

한국산 큰가시고기과 어류의 지리적 변이 및 계통적 유연관계

양서영 · 민미숙

인하대학교 이과대학 생물학과

한반도 연안과 담수역에 서식하는 큰가시고기과(Gasterosteidae) 어류인 *Gasterosteus*속 *G. aculeatus*와 *Pungitius*속 *P. sinensis*, *P. kaibarae*에 대한 유전자 분석을 통하여 이들의 계통적 유연관계를 조사하였다.

P. sinensis 5개 집단의 평균 유전적 변이 정도는 $\bar{H}_D = 0.800$, $\bar{H}_G = 0.091$, $\bar{P} = 29\%$ 로 *P. kaibarae* ($\bar{H}_D = 0.034$, $\bar{H}_G = 0.034$, $\bar{P} = 13\%$)보다 높았으며 *G. aculeatus*의 평균 유전적 변이는 $\bar{H}_D = 0.086$, $\bar{H}_G = 0.084$, $\bar{P} = 36\%$ 였다. *G. aculeatus*의 집단간 평균 유전적 근연치는 $\bar{S} = 0.963$ 으로 가깝게 나타났으며 *Pungitius*속 *P. sinensis* 역시 $\bar{S} = 0.953$ 으로 종내 집단간 차이가 크지 않았다. *P. kaibarae*의 경우 영천집단과 경주집단은 나머지 4집단과는 형태적으로 뚜렷한 차이가 있고(Chae, 1988) 유전적 근연치도 $\bar{S} = 0.690$ 으로 현저한 차이가 있어 별개의 *taxa*로 사료된다. *P. sinensis*와 *P. kaibarae* 사이의 평균 유전적 근연치는 $\bar{S} = 0.606$ 으로 중간 차이치를 나타내었으나 이들의 공서지역인 강릉집단에서는 약 44% 정도의 잡종개체가 발견되는 것으로 보아 이들간에는 생식적 격리가 완전히 형성되지 않은 반종으로 사료된다. *Pungitius* 속과 *Gasterosteus* 속간 유전적 근연치는 $\bar{S} = 0.052$ 로서 타어류의 속간 근연치보다 현저히 낮았다.

KEY WORDS: Family Gasterosteidae, Electrophoresis, Genetic variation, Phylogeny

큰가시고기과(Gasterosteidae) 어류는 주로 북반구인 유럽, 아시아, 북아메리카 연안과 담수역에 서식하는 소형어류로 전세계에 5속 7종이 알려져 있다(Wootton, 1976).

큰가시고기과 어류는 형태가 다양하고 생태와 산란 양식이 특이하여 국외에서는 큰가시고기과 어류의 형태와 변이 및 핵형 등에 관한 연구가 많이 보고되어 있으며(Hagen and McPhail, 1970; Hagen and Gilbertson, 1972; Blouw and Hagen, 1981; Reimchen, 1983; Reimchen and Nelson, 1987; Mori, 1987a, b) 최근들어 한국산 큰가시고기과 어류의 형태 변이, 분포 및 핵형분석이 이루어지고 있으나(Jeon, 1987; Chae, 1988; Kim *et al.*, 1989) 분류군에 대한 유전적 분석이나 계통적 연구는 아직 미비한 상태이다.

한국산 큰가시고기과에는 큰가시고기속(*Gasterosteus*)의 *G. aculeatus*(큰가시고기) 1종과 가시고기속(*Pungitius*)에 *P. pungitius*(청가시고

기), *P. tymensis*(두만가시고기), *P. sinensis sinensis*(가시고기), *P. s. kaibarae*(잔가시고기) 등이 한반도에 분포하는 것으로 보고 되었으나(Chyung, 1977) 남한에는 *G. aculeatus*와 *P. s. sinensis*, *P. s. kaibarae*만이 분포한다고 하였다(Choi *et al.*, 1984; Jeon, 1987). 그러나 *Pungitius*속 어류는 형태적 변이가 다양하고 지리적 분포의 특징을 나타내어 학자들에 따라 *Pungitius*속 2 type을 별종(*P. sinensis*, *P. kaibarae*)으로 보는 견해(Kim *et al.*, 1989)와 아종(*P. s. sinensis*, *P. s. kaibarae*) 수준으로 보는 견해(Jeon, 1987; Chae, 1988) 등의 분류학적 문제점을 내포하고 있다.

본 연구는 이들 *Pungitius*속의 *P. kaibarae*와 *P. sinensis* 2 type의 분류학적 위치를 명확히 구명하기 위하여 전기영동법을 통한 유전자 분석을 실시하였으며 큰가시고기과 어종의 유전적 변이 및 종간의 유연관계를 규명하고자 하였다.

재료 및 방법

본 연구에 사용한 실험재료의 채집지와 개체 수는 Table 1, Fig. 1과 같다. 채집된 표본은 채집 즉시 Dry ice에 급냉동시켜 실험실로 운반한 후 채측에서 근육을 추출하여 4°C에서 glass homogenizer(Braun Co.)로 마쇄한 후 Sorvall RC-5B 원심분리기를 이용 49,000 g로 30분간 저온 원심분리하여 상층액을 얻고 전기영동 시료로 사용하였다.

전기영동은 Yang and Min(1987)의 방법에 따라 horizontal starch gel electrophoresis를 실시

하였으며 이때 starch는 connaught starch(lot # 425-1)를 12% 농도로 사용하였다.

전기영동 후 얻어진 각 효소 및 단백질의 pattern을 이용하여 각 개체의 genotype을 확인하고 Biosys program(Swofford and Selander, 1981) 및 MV 10,000 computer를 이용 각 집단 의 유전자 빈도(allele frequency), 평균 다형성 빈도(% polymorphism) 및 이형접합자 빈도(heterozygosity) 값을 구하여 집단 및 종간 유전자 빈도를 조사하였고(Selander, 1976) 유전자 빈도를 토대로하여 Rogers(1972)의 유전적 근연치(S)를 구하여 UPGMA 방법(Sneath and Sokal, 1973)으로 dendrogram을 작성하였다.

Table 1. Collecting localities, date, and number of specimens of the Family Gasterosteidae.

| Collection locality | No. of specimens | Collection date |
|---|------------------|-----------------|
| <i>P. kaibarae</i> | | |
| 1. Yongchon : Imgo-myon, Yongchon-gun, Kyongsangbuk-do | 20 | Mar. 31, 1990 |
| 2. Kyongju : Naenam-myon, Kyongju-gun, Kyongsangbuk-do | 20 | Apr. 1, 1990 |
| 3. Kansong 1 : Changshin-ri, Kansong-up, Kosong-gun, Kangwon-do | 10 | Apr. 13, 1990 |
| 4. Kansong 2 : Kansong-up, Kangwon-do | 19 | May 2, 1989 |
| 5. Songsan : Songsan-myon, Myongju-gun, Kangwon-do | 2 | Apr. 28, 1990 |
| 6. Kangnung : Chibyun-dong, Kangnung-shi, Kangwon-do | 11 | Apr. 1, 1989 |
| | 16 | Mar. 31, 1990 |
| | 69 | June 6, 1990 |
| Hybrids (<i>P. k</i> x <i>P. s</i>) | | |
| 7. Kangnung : Chibyun-dong, Kangnung-shi, Kangwon-do | 23 | Apr. 1, 1989 |
| | 12 | Mar. 31, 1990 |
| | 60 | June 2, 1990 |
| <i>P. sinensis</i> | | |
| 8. Kangnung : Chibyun-dong, Kangnung-shi, Kangwon-do | 1 | Apr. 1, 1989 |
| | 5 | Mar. 31, 1990 |
| | 21 | June 2, 1990 |
| 9. Sokcho : Solak-dong, Sokcho-shi, Kangwon-do | 14 | Mar. 30, 1990 |
| 10. Songji-lake : Chugwang-myon, Kosong-gun, Kangwon-do | 20 | Mar. 30, 1990 |
| 11. Okkye : Okkye-myon, Myongju-gun, Kangwon-do | 20 | Nov. 15, 1989 |
| 12. Chechon : uirimji, Chechon-shi, Chungchongbuk-do | 20 | Apr. 21, 1990 |
| <i>G. aculeatus</i> | | |
| 13. Sokcho : Solak-dong, Sokcho-shi, Kangwon-do | 2 | Mar. 30, 1990 |
| 14. Opong-ri : Opong-ri, Chugwang-myon, Kosong-gun, Kangwon-do | 13 | Mar. 30, 1990 |
| 15. Oho-ri : Oho-ri, Chugwang-myon, Kosong-gun, Kangwon-do | 20 | Mar. 30, 1990 |
| 16. Kyongpo : Kyongpo-lake, Kangnung-shi, Kangwon-do | 20 | May 2, 1989 |
| 17. Pyonggok : Pyonggok-myon, Yongdok-gun, Kyongsangbuk-do | 20 | Mar. 31, 1990 |
| 18. Kanggu : Kanggu-myon, Yongdok-gun, Kyongsangbuk-do | 20 | May 1, 1989 |
| 19. Koje : Yoncho-myon, Koje-gun, Kyongsangnam-do | 13 | Apr. 30, 1989 |

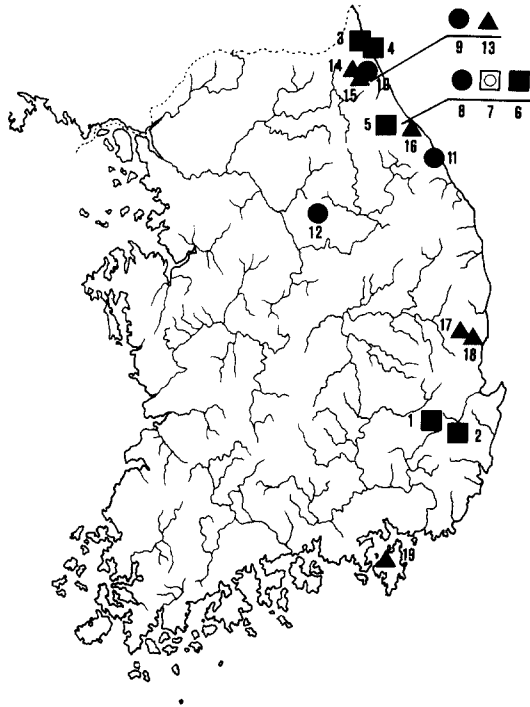


Fig. 1. A map of the sampling localities. ■ *P. kaibarae*, ◻ *P. kaibarae*-*P. sinensis* Hybrid, ● *P. sinensis*, ▲ *G. aculeatus*

*Pungitius*속 2 type의 공서지역에서의 hybrid 발생여부는 2 type의 genetic marker를 이용하여 조사하였으며 genetic marker가 전부 heterozygote인 개체는 F₁ hybrid로 판명하였고 genetic marker 중 일부가 homozygote로 나타날때를 F₂ 이상의 hybrid 개체로 간주하여 조사하였다.

결 과

한국산 큰가시고기와 어류의 유전자 분석을 위하여 전기영동을 실시한 결과 15종류의 효소 및 단백질에서 총 25 개의 유전자를 검출하였고 각 유전자에 대한 유전자 빈도를 구한 결과는 Table 2와 같다.

25개 유전자 중 19개 유전자는 *Gasterosteus*속과 *Pungitius*속간에 완전히 다른 유전자로서 뚜렷한 차이를 나타내었다.

*G. aculeatus*의 경우 전체 유전자 중 10개(*Adh*,

Mc-1, *Mc-2*, *Fum*, *Mdh-2*, *Pep-1*, *Gp-1*, *Gp-2*, *Gp-4*, *Gp-5*) 유전자(40%)는 변이가 없었으며 변이를 나타낸 15개 유전자 중 *Idh*, *Pgm-1*, *6Pgd*, *Mdh-1* 등은 7개 집단 모두에서 변이를 나타내었다. *Pgm-1*, *Mpi*, α *Gpd*, *6Pgd*, *Got*, *Pgi-1*, *Gp-3*에서는 minor allele들이 *Pungitius*속과 공유하고 있었다.

*Pungitius*속의 경우 *Adh*, *Mdh-1*, *Gp-1*, *Gp-2*, *Gp-5*는 *Pungitius kaibarae*와 *P. sinensis* 2 type 사이에 동일한 유전자로 변이가 없었으나 α *Gpd*, *Me-2*, *Pgi-2*, *Gp-4* 등 4개의 유전자는 2 type 사이에 서로 다른 유전자로서 뚜렷한 차이를 나타내는 genetic marker였다.

*P. kaibarae*의 경우 α *Gpd*, *Adh*, *Ldh*, *Mdh-1*, *Pgi-1*, *Pgi-2*, *Gp-1*, *Gp-2*, *Gp-3*, *Gp-4*, *Gp-5*는 전집단이 동일한 유전자로 변이가 없었다. 영천, 경주집단은 *Aco*, *Mdh-2*, *Pgm-1*, *Pgm-3* 등 4개 유전자에서 나머지 *P. kaibarae* 집단과는 다른 유전자로 뚜렷한 차이를 보였으며 *Mpi*도 같은 경향성을 나타내었다. 영천집단은 *Fum*, *Me-2*에서 나머지 집단과 빈도차이를 나타내었고 경주 집단은 *Idh*^l, *Got*^l, *Pep-1*^l, *Pgm-2*^h 인자가 집단 특유의 인자로 나타났다. 간성 1, 2 집단에서도 *Idh*^l, *Me-2* 인자는 이 집단 특유의 인자였다.

*P. sinensis*의 경우 α *Gpd*, *Got*, *Gp-3*, *Ldh*, *Mdh-2*, *Mpi*, *Pep-2*, *6Pgd*, *Pgi-1*, *Pgm-1*, *Pgm-2* 등 11개 유전자(44%)에서 변이를 나타내었으며 이중 α *Gpd*, *Mpi*, *Pep-2*, *Pgm-1*은 전집단에서 모두 변이를 나타내었다. 또한 *P. kaibarae*와 *P. sinensis*의 공서지역인 강릉집단에서의 hybrid 집단은 2 type의 genetic marker인 4개의 유전자 (α *Gpd*, *Gp-4*, *Me-2*, *Pgi-2*)에서 2 type의 유전자를 공유하는 것으로 나타나 hybrid 집단의 특징을 보였다.

조사한 큰가시고기와 어류의 유전적 변이 정도는 Table 3과 같다. 이형접합자 빈도는 직접 관찰된 이형접합자 빈도(H_D)와 유전자 빈도에 의한 이형접합자 빈도(H_C)(Yang, 1983)를 산출하였다.

큰가시고기와 어류의 각 유전자당 평균 대립인자수는 $\bar{A} = 1.4$, 평균 다형성 빈도는 $\bar{P} = 27\%$, 평균 이형접합자 빈도는 $\bar{H}_D = 0.073$, \bar{H}_C

| | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
|--------------|---|------------------|---|---|----------------------------|----------------------------|------------------|----------------------------|--------------------------------------|----------------------------|------------------|------------------|----------------------------|----------------------------|----------------------------|----------------------------|------------------|------------------|
| <i>Mpi</i> | f | f | d | d | d(.97) f(.03) | d(.75) f(.25) | d(.70) f(.30) | d(.82) e(.04) f(.14) | d(.78) e(.07) f(.15) | d(.95) f(.10) | d(.90) | b | a(.04) b(.96) | b(.98) d(.02) | a(.02) b(.98) c(.02) | a(.03) b(.95) c(.02) | a(.04) b(.96) | |
| <i>Pep-1</i> | b | b(.88) c(.12) | b | b | b | b | b | b | b | b | b | a | a | a | a | a | a | |
| <i>Pep-2</i> | a | a | a | a | a(.97) b(.03) | a(.67) b(.33) | a(.20) b(.80) | a(.61) b(.39) | a(.68) b(.32) | a(.50) b(.50) | a(.53) b(.47) | d | d | c(.02) d(.98) | d(.95) e(.05) | c(.02) d(.98) | d(.96) e(.04) | |
| <i>βPgd</i> | d | d(.95) e(.05) | d | d | d(.78) e(.22) | c(.33) d(.54) e(.13) | c(.60) d(.40) | c(.71) d(.29) | c(.88) d(.12) | c | c | b(.75) c(.25) | a(.08) b(.78) c(.15) | a(.07) b(.75) c(.18) | a(.03) b(.95) c(.02) | a(.15) b(.83) c(.02) | a(.08) b(.92) | |
| <i>Egm-1</i> | d | d | c | c | b(.03) c(.97) | a(.13) b(.33) c(.54) | a(.30) b(.70) | a(.46) b(.54) | a(.38) b(.55) c(.05) d(.02) | a(.45) b(.55) c(.02) | a(.28) b(.68) | c(.25) d(.75) | b(.07) c(.53) d(.38) | b(.05) c(.63) d(.32) | b(.18) c(.42) d(.40) | c(.65) d(.28) e(.07) | d(.65) e(.35) | |
| <i>Egm-2</i> | c | b | c | c | a(.12) b(.42) c(.46) | b(.80) c(.20) | b | b | b | b | b | e | e | e | e | e | e | e |
| <i>Egm-3</i> | e | e | d | d | d | d | d | d | d | d | d | b | b | a(.08) b(.81) c(.11) | a(.07) b(.75) c(.15) | b(.98) c(.02) | a(.08) b(.92) | |
| <i>Pgi-1</i> | b | b | b | b | b(.83) d(.17) | b(.80) d(.17) | b(.93) d(.07) | b | b | b | b | c | c | b(.04) c(.96) | c | b(.03) c(.95) d(.02) | c(.95) e(.05) | a(.04) c(.96) |
| <i>Pgi-2</i> | c | c | c | c | a(.50) b(.04) c(.46) | a | a | a | a | a | a | f | f | f | f | e(.05) f(.95) | d(.04) f(.96) | |

Table 3. Genic variation of the Family Gasterosteidae.

| | Number of specimens (N) | Mean No. of alleles per locus(A) | % of loci polymorphic (P) | Mean heterozygosity(H) | |
|---------------------------------------|----------------------------|----------------------------------|------------------------------|-----------------------------------|------------------------------------|
| | | | | Direct count (H _D) | By gene freq. (H _G) |
| <i>P. kaibarae</i> | | | | | |
| 1. Yongchon | 20 | 1.0 | 00.0 | 0.000 | 0.000 |
| 2. Kyongju | 20 | 1.2 | 24.0 | 0.036 | 0.055 |
| 3. Kansong 1 | 10 | 1.1 | 8.0 | 0.036 | 0.029 |
| 4. Kansong 2 | 19 | 1.2 | 16.8 | 0.032 | 0.033 |
| 5. Songsan | 2 | 1.1 | 8.0 | 0.060 | 0.047 |
| 6. Kangnung | 16 | 1.2 | 24.0 | 0.038 | 0.042 |
| Hybrids (<i>P. k</i> × <i>P. s</i>) | | | | | |
| 7. Kangnung | 12 | 1.6 | 44.0 | 0.190 | 0.224 |
| <i>P. sinensis</i> | | | | | |
| 8. Kangnung | 5 | 1.3 | 28.0 | 0.112 | 0.116 |
| 9. Sokcho | 14 | 1.4 | 32.0 | 0.086 | 0.090 |
| 10. Songji-lake | 20 | 1.4 | 24.0 | 0.062 | 0.069 |
| 11. Okkye | 20 | 1.4 | 36.0 | 0.079 | 0.090 |
| 12. Chechon | 20 | 1.4 | 24.0 | 0.062 | 0.072 |
| <i>G. aculeatus</i> | | | | | |
| 13. Sokcho | 2 | 1.2 | 16.0 | 0.080 | 0.080 |
| 14. Opong-ri | 13 | 1.6 | 40.0 | 0.083 | 0.078 |
| 15. Oho-ri | 20 | 1.7 | 48.0 | 0.098 | 0.098 |
| 16. Kyongpo | 20 | 1.4 | 32.0 | 0.100 | 0.093 |
| 17. Pyonggok | 20 | 1.6 | 40.0 | 0.066 | 0.074 |
| 18. Kanggu | 20 | 1.4 | 32.0 | 0.094 | 0.087 |
| 19. Kojie | 13 | 1.5 | 44.0 | 0.090 | 0.081 |

= 0.077로서 타 어류의 평균값과 유사하게 나타났다(Selander, 1976). 가장 변이가 큰 집단은 강릉 *P. kaibarae*-*P. sinensis* hybrid 집단이었으며 ($P = 44\%$, $H_D = 0.19$, $H_G = 0.22$) *P. sinensis* 강릉집단이 $P = 28\%$, $H_D = 0.112$, $H_G = 0.116$ 으로 다음으로 높았으며 *P. kaibarae* 영천집단은 변이가 전혀 없었다.

P. kaibarae 6개 집단의 평균 유전적 변이 정도는 $\overline{H_D} = 0.034$, $\overline{H_G} = 0.034$ 로 타어류군의 평균값보다 낮았으며 *P. sinensis* 5개 집단의 유전적 변이 정도는 $\overline{H_D} = 0.080$, $\overline{H_G} = 0.091$, *G. aculeatus* 7개 집단의 유전적 변이는 $\overline{H_D} = 0.086$, $\overline{H_G} = 0.084$ 로 타어류군에 비해 약간 높게 나타났다(Selander, 1976).

Table 2의 유전자 빈도를 이용하여 집단 및 종간 유전적 근연치(S)(Rogers, 1972)를 구한 결과는 Table 4와 같다.

G. aculeatus 7개 집단, *P. sinensis* 5개 집단의 종내 집단간 평균 유전적 근연치는 각 각 $\overline{S} = 0.963$, $\overline{S} = 0.953$ 으로 집단간 근연관계를 나타내었다. *P. kaibarae*의 영천 및 경주집단은 나머지 *P. kaibarae* 4개 집단과는 유전자들의 차이를 나타내고 있어(Table 2), 타 집단들과의 근연치가 $\overline{S} = 0.690$ 으로 *P. kaibarae* 전체집단의 평균 근연치($\overline{S} = 0.800$)보다 낮았다.

큰가시고기과의 종간 근연치를 비교한 결과 *P. sinensis*와 *P. kaibarae*가 $\overline{S} = 0.606$ 으로 종간의 차이를 나타내었으며 *P. kaibarae*와 *G. aculeatus*,

Table 4. Rogers' (1972) coefficients of genetic similarity (S) of the Family Gasterosteidae.

| | 1 | 2 | 3 | 4 | 5 | 6 | 7 | 8 | 9 | 10 | 11 | 12 | 13 | 14 | 15 | 16 | 17 | 18 | 19 |
|---------------------------------------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|
| <i>P. kaibarae</i> | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| 1. Yongchon | .870 | .702 | .704 | .690 | .698 | .610 | .484 | .486 | .477 | .463 | .468 | .042 | .044 | .035 | .032 | .031 | .029 | .029 | .029 |
| 2. Kyongju | | .668 | .672 | .689 | .689 | .619 | .513 | .532 | .522 | .511 | .513 | .056 | .058 | .050 | .047 | .045 | .044 | .043 | .043 |
| 3. Kansong 1 | | | .980 | .912 | .918 | .809 | .662 | .662 | .664 | .658 | .654 | .030 | .036 | .051 | .052 | .040 | .052 | .049 | .049 |
| 4. Kansong 2 | | | | .909 | .916 | .791 | .643 | .652 | .646 | .644 | .640 | .031 | .036 | .051 | .053 | .041 | .053 | .050 | .050 |
| 5. Songsan | | | | | .986 | .828 | .657 | .669 | .672 | .665 | .661 | .032 | .037 | .052 | .055 | .042 | .054 | .052 | .052 |
| 6. Kangnung | | | | | | .835 | .672 | .673 | .675 | .669 | .665 | .033 | .038 | .053 | .056 | .043 | .055 | .053 | .053 |
| Hybrids (<i>P. k</i> × <i>P. s</i>) | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| 7. Kangnung | | | | | | | .836 | .822 | .820 | .817 | .805 | .082 | .086 | .100 | .100 | .107 | .111 | .094 | .094 |
| <i>P. sinensis</i> | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| 8. Kangnung | | | | | | | | .937 | .928 | .944 | .928 | .049 | .051 | .059 | .057 | .066 | .065 | .049 | .049 |
| 9. Sokcho | | | | | | | | | .966 | .965 | .962 | .049 | .051 | .059 | .057 | .064 | .064 | .049 | .049 |
| 10. Songji-lake | | | | | | | | | | .959 | .977 | .041 | .043 | .051 | .049 | .056 | .055 | .040 | .040 |
| 11. Okkye | | | | | | | | | | | .962 | .047 | .048 | .056 | .054 | .062 | .061 | .045 | .045 |
| 12. Chechon | | | | | | | | | | | | .042 | .043 | .051 | .049 | .056 | .055 | .040 | .040 |
| <i>G. aculeatus</i> | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| 13. Sokcho | | | | | | | | | | | | | .967 | .960 | .957 | .957 | .957 | .949 | .949 |
| 14. Opong-ri | | | | | | | | | | | | | | .965 | .960 | .964 | .945 | .957 | .957 |
| 15. Oho-ri | | | | | | | | | | | | | | | .980 | .969 | .962 | .970 | .970 |
| 16. Kyongpo | | | | | | | | | | | | | | | | .964 | .964 | .972 | .972 |
| 17. Pyonggok | | | | | | | | | | | | | | | | | .964 | .975 | .975 |
| 18. Kanggu | | | | | | | | | | | | | | | | | | .970 | .970 |
| 19. Koje | | | | | | | | | | | | | | | | | | | .970 |

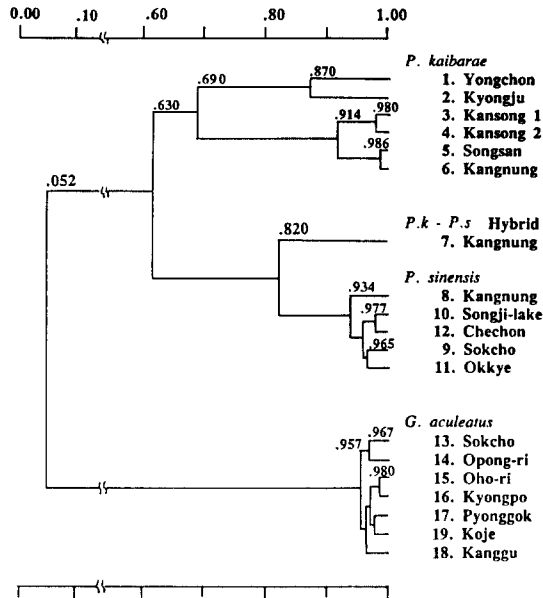


Fig. 2. Dendrogram among the 19 populations of the Family Gasterosteidae based on Rogers' S.

*P. sinensis*와 *G. aculeatus*의 유연관계는 각각 $\bar{S} = 0.044$, $\bar{S} = 0.052$ 로 아주 멀게 나타났다.

Table 4의 유전적 근연치를 이용 dendrogram 을 작성한 결과는 Fig. 2와 같다.

Table 5. Frequency of hybrids between *P. kaibarae* and *P. sinensis*.

| | <i>P. kaibarae</i> | Hybrid | | <i>P. sinensis</i> |
|---------|--------------------|----------------|------------------|--------------------|
| | | F ₁ | > F ₂ | |
| N | 96 | 7 | 88 | 27 |
| % Freq. | 44.0 | 3.2 | 40.4 | 12.4 |

Fig. 2에서와 같이 *P. kaibarae* 집단 중 경주, 영천집단은 나머지 *P. kaibarae* 4집단과는 분리되어 clustering되었으며 *P. kaibarae* × *P. sinensis* 잡종 집단인 강릉집단은 *P. kaibarae*와 *P. sinensis*의 중간에서 clustering되었다. *Pungitius*속과 *Gasterosteus*속간은 $\bar{S} = 0.052$ 로서 매우 멀게 clustering되었다. *Pungitius*속의 *P. sinensis*와 *P. kaibarae*의 공서지역인 강릉집단에서의 자연잡종 출현률을 조사한 결과는 Table 5와 같다.

F₁의 빈도는 약 3%였고 F₂ 또는 그 이상의 잡종개체 비율은 약 40%로서 총 잡종개체 출현률은 약 44%였다.

고찰

한국산 큰가시고기와 어류의 유전적 변이 정

도는 *Pungitius kaibarae* 영천집단이 변이가 전혀 없이 나타났으며 *P. kaibarae* 전체집단의 평균 유전적 변이 정도는 $\bar{H}_D = 0.034$, $\bar{H}_G = 0.034$ 로 타어류군의 평균 유전적 변이보다 낮았으며 *P. sinensis* ($\bar{H}_D = 0.080$, $\bar{H}_G = 0.091$)와 *G. aculeatus* ($\bar{H}_D = 0.086$, $\bar{H}_G = 0.084$) 집단은 *P. kaibarae*보다 약 2배 정도의 높은 유전적 변이를 나타내고 있으나 전체 큰가시고기와 어류의 평균 유전적 변이는 타어류군의 평균 유전적 변이와 유사한 값이었다(Avise and Selander, 1972; Avise and Smith, 1974; Buth and Burr, 1978; Yang and Son, 1986; Yang *et al.*, 1989).

*Gasterosteus*속과 *Pungitius*속은 전체 25개 유전자 중 19개 유전자(76%)가 속간에 뚜렷한 차이를 나타내었으며(Table 2) *Pungitius*속의 *P. kaibarae*와 *P. sinensis* 2 type 간에는 *aGpd*, *Gp-4*, *Me-2*, *Pgi-2* 등에서 뚜렷한 차이가 있었다.

한편 *P. kaibarae*로 분류 보고된 경주와 영천집단(Chae, 1988; Kim *et al.*, 1989)은 나머지 *P. kaibarae* 집단과 유전적으로 차이를 나타내었다. 즉 경주집단은 *Aco*, *Fum*, *Mdh-2*, *Me-2*, *Mpi*, *Pgm-1*, *Pgm-3*에서, 영천집단은 *Aco*, *Mdh-2*, *Mpi*, *Pgm-1*, *Pgm-2*, *Pgm-3* 유전자에서 뚜렷한 차이를 나타내어(Table 2) 유전적 근연치가 나머지 *P. kaibarae* 4집단과 $\bar{S} = 0.690$ 으로서 이 값은 중간 차이치를 나타내며(Avise, 1976) 따라서 이들은 별개의 분류군이라 사료되며 이는 Chae(1988)가 보고한 형태분석의 결과와도 잘 일치된다. 또한 Kim *et al.*(1989)은 금호강수계의 영천집단은 형산강의 상류와 근접되고 있어서 형산강에 서식하는 *P. kaibarae* 집단의 일부가 하천쟁탈에 의해 금호강의 상류에 유입되었다고 추측 보고하였으나 유전자 빈도에서의 차이와 유전적 근연치 값의 차이(Table 2, Fig. 2)로 보아 하천쟁탈에 의한 piracy라기 보다는 영천집단(금호강)과 경주집단(형산강)은 각기 독립된 집단으로 추측되며 집단간에 개체이동이 많지 않다고 사료된다.

영천, 경주집단을 제외한 *P. kaibarae* 4집단의 평균 유전적 근연치는 $\bar{S} = 0.937$, *P. sinensis* 5개 집단, *G. aculeatus* 7개 집단의 평균 유전적

근연치는 각각 $\bar{S} = 0.953$, $\bar{S} = 0.963$ 으로 동일 종내의 집단간 근연관계를 나타내었다(Avise, 1976).

형태적으로 뚜렷이 다르고 이소적으로 분포하는 *Pungitius kaibarae*와 *P. sinensis*를 아종으로 취급하는 경우(Chae, 1988)와 독립된 별종으로 분류하는 경우(Kim *et al.*, 1989)가 있어 종 분류상 논란이 되고 있으나 본 연구 결과 이들 사이의 유전적 근연치는 $\bar{S} = 0.606$ 으로 이 값은 아종 수준 이상인 중간 차이를 나타내었다. 그러나 *P. kaibarae*와 *P. sinensis*의 공서지역인 강릉집단의 경우 이들 사이에 자연잡종이 형성되며 잡종개체의 출현률이 약 44%로 비교적 높은 빈도였다(Table 5). 이와같이 유전적 근연치가 종 수준 이상으로 낮고(Table 4, Fig. 2) 뚜렷한 유전적 차이가 있으나 공서지역에서 자연잡종이 높은 비율로 형성되는 것으로 보아 이들 사이에는 아직 생식적 격리가 완전히 형성되지 않은 종분화의 중간단계에 있는 반종(semispecies)이라 사료된다.

*Pungitius*속과 *Gasterosteus*속간의 근연치는 $\bar{S} = 0.052$ 로서 현재까지 보고된 값보다 훨씬 낮은 값이었다(Yang and Park, 1982; Kim *et al.*, 1985; Park, 1988; Yang and Min, 1989).

인용문헌

- Avise, J. C., 1976. Genetic Differentiation During Speciation, In: Molecular Evolution (Ayala, F. J., ed.). Sinauer Assoc. Inc., Sunderland, Massachusetts, pp. 106-122.
- Avise, J. C. and R. K. Selander, 1972. Evolutionary genetics of cavedwelling fishes of the genus *Astyanax*. *Evolution* 26:1-9.
- Avise, J. C. and M. H. Smith, 1974. Biochemical genetics of sunfish. I. Geographic variation and subspecific intergradation in the bluegill, *Lepomis macrochirus*. *Evolution* 28:42-56.
- Blouw, D. M. and D. W. Hagen, 1981. Ecology of the fourspine stickleback, *Apeltes quadracus*, with respect to a polymorphism for dorsal spine number. *Can. J. Zool.* 59:1667-1692.
- Buth, D. G. and B. M. Burr, 1978. Isozyme variability in the cyprinid genus *Campostoma*. *Copeia* 1978:198-331.
- Chae, B. S., 1988. Classification on the eightspine

- stickleback (*Pungitius sinensis*) to the morphological characteristics. Ph. D. Thesis Kyung-Pook Nat'l Univ.
- Choi, K. C., S. R. Jeon, and I. S. Kim, 1984. The Atlas of Korean Fresh-water Fishes. Korean Institute of Fresh-water Biology.
- Chyung, M. K., 1977. The Fishes of Korea. Il-Ji Sa, Seoul, pp. 264-266.
- Hagen, D. W. and J. D. McPhail, 1970. The species problem within *Gasterosteus aculeatus* on the Pacific coast of North America. *J. Fish. Res. Bd. Can.* **28**:147-155.
- Hagen, D. W. and L. G. Gilbertson, 1972. Geographic variation and environmental selection in *Gasterosteus aculeatus* in the Pacific Northwest, America. *Evolution* **26**:32-51.
- Jeon, S.-R., 1987. Studies on the key and distributions of the cottid and gasterosteid peripheral fresh-water fishes from Korea. *Coll. Thes. Sangmyung Women's Univ.* **22**:549-576.
- Kim, I. S., G. Y. Lee, and S. Y. Yang, 1985. Systematic study of the subfamily Leuciscinae (Cyprinidae) from Korea. *Bull. Kor. Fish. Soc.* **18**:381-400.
- Kim, I. S., C. H. Yoon, and J. H. Lee, 1989. Morphological variation and karyotype of the Korean species of sticklebacks, (Pisces, Gasterosteidae) in Korea. *Korean J. Syst. Zool.* **5**:107-120.
- Mori, S., 1987a, Geographic variations in freshwater populations of the three-spined stickleback, *Gasterosteus aculeatus*, in Japan. *Japan. J. Ichthyol.* **34**:33-46.
- Mori, S., 1987b, Divergence in reproductive ecology of the three-spined stickleback, *Gasterosteus aculeatus*. *Japan. J. Ichthyol.* **34**:165-175.
- Park, B. S., 1988. Systematic study on the genus *Cobitis* in Korea. Ph. D. Thesis. Inha Univ.
- Reimchen, T. E., 1983. Structural relationships between spines and lateral plates in threespine sticklebacks (*Gasterosteus aculeatus*). *Evolution* **37**:931-946.
- Reimchen, T. E. and J. S. Nelson, 1987. Habitat and morphological correlates to vertebral number as shown in a teleost, *Gasterosteus aculeatus* Copeia **1987**:868-874.
- Rogers, J. S., 1972. Measure of genetic similarity and genetic distance. Studies in genetics VII. *Univ. Texas Publ.* **72**:13:145-153.
- Selander, R. K., 1976. Genic Variation in Natural Populations. In: Molecular Evolution (Ayala, F. J. ed.). Sinauer Assoc. Inc., Sunderland, Massachusetts, pp. 21-45.
- Sneath, P. H. A. and R. R. Sokal, 1973. Numerical Taxonomy. W. H. Freeman Co., San Francisco.
- 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. Heredity* **72**:281-283.
- Wootton, R. J., 1976. The biology of the sticklebacks. Academic press. London, pp. 387.
- Yang, S. Y., 1983. Genic variation in natural populations of the subfamily Acheilognathinae (Cyprinidae) in Korea. *Ann. Rep. Biol. Res., Jeonbuk Nat'l. Univ.* **4**:11-19.
- Yang, S. Y. and M. S. Min, 1987. Evolutionary study on the Dark Chub (*Zacco temmincki*) IV. Genetic variation, morphology and artificial hybridization. *Korean J. Zool.* **30**:417-431.
- Yang, S. Y. and M. S. Min, 1989. Genic variation and speciation of fishes of the genus *Moroco* (Cyprinidae). *Korean J. Zool.* **32**:232-241.
- Yang, S. Y. and B. S. Park, 1982. Genic variation and systematics of the subfamily Acheilognathinae (Cyprinidae) in Korea. *Ann. Rep. Biol. Res Jeonbuk Nat'l Univ.* **3**:25-32.
- Yang, S. Y., B. S. Park, and J. H. Kim, 1989. Systematic studies of the genus *Cobitis* (Pisces: Cobitidae) in Korea. I. Geographic variations and classification of *Cobitis koreensis*. *Korean J. Zool.* **32**:242-251.
- Yang, S. Y. and Y. M. Son, 1986. Genetic and morphological variation of the genus *Liobargus* in Korea. *Korean J. Syst. Zool.* **2**:1-12.

(Accepted July 30, 1990)

Genetic Variation and Systematics of the Sticklebacks (Pisces, Gasterosteidae) in Korea

Suh Yung Yang and Mi Sook Min (Dept. of Biology, Inha University Incheon 402-751, Korea)

Surveys of electrophoretic variations in isozymes and proteins encoded by 25 presumptive loci were conducted to estimate the degree of genic variation and to assess species recognition for three species of the Family Gasterosteidae (Pisces) in Korea. The average degree of genic variation of *Gasterosteus aculeatus* was $\overline{H}_D = 0.086$, $\overline{H}_G = 0.084$, and $\overline{P} = 36\%$ and it was similar to *Pungitius sinensis* ($\overline{H}_D = 0.080$, $\overline{H}_G = 0.091$, $\overline{P} = 29\%$). But *P. kaibaræ* was less variable than these species ($\overline{H}_D = 0.034$, $\overline{H}_G = 0.034$, $\overline{P} = 13\%$). The average genetic similarities among the populations in each species of *Gasterosteus aculeatus*, *Pungitius sinensis* and *P. kaibaræ* were $\overline{S} = 0.963$, $\overline{S} = 0.953$ and $\overline{S} = 0.800$ respectively. Yongchon and Kyongju populations of *P. kaibaræ* were genetically remote from the rest of the conspecific populations ($\overline{S} = 0.690$). Chae (1988) also observed morphological differences between them. The value of genetic similarity coefficients of $\overline{S} = 0.606$ between *P. sinensis* and *P. kaibaræ* is low enough to consider as specific level of genetic difference, but moderate rate of hybridization (44%) between them at a sympatric area of Kangnung indicates that isolating mechanism is incomplete. Therefore it is concluded that *P. sinensis* and *P. kaibaræ* are semispecific status. Intergeneric genetic similarities between the genus *Gasterosteus* and *Pungitius* were $\overline{S} = 0.052$ and this value is the lowest estimate up to date in freshwater fishes.