 발견되지 않았다. 각 집단 간 유전적 변이는 평균 $\bar{A}=1.5$, $\bar{P}=37.3\%$, $\bar{H}_D=0.053$, 및 $\bar{H}_G=0.097$ 로 타 어류군의 변이정도보다 다소 높은 편이었으나 *C.k. pumilus*는 $A=1.2$, $P=19.0\%$, $H_D=0.029$, 및 $H_G=0.078$ 로 변이정도가 매우 낮았다. 두 亞種 간의 평균 유전적 근연치는 $\bar{S}=0.894$ 로 *C.k. koreensis* 5개 집단간 평균 유전적 근연치 $\bar{S}=0.899$ 와 거의 동일하였으며 亞種 간에 유전적 차이가 없었다.

따라서 *C. k. pumilus*를 亞種으로 분류하는 것은 부적합하다고 사료된다.

KEY WORDS: *Cobitis koreensis koreensis*, *C. k. pumilus*, Geographic variation, Classification, Morphometrics, Isozyme

기름종개과(Cobitidae)어류는 유라시아 및 북부 아프리카에 분포하는 소형 담수어로 그 중 舊北區 전역에 분포하는 기름종개속(genus *Cobitis*)어류는 體側斑紋 등의 형태적 변이가 다양하여 분류학적으로 많은 논란이 있다(Nalbant, 1963). 한국산 *Cobitis*속 어류는 體側斑紋과 수컷의 骨質盤(lamina circularis) 및 지리적 분포를 기준으로 현재까지 9種 및 亞種이 분류 보고되어 있다(Kim and Lee, 1987; 金·李, 1988).

金·李(1984)는 全羅北道 扶安郡 소재 白川에서 서식하는 *Cobitis koreensis*(참종개)가 斑紋 등에서 기존의 *C. koreensis*와 차이가 있음을 발견하고 Kim과 Lee(1987)는 白川産 *C. koreensis*를 亞種 *C. koreensis pumilus*(부안종개)로 기재한 바 있다.

본 연구는 한국산 *Cobitis*속의 系統分類 및 種分化 연구의 일환으로 최근 亞種으로 분류된

*C. k. pumilus*와 기존의 *C. k. koreensis* 5개 집단을 대상으로 전기영동법을 이용한 유전적 변이 및 근연관계, 그리고 형태형질에 대한 지리적 변이를 조사하고 상기 두 亞種의 분류 및 분화정도를 규명하고자 하였다.

재료 및 방법

채집

실험재료는 1985년 8월 30일부터 1986년 5월 10일 사이에 *C. k. koreensis* 5개 집단에서 형태측정용 289개체, 전기영동용 100개체, 그리고 全羅北道 扶安群의 *C. k. pumilus* 집단에서 형태측정용 60개체, 전기영동용 20개체, 총 6개 집단 469개체를 투망(망목 10mm), 족대(망목 3mm), 및 전기충격기를 사용하여 채집하였다(Fig. 1, Table 1).

본 연구는 한국과학재단의 연구비(1984~1987) 지원에 의한 것임.

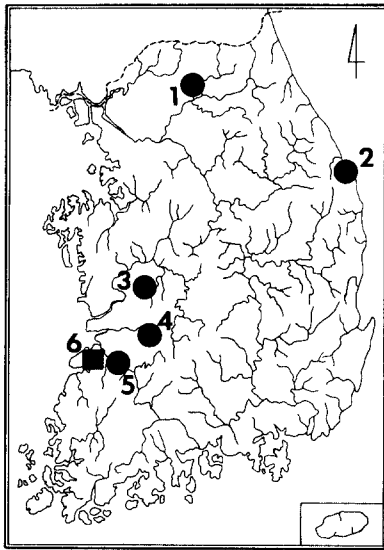


Fig. 1. Map showing the sample localities of *C. koreensis koreensis* (●) and *C. koreensis pumilus* (■): 1: Kapyong, 2: Samchog, 3: Nonsan, 4: Wanju, 5: Chongup, 6: Puan.

형태형질 조사

형태측정을 위하여 채집된 개체는 채집 즉시 10% formalin 용액에 고정하였다.

計測形質은 Hubbs와 larglar(1964)의 방법에 따라 體長(standard length, SL), 頭長(head length, HL), 體高(body depth, BD), 背鰭起點거리(origin of dorsal fin length, OD), 吻長(snout length, SnL), 眼徑(eye diameter, ED),

尾柄長(caudal peduncle length, CpL), 尾柄高(caudal peduncle depth, CpD), 胸鰭起點—腹鰭起點 間격(length from origin of pectoral fin to origin of ventral fin, PV), 腹鰭起點거리(origin of ventral fin length, OV), 및 臀鰭起點거리(origin of anal fin length, OA)의 11개 부위를 선정 dial caliper를 사용하여 0.1mm 단위로 측정하였으며 각 측정치를 이용하여 19개의 형태 측정비(SL/HL, SL/OD, SL/BD, SL/CpL, SL/CpD, SL/OA, SL/OV, SL/PV, SL/SnL, OD/HL, ED/HL, SnL/HL, CpD/HL, CpL/HL, ED/SnL, CpD/CpL, OD/BD, SnL/BD, BD/CpD)를 개체 별로 구하였다.

計數形質은 soft X-ray(SOFTEX C-60)로 투시 촬영하여 얻어진 각 개체의 negative 촬영상의 필름 (FujiSOFTEX Film, HS)을 이용 脊椎骨數(vertebrate, VTB)를 계수하였고 Kim(1975)의 방법에 따라 鱗蓋前部부터 尾鰭後部까지의 體側斑紋數(number of crossbar, CBAR)를 계수하였으며 Kim과 Lee(1987)의 보고에서 조사된 바 있는 體側上部斑紋(dorsal spot)을 後頭部부터 尾鰭前部까지의 총 수(total number of dorsal spots, TDSPOT)와 背鰭를 중심으로 背鰭前部까지의 수(number of dorsal spots in pre dorsal fin area, PRDSPOT), 背鰭部位의 수(number of dorsal spots in dorsal fin area, DSPOT), 및 背鰭後部の 수(number of dorsal spots in post dorsal fin area, PODS-

Table 1. Collecting localities, date, and number of specimens of *C. koreensis koreensis* and *C. koreensis pumilus* for morphometric and electrophoretic analysis.

Collection locality	Collection date	Morphology	Electrophoresis
<i>C. Koreensis koreensis</i>			
1. Sobop-ri, Pug-myon, Kapyong-gun, Kyonggi-do	Nov. 11, 1985		20
	May 10, 1986	37	
2. Taepyong-ri, Kundog-myon, Samchog-gun, Kangwon-do	Aug. 30, 1985	105	20
3. Songpyong-ri, Unjin-myon, Nonsan-gun, Chungchongnam-do	Oct. 5, 1985		20
4. Upnae-ri, Kosan-myon, Wanju-gun, Chollabug-do	Sep. 10, 1985	77	20
5. Haengdan-ri, Chilbo-myon, Chongup-gun, Chollabug-do	Sep. 11, 1985	58	20
sulr total		277	100
<i>C. koreensis pumilus</i>			
6. Chonglim-ri, Sangso-myon, Puan-gun, Chollabug-do	Aug. 22, 1985	60	20
Total		337	120

POT)를 계수하였다.

상기 19개 計測形質과 6개 計數形質, 총 25개 형태형질을 이용하여 discriminant function 분석 (Sneath and Sokal, 1973)을 SPSS-X program에 의거 MV-10.000 컴퓨터를 사용 실시하였다.

유전적 변이 조사

유전자 분석을 위하여 채집된 개체는 즉시 dry ice에 냉동시켜 실험실로 운반한 후 개체별로 體長이 60 mm 이상인 개체는 體側에서 0.5 g 정도의 근육을, 體長이 60 mm 이하인 개체는 頭部, 內臟, 및 外皮를 제거한 모든 근육을 취하고 4°C에서 근육과 grinding buffer의 비율을 1:0.8로 하여 glass homogenizer (Braun Co.)로 마쇄한 후 원심분리기(Sorvall RC-5B, roter SS-34)를 이용 39,000 g(18,000 rpm)로 30분간 저온 원심분리하여 상층액을 얻고 이 상층액을 전기영동 시료로 사용하였다. 전기영동은 Selander 등(1971) 및梁山 등(1984)의 방법에 따라 수평 starch gel 전기영동을 실시하였고 이때 starch (Sigma S-4501)를 gel buffer 용액에 현탁액 상태로 섞어(11.3%) 75°C 수온의 water bath로 중탕하여 전기영동의 매질로 사용하였다.

전기영동으로 분석한 동위효소 및 단백질의 종류와 buffer system은 Table 2와 같다.

전기영동 후 얻어진 각 효소 및 단백질의 전기영동상으로 집단 별 유전자형 빈도(genotype frequency)를 구하여 BIOSYS program을 사용 (Swofford and Selander, 1981) 對立因子頻度(allele frequency), 平均多形型頻度(% polymorphism), 및 異型接合子頻度(heterozygosity) 등을 구하여 각 집단 간 유전적 변이를 조사하였고 對立因子頻도를 이용하여 Rogers(1972)의 유전적 근연치(S)를 산출하고 UPGMA(unweighted pair group method with arithmetic averaging)에 의한 dendrogram을 작성(Sneath and Sokal, 1973), 집단 간 근연관계를 조사하였다.

결 과

형태적 변이

19개 計測形質 및 計數形質을 조사한 결과는 Table 3과 같다. 19개 計測形質은 *C. korensis* 두 亞種, *C. k. korensis* 및 *C. k. pumilus*의 5개 집단 공히 亞種 간에 유의한 차이가 없었으며

Table 2. Buffer systems and stains for electrophoresis.

Buffer	E.C. No.*	Isozyme and protein	Volt/Time
continuous tris citrate II (TC II, pH:8.0)	1.1.1.27	lactate dehydrogenase (<i>Ldh-1, 2</i>)	110 V/3 hrs
	1.1.1.37	malate dehydrogenase (<i>Mdh-1, 2</i>)	
	1.1.1.42	isocitrate dehydrogenase (<i>Idh</i>)	
	1.1.1. 8	α glycerophosphate dehydrogenase (<i>α Gpd</i>)	
	2.7.5. 1	phosphoglucomutase (<i>Pgm</i>)	
discontinuous tris citrate (Poulik, pH:8.2)	5.3.1. 8	mannose phosphate isomerase (<i>Mpi</i>)	250 V/3 hrs
	1.1.1. 1	alcohol dehydrogenase (<i>Adh</i>)	
	1.9.3. 1	indophenol oxidase (<i>Ipo</i>)	
	5.3.1. 9	phosphoglucose isomerase (<i>Pgi-1, 2</i>)	
lithium hydroxide (LiOH, pH:8.1)	3.1.1. 1	esterase (<i>Est</i>)	250 V/3 hrs
	2.6.1. 1	glutamate oxaloacetate transaminase (<i>Got-1, 2</i>) general protein (<i>Gp-1, 2, 3</i>)	
tris maleic EDTA (TM, pH:7.4)	1.2.3. 2	xanthine dehydrogenase (<i>Xdh</i>)	100 V/4 hrs
	1.1.1.44	6 phosphogluconate dehydrogenase (<i>6Pgd-1, 2</i>)	

* E.C. No.: enzyme commission number

Kim과 Lee(1987)에 의해 상기 두 亞種 간에 차이가 있다고 보고된 바 있는 脊椎骨數를 계수한 결과 *C. k. pumilus*는 40.47 ± 0.7 (38-42)였고 *C. k. koreensis* 4개 집단의 평균값은 41.38 ± 1.03 (38-44)로서 이들 사이에는 유의한 차이가 없었다(Fig. 2).

體側斑紋 및 體側上部斑紋을 계수한 결과 평균값에서 *C. k. koreensis*의 계수치가 *C. k. pumilus*보다 많았으나 유의한 차이는 없었다(Table 3, Fig. 2).

Table 3의 계수치를 이용하여 두 亞種의 차이 정도를 Mayr(1969)의 차이계수치(coefficient of difference, CD)로 조사한 결과 完州 집단의 體側斑紋과 加平 및 三陟 집단의 體側上部斑紋 총수, 그리고 三陟 집단 體側上部斑紋의 背鰭前部

및 背鰭後部の 斑紋 수에서 *C. k. koreensis* 집단과 *C. k. pumilus* 집단의 CD값이 亞種 수준 이상의 차이 정도로 보였으나 나머지 집단에서는 亞種수준 이하의 낮은 CD값을 보였다. 體側上部斑紋 총 수에서 *C. k. koreensis* 4개 집단의 평균값과 *C. k. pumilus* 간의 CD값은 1.34로 亞種 수준인 약 91%의 차이를 나타내었으나 完州 및 井邑의 *C. k. koreensis* 집단은 *C. k. pumilus*와 亞種수준 이하의 낮은 CD값으로, 體側上部斑紋 총수는 亞種간에 유의한 차이가 없었다.

상기 25개 형태형질에 대한 discriminant function 분석 결과는 Table 4와 같다. 4개의 canonical discriminant function 중 eigenvalue와 변이빈도(% of variance)가 높은 function 1(3.05701, 61.80%)과 function 2(1.01625,

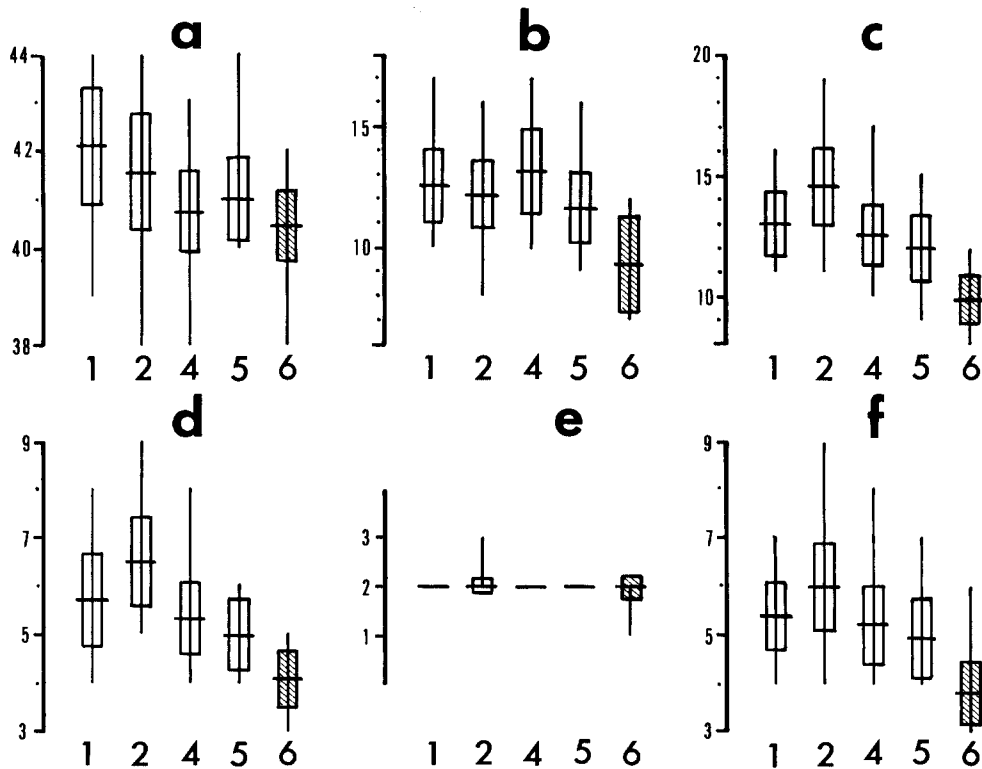


Fig. 2. Comparisons of 6 morphometric characters among 5 populations of *C. k. koreensis* (open rectangle) and *C. k. pumilus* (hatched rectangle). a: number of vertebrates, b: number of crossbars, c: total number of dorsal spots, d: number of dorsal spots in predorsalfin area, e: number of dorsal spots in dorsalfin area, f: number of dorsal spots in post dorsalfin area, horizontal bar: the mean, cross line: total variation of the samples, rectangle: one standard deviation, 1: Kapyong, 2: Samchog, 4: Wanju, 5: Chongup, 6: Puan.

Table 3. Body proportions, number of crossbars, and number of dorsal spots of two subspecies of *C. koreensis*. Values represent the mean \pm S.D.

Morphometric characters	<i>C. koreensis koreensis</i>				<i>C. k. pumilus</i>
	1. Kapyong (N=37)	2. Samchog (N=105)	4. Wanju (N=77)	5. Chongup (N=58)	6. Puan (N=60)
SL/HL	5.08 \pm 0.24	5.07 \pm 0.22	4.87 \pm 0.18	4.91 \pm 0.29	4.81 \pm 0.19
SL/OD	1.86 \pm 0.07	1.84 \pm 0.05	1.85 \pm 0.05	1.86 \pm 0.10	1.87 \pm 0.07
SL/BD	7.05 \pm 0.46	7.88 \pm 0.52	6.98 \pm 0.62	6.64 \pm 0.39	6.90 \pm 0.38
SL/CpL	5.63 \pm 0.51	5.81 \pm 0.43	6.17 \pm 0.53	6.06 \pm 0.37	6.03 \pm 0.33
SL/CpD	10.68 \pm 0.77	11.32 \pm 0.93	10.20 \pm 0.70	9.87 \pm 0.63	10.04 \pm 0.56
SL/OA	1.28 \pm 0.05	1.28 \pm 0.03	1.28 \pm 0.04	1.28 \pm 0.04	1.28 \pm 0.02
SL/OV	1.86 \pm 0.10	1.83 \pm 0.12	1.81 \pm 0.05	1.82 \pm 0.05	1.80 \pm 0.06
SL/PV	3.04 \pm 0.22	2.97 \pm 0.14	2.97 \pm 0.14	3.01 \pm 0.14	2.99 \pm 0.17
SL/SnL	10.89 \pm 0.61	10.82 \pm 0.56	10.91 \pm 0.57	10.95 \pm 0.63	10.90 \pm 0.83
OD/HL	2.73 \pm 0.10	2.75 \pm 0.11	2.63 \pm 0.10	2.63 \pm 0.13	2.56 \pm 0.16
ED/HL	0.16 \pm 0.01	0.16 \pm 0.01	0.16 \pm 0.02	0.14 \pm 0.01	0.17 \pm 0.02
SnL/HL	0.46 \pm 0.02	0.47 \pm 0.02	0.45 \pm 0.02	0.45 \pm 0.02	0.46 \pm 0.02
CpD/HL	0.48 \pm 0.03	0.45 \pm 0.04	0.48 \pm 0.03	0.50 \pm 0.04	0.48 \pm 0.04
CpL/HL	0.89 \pm 0.06	0.87 \pm 0.08	0.80 \pm 0.06	0.81 \pm 0.06	0.80 \pm 0.06
ED/SnL	0.35 \pm 0.03	0.34 \pm 0.03	0.37 \pm 0.04	0.32 \pm 0.03	0.39 \pm 0.04
CpD/CpL	0.53 \pm 0.04	0.52 \pm 0.05	0.60 \pm 0.06	0.62 \pm 0.05	0.60 \pm 0.04
OD/BD	3.78 \pm 0.22	4.27 \pm 0.30	3.79 \pm 0.19	3.57 \pm 0.19	3.89 \pm 0.25
SnL/BD	0.64 \pm 0.05	0.73 \pm 0.06	0.66 \pm 0.12	0.62 \pm 0.04	0.64 \pm 0.06
BD/CpD	1.52 \pm 0.12	1.44 \pm 0.10	1.45 \pm 0.08	1.46 \pm 0.11	1.46 \pm 0.09
VTB	42.11 \pm 1.20	41.56 \pm 1.22	40.77 \pm 0.83	41.03 \pm 0.88	40.47 \pm 0.72
CBAR	12.59 \pm 1.54	12.19 \pm 1.37	13.17 \pm 1.78	11.64 \pm 1.54	9.33 \pm 1.19
TDSPOT	13.11 \pm 1.35	14.57 \pm 1.61	12.57 \pm 1.29	11.98 \pm 1.34	9.83 \pm 1.01
PRDSPOT	5.73 \pm 0.94	6.51 \pm 0.93	5.34 \pm 0.74	5.05 \pm 0.74	4.12 \pm 0.58
DSPOT	2.00 \pm 0.00	2.03 \pm 0.17	2.00 \pm 0.00	2.00 \pm 0.00	1.93 \pm 0.25
PODSPOT	5.41 \pm 0.69	6.04 \pm 0.91	5.23 \pm 0.79	4.95 \pm 0.85	3.80 \pm 0.66

Table 4. Standardized canonical discriminant function coefficients among 5 populations of the two subspecies of *C. koreensis* on 25 morphological variables.

Morphometric characters	Func. 1	Func. 2	Func. 3	Func. 4
SL/HL	-0.34073	0.40552	0.48819	0.60471
SL/OD	0.08042	0.15625	0.02872	0.06372
SL/BD	0.00233	0.23993	-0.15984	0.12510
SL/CpL	-0.00778	-0.09546	0.12555	-0.36201
SL/CpD	0.05183	-0.35445	-0.66765	-0.80928
SL/OA	-0.02520	-0.09651	0.04269	-0.29203
SL/OV	0.00726	0.00015	0.10796	0.12249
SL/PV	0.17855	-0.20730	-0.13033	0.37496
SL/SnL	0.07696	-0.26550	-0.22008	-0.20569
OD/HL	0.31920	-0.63301	-0.23299	0.24327
ED/HL	0.45704	0.09088	-0.02982	0.14388
SnL/HL	-0.10355	0.14473	0.00921	-0.00607
CpD/HL	-0.32525	0.16752	-0.74575	-1.01780
CpL/HL	0.51103	0.20158	-0.06098	0.27754
ED/SnL	-0.57857	0.51380	0.72887	0.20642
CpD/CpL	0.13291	0.00077	0.10263	0.20918
OD/BD	0.49882	0.79372	0.44017	-0.16585
SnL/BD	0.03178	-0.09238	-0.02547	-0.06317
BD/CpD	0.03405	0.48273	-0.01055	0.51459
VTB	0.08134	-0.00158	-0.19932	0.39591
CBAR	-0.01847	-0.50712	0.80550	0.32879
TDSPOT	0.03286	-0.89686	0.79524	-0.31770
PRDSPOT	0.35675	0.57719	-0.67751	0.12269
DSPOT	0.13806	0.04249	-0.14838	-0.03574
PODSPOT	0.31498	0.26010	-0.34977	-0.17024
eigenvalue	3.05701	1.01625	0.55227	0.32125
% of variance	61.80	20.54	11.16	6.49

Table 5. Allele frequencies obtained from 6 populations of *C. k. koreensis* and *C. k. pumilus*.

Locus	Allele	<i>C. koreensis koreensis</i>					<i>C. k. pumilus</i>
		1	2	3	4	5	6
Adh	a	0.03					
	b	0.97	1.00	0.93	1.00	0.97	1.00
	c					0.03	
	d			0.07			
Est	a	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00
Got-1	a	0.03				0.10	
	b	0.85	0.97	1.00	0.92	0.90	1.00
	c				0.05		
	d	0.12	0.03		0.03		
Got-2	a	0.95	0.45	1.00		0.95	1.00
	b	0.05	0.55		1.00	0.05	
Gp-1	a	1.00	0.97	1.00	1.00	1.00	1.00
	b		0.03				
Gp-2	a	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00
Gp-3	a	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00
α Gpd	a					0.07	
	b				0.05	0.40	0.13
	c					0.13	0.50
	d	1.00	1.00	1.00	0.95	0.37	0.37
	e					0.03	
Idh	a					0.03	
	b	0.95	1.00	0.45	0.93	0.71	0.32
	c	0.05		0.55	0.07	0.26	0.68
Ipo	a			0.03		0.03	
	b	0.97	1.00	0.97	1.00	0.97	1.00
	c	0.03					
Ldh-1	a						0.05
	b	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	0.95
Ldh-2	a	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00
Mdh-1	a	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00
Mdh-2	a		0.05				
	b	1.00	0.95	1.00	1.00	1.00	1.00
Mpi	a	0.77	1.00	1.00	0.87	0.85	1.00
	b				0.13	0.15	
	c	0.15					
	d	0.08					
6Pgd-1	a		0.05	0.52	0.47	0.38	0.38
	b	0.66	0.90	0.48	0.50	0.62	0.62
	c	0.21					
	d	0.13	0.05		0.03		
6Pgd-2	a	0.05					
	b	0.95	1.00	0.72	0.50	0.82	1.00
	c			0.18	0.19	0.08	
	d			0.10	0.25	0.10	
	e				0.06		
Pgi-1	a	0.05			0.12	0.05	
	b	0.92	1.00	1.00	0.85	0.92	1.00
	c	0.03			0.03	0.03	
Pgi-2	a					0.03	
	b	0.28		0.45	0.10	0.07	
	c	0.75	1.00	0.55	0.90	0.90	1.00
Pgm	a				0.05		
	b	0.95	1.00	0.97	0.92	1.00	1.00
	c	0.05		0.03	0.03		
Xdh	a	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00

1: Kapyong, 2: Samchog, 3: Nonsan, 4: Wanju, 5: Chong-gup, 6: Pusan

20.54%)를 이용, 평면좌표상에 나타낸 결과는 Fig. 3에서 보는 바와 같이 뚜렷하게 구별되는 집단은 없었으나 三陟의 *C. k. koreensis* 집단과 扶安의 *C. k. pumilus* 집단은 구별되었다. 加平, 完州, 및 井邑의 *C. k. koreensis* 집단 간에는 차이가 거의 없었고 三陟의 *C. k. koreensis* 및 *C. k. pumilus* 집단과 일부 중복되었다.

유전적 변이

C. koreensis 두 亞種, 6개 집단에서 총 120개 체를 전기영동한 결과 14개 효소 및 단백질에서 21개의 유전자를 검출하여 對立因子頻度(allele frequency)를 구한 결과는 Table 5와 같다.

21개 유전자 중 *Est*, *Gp-2*, *Gp-3*, *Ldh-2*, *Mdh-1*, 및 *Xdh*의 6개 유전자(29%)는 전 집단 공히 동일한 對立因子로 변이가 없었으나 나머지 15개 유전자에서는 변이가 있었다. 이들 중 *Adh*, *Gp-1*, *Ipo*, *Ldh-1*, *Mdh-2*, 및 *Pgm*의 6개 유전자(29%)는 변이정도가 낮은 반면 *Got-1*, *Got-2*, α *Gpd*, *Idh*, *Mpi*, *6Pgd-1*, *6Pgd-2*, *Pgi-1*, 및 *Pgi-2* 9개 유전자(43%)는 변이정도가 매우 높았다. *C. k. koreensis*는 전 집단이 *Ldh-1^b*로서 변이가 없었으나 *C. k. pumilus*는 *Ldh-1^b* 對立因子 이외에 *Ldh-1^a*가 낮은 빈도로 발견되었다.

상기 6개 집단의 유전적 변이정도를 산출한 결과는 Table 6과 같다. *C. k. koreensis* 5개 집단 중 三陟 집단은 $A=1.3$, $P=23.5\%$, $H_D=0.010$, 및 $H_G=0.043$ 으로 변이정도가 가장 낮은 반면 加平 집단은 $A=1.7$, $P=52.4\%$, $H_D=0.086$, 및 $H_G=0.105$ 로서 변이정도가 가장 높았다. 扶安의 *C. k. pumilus* 집단은 $A=1.2$, $P=10.9\%$, $H_D=0.029$, 및 $H_G=0.078$ 로 三陟의 *C. k. koreensis* 집단과 유사하였다.

Table 5의 對立因子 빈도를 이용하여 상기 두 亞種 6개 집단의 유전적 근연치를 구한 결과는 Table 7과 같다. 完州의 *C. k. koreensis* 집단과 *C. k. pumilus* 집단이 $S=0.845$ 로 근연치가 가장 낮은 반면 井邑의 *C. k. koreensis* 집단과 *C. k. pumilus* 집단 사이는 $S=0.931$ 로 근연치가 제일 컸다.

Table 7의 유전적 근연치(S)를 토대로 UP-GMA 방법에 따라 dendrogram을 작성한 결과는

Table 6. Genetic variations among 6 populations of *C. koreensis koreensis* and *C. koreensis pumilus*.

	Mean No. of alleles per locus (A)	% polymorphism per population (P)	Mean heterozygosity per individual (H _D)	(H _G)
<i>C. k. koreensis</i>				
1. Kapyong	1.7	52.4	0.086	0.105
2. Samchog	1.3	23.8	0.010	0.043
3. Nonsan	1.4	33.3	0.068	0.105
4. Wanju	1.7	42.9	0.062	0.114
5. Chongup	1.9	52.4	0.064	0.138
average	1.6	41.0	0.058	0.101
<i>C. k. pumilus</i>				
6. Puan	1.2	19.0	0.029	0.078
Average	1.5	37.3	0.053	0.097

Table 7. Roegers'(1972) genetic similarity coefficients(S) among 6 populations of *C. koreensis koreensis* and *C. koreensis pumilus*.

	<i>C. koreensis koreensis</i>				<i>C. k. pumilus</i>
	2	3	4	5	6
<i>C. k. koreensis</i>					
1. Kapyong	0.921	0.910	0.885	0.915	0.883
2. Samchog		0.883	0.907	0.891	0.892
3. Nonsan			0.876	0.911	0.918
4. Wanju				0.888	0.845
5. Chongup					0.931

Fig. 3과 같다. *C. k. pumilus* 집단은 井邑 및 論山の *C. k. koreensis* 집단과 한 group을 형성하고 나머지 3개의 *C. k. koreensis* 집단이 다른 한 group을 형성하여 분리되었으나 이 두 group 사이는 평균 $S=0.887$ 로 유전적 근연관계가 매우 가까웠다.

고 찰

*C. koreensis*는 과거 *C. taenia*로 분류되었으나 (内田, 1939; Mori, 1952; 鄭, 1977) 體側斑紋이

V자이고 骨質盤이 細長型인 특징과 錦江 및 漢江 수계에 분포하는 점을 들어 別種으로 기재된 한국 特産種으로 (金, 1974a, 1974b; Kim, 1975) Kim과 Lee(1987)는 全羅北道 扶安郡 소재 白川産 *C. koreensis*는 漢江 수계인 加平에 서식하는 *C. koreensis*에 비하여 體長, 體側斑紋數, 및 脊椎骨數가 적은 특징으로 白川産 *C. koreensis*를 亞種 *C. k. pumilus*로 기재하였다.

Kim과 Lee(1987)는 Taylor(1967)의 골격염색법으로 加平郡 *C. k. koreensis* 집단과 扶安郡 *C. k. pumilus* 집단 간의 脊椎骨數 차이를 보고하

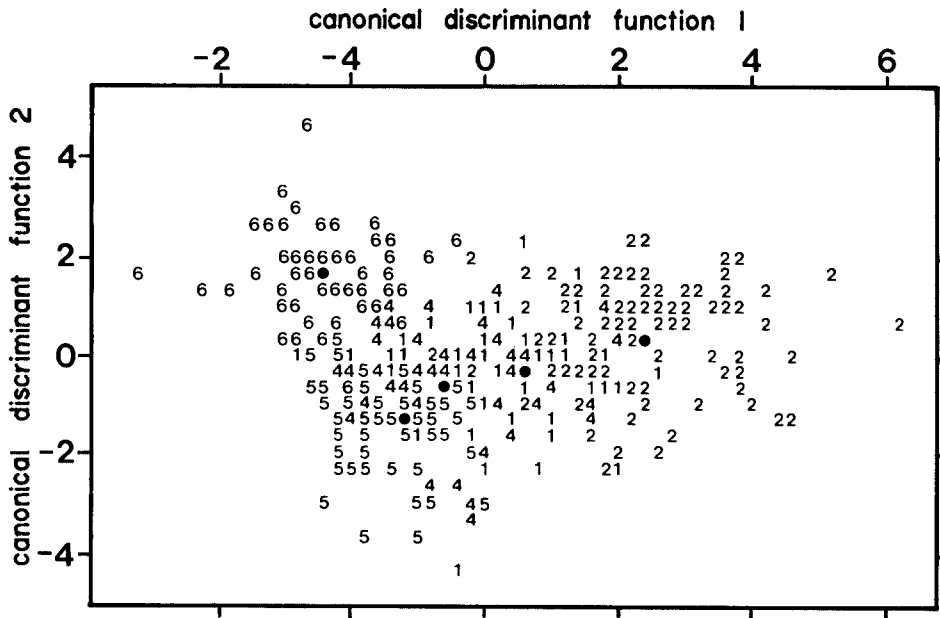


Fig. 3. Projections of 337 samples in 5 populations of *C. k. koreensis* (1,2,4,5) and *C. k. pumilus*(6) based on discriminant function analysis by first and second discriminant functions. 1: Kapyong, 2: Samchog, 4: Wanju, 5: Chongup, 6: Puan.

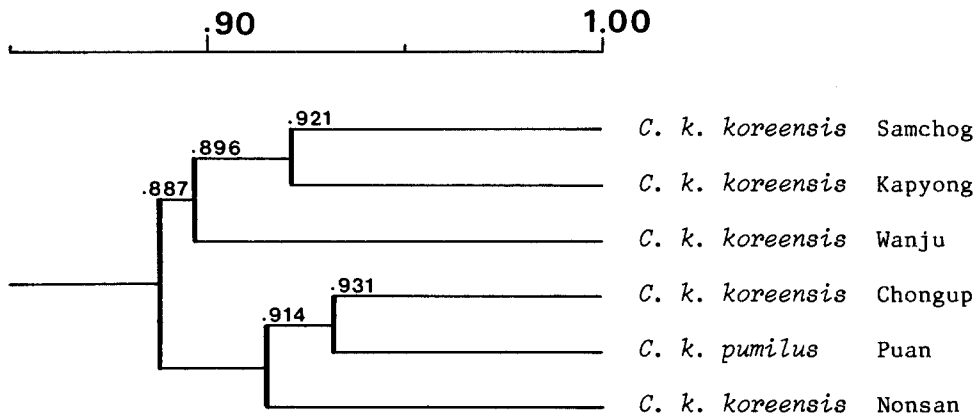


Fig. 4. Dendrogram of 6 populations of *C. koreensis koreensis* and *C. koreensis pumilus* based on Rogers' (1972) genetic similarity coefficients (S).

였으나 본 실험에서 soft X-ray 촬영으로 5개 집단의 脊椎骨數를 계수한 결과 亞種 간의 유의한 차이가 없었으며 (Table 3, Fig. 2), Kim과 Lee(1987)에 의하여 상기 亞種 간 차이가 제시되었던 體側斑紋數와 體側上部斑紋의 背鰭前部 및 背鰭後部の 수는 본 실험 결과 加平의 *C. k.*

koreensis 집단은 體側上部斑紋의 총 수에서 *C. k. pumilus* 집단과 차이가 있었으나 나머지 형질에서 유의한 차이가 없었다. 형질 및 집단에 따라 亞種 간 유의한 차이가 있었으나 6개 집단을 종합하여 보면 *C. k. pumilus*가 *C. k. koreensis*보다 계수차가 낮은 경향이 있으나 분류형질로는 부

적합하였다(Table 3, Fig. 2) 본 실험 결과와 Kim과 Lee(1987)의 보고와 차이가 있는 것은 조사된 표본과 집단 수의 차이에 기인한다고 추측된다.

體側上部斑紋 총 수 등에서 三陟의 *C. k. koreensis* 집단이 扶安의 *C. k. pumilus* 집단과 亞種 수준(Mayr, 1969)의 유의한 차이가 있으며 나머지 *C. k. koreensis* 집단보다 평균치가 다소 높은 것은 독립하천의 환경적 차이 또는 지리적 격리에 기인된 것으로 추측된다.

Table 6에서 *C. koreensis* 두 亞種 6개 집단의 평균 유전적 변이 정도는 $\bar{A}=1.5$, $\bar{P}=37.3\%$, $\bar{H}_D=0.053$, 및 $\bar{H}_G=0.097$ 로 Selander(1976)가 보고한 타 어류의 일반적인 유전적 변이 정도와 유사하게 나타나는데 반하여 扶安의 *C. k. pumilus* 집단과 三陟의 *C. k. koreensis* 집단의 유전적 변이 정도가 타 집단에 비하여 현저히 낮은 것은 상기 두 집단의 수계가 짧고 격리된 집단으로서 환경 변화 등에 의한 병목현상 또는 유전적 부동의 결과로 추정된다(Nei, et al., 1975; Soule, 1976; Dobzhanski et al., 1977).

유전적 변이 정도에서 異型接合子頻度(H)의 실측치(H_D)와 예측치(H_G) 사이에 차이가 있는 것으로 보아 deme 사이에 patchiness가 예상되며 소하천일수록 H_D 와 H_G 사이의 차이가 컸다(Table 6).

Table 7에서 *C. k. pumilus* 집단과 井邑의 *C. k. koreensis* 집단 간의 유전적 근연치가 $S=0.931$ 로 *C. k. koreensis* 집단 간의 근연치보다 높아 亞種 간 유전적 근연 정도가 亞種 내의 집단 간 근연 정도보다 가까운 것으로 나타났다. *C. k. pumilus* 집단과 *C. k. koreensis* 5개 집단의 평균 유전적 근연치는 $\bar{S}=0.894$ 로 *C. k. koreensis* 5개 집단 간 평균 근연치 $\bar{S}=0.899$ 와 유사하였고(Table 7) 타 동물군의 亞種 간 근연치보다 가깝게 나타났다(Avise, 1976).

Table 7에서 井邑의 *C. k. koreensis* 집단과 扶安의 *C. k. pumilus* 집단이 유전적으로 가장 가까운 것은 지리적으로 인접되어 있기 때문으로 보이며 Fig. 2와 Fig. 3의 計數形質 및 Fig 4의 dendrogram 결과 등으로 미루어 보아 *C. k. pumilus*를 亞種으로 분류하는 것은 부적합하다

고 사료된다.

인용 문헌

- Avise, J. C., 1976. Genetic Differentiation During Speciation, In: Molecular Evolution (Ayala, F. J., ed.). Sinauer Assoc., Sunderland, Massachusetts, pp. 106-122.
- 鄭文基, 1977. 韓國魚圖譜. 一志社. 서울.
- Dobzhanski, T., F. J. Ayala, G. L. Stebbins, and J. W. Valentine, 1977. Evolution. W. H. Freeman Co., San Francisco.
- Hubbs, C. L. and K. F. Lagler, 1964. Fishes of the Great Lakes Region. Univ. Michigan Press, New York. pp. 19-26.
- 金益秀, 1974a. 韓國產 기름종개(*Cobitis taenia* Linne)의 研究. 1. 斑紋型과 地理的 分布에 關하여. 韓國陸水學會誌 7:57-61.
- 金益秀, 1974b. 韓國產 기름종개(*Cobitis taenia* Linne)의 研究. 2. 二次性徵에 關하여. 韓國陸水學會誌 7:49-55.
- Kim, I. S., 1975. A new species of cobitid fish from Korea (*Cobitis koreensis*). Kor. J. Lim. 8:51-57.
- 金益秀·李完玉, 1984. 白川에 棲息하는 참종개 *Cobitis koreensis* Kim 個體群의 形態와 生態. 韓國生態學會誌 7:10-20.
- Kim, I. S. and W. O. Lee, 1987. A new subspecies of cobitid fish (Pisces: Cobitidae) from the Paikchon stream, Chollabuk-do, Korea. Kor. J. Syst. Zool. 3:57-62.
- 金益秀·李金泳, 1988. 韓國產 점줄종개(*Cobitis lutheri*)와 줄종개(*Cobitis striata*)의 分類學的 研究. 韓國動物分類學會誌 4:91-102.
- Mayr, E., 1969. Principles of Systematic Zoology, McGraw-Hill Publ. Co., New Delhi.
- Mori, T., 1952. Checklist of the fishes of Korea. Mem. Hyogo Univ. Agr. 1:1-228.
- Nalbant, T., 1963. A study of the genera of Botiinae and Cobitinae (Pisces, Ostariophysi, Cobitidae). Trav. Mus. Hist. Nat. "Grigore Antipa" 343-379.
- Nei, M., T. Maruyama, and R. Chakraborty, 1975. The bottleneck effect and genetic variability in populations. Evolution 29:1-10.
- Rogers, J. S., 1972. Measure of genetic similarity and genetic distance. Studies in Genetics VII. Univ. Texas Publ. 7213:145-153.
- Selander, R. K., 1976. Genetic Variation in Natural Populations, In: Molecular Evolution (Ayala, F. J., ed.). Sinauer Assoc., Sunderland, Massachusetts, pp. 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 VII*. Univ. Texas Publ. **7103**:49-90.
- Sneath, P. H. A. and R. R. Sockal, 1973. Numerical Taxonomy, W. H. Freeman Co. San Francisco.
- Soule, M., 1976. Allozyme Variation: Its Determinants in Space and Time, In: *Molecular Evolution* (Ayala, F. J. ed.). Sinauer Assoc., Sunderland, Massachusetts, pp. 60-77.
- Swofford, D. L. and R. B. Selander, 1981. BIOSYS-1; A FORTRAN program for the comprehensive analysis of electrophoretic data in population genetics and systematics. *J. Hered.* **72**:281-283.
- Taylor, W. R., 1967. An enzyme method of clearing and staining small vertebrates. *Proc. U. S. Nat. Mus.* **122**, 3596:1-17.
- 內田惠太郎, 1939. 朝鮮魚類誌. 朝鮮總督府, 水産試験場報告 **6**:400-410.
- 梁瑞榮·田祥麟·朱日永·金載治, 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.
- (accepted May 20, 1989)

Systematic Studies of the Genus *Cobitis* (Pisces: Cobitidae) in Korea

I. Geographic Variations and Classification of *Cobitis koreensis*

Suh Yung Yang, Byung Sang Park, and Jae Heup Kim (Dept. of Biology, Inha University, Inchon, 402-751, Korea)

Morphometric and genetic analyses on six populations of the two subspecies of *Cobitis koreensis* were performed to investigate the geographic variation and to clarify their taxonomic status. No significant differences between subspecies were found. Puan population of *C. k. pumilus* tends to be smaller in numbers of cross bars and dorsal spots, than those of *C. k. koreensis* populations with no statistical significance. Average degree of genic variation among six populations of the two subspecies was $\bar{A}=1.5$, $\bar{P}=37.3\%$, $\bar{H}_D=0.053$, and $\bar{H}_G=0.097$. Marginal populations of Samchog (*C. k. koreensis*) and Puan (*C. k. pumilus*) were least variable: $A=1.3$, $P=23.8\%$, $H_D=0.010$, $H_G=0.043$, and $A=1.2$, $P=19.0\%$, $H_D=0.029$, $H_G=0.078$ respectively. The difference between H_D and H_G in all populations may indicate a patchiness distribution between demes within each population. Genetic similarities between the two subspecies were, on the average, $S=0.894$, and this value correspond to the average genetic similarities among five populations of *C. k. koreensis* ($\bar{S}=0.899$). Chongup population of *C. k. koreensis* and Puan population of *C. k. pumilus* was most similar genetically ($S=0.931$). The results of morphometric and genetic analysis in this study indicate that *C. k. pumilus* is not a valid subspecies and should be considered as a population of *C. koreensis*.