

Heterophyidae에 관한 數理分類學的 研究

高麗大學校 醫科大學 寄生蟲學教室 및 熱帶風土病研究所

金起弘 · 尹英模 · 李駿商 · 林漢鍾

요약 : Heterophyidae과에 속하는 *Matagonimus yokogawai*, *Matagonimus Miyata* Type, *M. takahashii*, *Heterophyes dispar*, *H. heterophyes*, *H. nocens*, *Heterophyopsis continua*, *Pygidiopsis summa*, *Stellantchasmus falcatus*, *Stictodora lari* 등 총 21 Operational Taxonomic Unit(OTU)를 사용하여 수리분류학적 연구를 시도하였다. 형질은 절대 측정치가 아닌 상대적 비율을 주로 사용하였으며, 형질수는 26개를 사용하였다. 각 형질간의 유사도를 측정하여 상관계수를 계산한 후 Ward의 방법에 의한 집괴 분석 및 인자 분석을 수행하였다.

분석 결과 *Matagonimus* 속(genus) 그룹은 *Matagonimus yokogawai*, *Matagonimus Miyata* Type, *M. takahashii* 등 3개의 표현군으로 구분이 되었으며, *Matagonimus Miyata* Type은 *M. takahashii*의 아종 수준으로 분류되었다. *Heterophyes* 속 그룹은 *Heterophyes dispar*, *H. heterophyes*, *H. nocens* 등 명확한 3개의 표현군으로 구분되며, *H. nocens*는 *H. heterophyes*의 아종이 아닌 뚜렷한 종의 수준에서 분류됨을 나타내었다. 그 외의 종들도 역시 뚜렷한 표현군으로 분류되었으며, 이로부터 흡충류에 있어서도 수리분류학적 방법에 의해 분류가 명확한 분류군의 한계를 규정하는데 많은 도움을 줄 수 있을 것으로 사료된다.

Key words: Heterophyidae, numerical taxonomy, *Matagonimus yokogawai*, *Heterophyes nocens*, *Pygidiopsis summa*, *Stellantchasmus falcatus*

서론

Heterophyidae에 속하는 흡충류는 생선을 먹는 동물인 조류나 포유류에 기생하며, 몸의 크기가 보통 1mm 내외로 매우 작다. 표피는 미세한 소극으로 덮혀 있고 생식공은 gonotyl이라 불리우는 흡반 모양의 구조를 하고 있으며 복흡반과 합쳐져 있거나 혹은 복흡반 옆에 위치한다.

Heterophyid 흡충류 중 인체에 기생하는 것으로는 genus *Heterophyes*, *Heterophyopsis*, *Matagonimus*, *Stellantchasmus*, *Centrocestus*, *Pygidiopsis*, *Haplorchis*, *Procerovum* 등에 속하는 약 20 여종이 알려져 있다(Ito, 1964). 우리 나라의 경우 인체에 기생하는 heterophyid 흡충류는 1980년까지 *Matagonimus yokogawai* 1종만이 알려져 있었으나 그 이후 *Heterophyes nocens*, *Pygidiopsis summa*, *Stellantchasmus falcatus*, *Heterophyopsis continua*, *Centrocestus armatus*, *Stictodora* sp. 등의 종들이 인체에 기생하는 것으로 밝혀졌으며, 그 외 *Heterophyes heterophyes*, *H. dispar* 등 2종이 사우디아라비아에서 일하고 돌아온 근로자들에서 발견되었다(Seo et al., 1981, 1984a & b; Chai et al., 1984, 1985, 1986 & 1988; Hong et al., 1986; Hong et al., 1988). 이 중 *M. yokogawai*, *H. hetero-*

phyes 등과 같은 종들은 사람을 정상적인 종속주로 하는 흡충류이나, *Heterophyes*, *Haplorchis*, *Diorchitrema* 속에 속하는 종들 중 사람을 정상 숙주로 하지 않는 일부 종들은 인체에 감염되면 많은 수의 충란들이 혈관을 타고 심장에 침전되어 심한 임상 증상을 일으키기도 하는 것으로 알려져 있다(Africa et al., 1940).

Heterophyidae의 상위 분류군에 대한 분류 체계는 학자에 따라 많은 차이가 있다. Skrjabin(1952)은 Heterophyidae를 상과로 승격시켜 Heterophyoidea 상과로 하고 이것을 Heterophyidae, Galactosomatidae 및 Cryptogonimidae의 3과로 나누었다. Dawes(1956)는 Heterophyidae 내에 Heterophyinae, Matagoniminae, Cryptocotylineae, Apophallinae, Galactosomatinae, Centrocestinae, Haplorchinae, Adleriellinae, Stellantchasmae 등 9개의 아과로 분류하였으며, Yamaguti(1958)는 Dawes가 분류한 체계보다 더 많은 아과로 세분하였다. 그 외에도 많은 학자들에 의해 Heterophyidae의 상위 분류군에 대한 분류체계가 다양하게 제시되었지만, 어느 체계가 자연 분류군에 가장 가까운가에 대해서는 이견이 많다.

종 이하의 하위 분류군에 대한 분류 역시 많은 논란이 있다. Chitwood(1957)는 선충류의 분류에 있어서 혼란이 생기는 가장 큰 원인은 종내 변이의 명확한 한계에 대한 지식 부족 때문이라고 하였는데, 이는 흡충

류의 분류에 있어서도 마찬가지로 적용될 수 있는 이유이다. 흡충류에 있어서 이러한 변이의 한계를 규정하는 것은 Mayr(1969)도 인정하였듯이 흡충류는 암수 한몸이기 때문에 개체군 간의 교미 여부를 파악할 수 없어 생물학적 종 (biological species)의 개념 하에서는 한계를 지을 수가 없다. 따라서 형태학적 종(morphological species)의 개념 하에서 흡충류를 분류하는 것이 실제적으로 더 유용할 것으로 사료된다. 이러한 의미에서 흡충류의 분류에 수리분류학(numerical taxonomy)적 방법을 사용하는 것은 현재까지 계속되고 있는 흡충류 하위 분류군에 대한 분류상의 혼란을 어느 정도 극복할 수 있을 것으로 여겨진다.

Sneath and Sokal(1973)은 수리분류학을 “분류 단위를 그들의 형질 상태에 기초를 두어 수리적 방법에 의해 분류군으로 묶는 것”이라 정의하였으며, 수리 분류학적 과정을 통하여 전통 분류학에서 문제가 되는 주관적 결과를 객관화하고자 노력하였다. 수리분류학은 규모가 작은 분류군이라도 이를 검출할 수 있게 하며, 특히 논란이 되고 있는 분류군에 명확한 한계를 설정해 준다. 또한 표현군 변이의 한계를 정확히 구분하므로 지리적 차이에 따른 변종이나 아종 등의 구분을 명확히 할 수 있는 장점이 있다.

따라서 본 연구에서는 종 분류에 있어서 아직도 많은 논란이 있는 heterophyid 흡충류 중 우리 나라에서 기록되어 있는 종 일부를 대상으로 수리분류학적 방법을 사용하여 분류를 시도하였다. 우리 나라에 있어서 율충류에 대한 수리분류학적 연구는 처음으로 시도되는 것이며, 앞으로 계속적인 연구를 통해 율충류 분류군에 관한 명확한 한계를 설정하고자 한다.

재료 및 방법

1. 실험 재료

금번 연구에서 사용한 heterophyid 흡충류는 고려의대 기생충학교실 및 서울의대 기생충학교실에 소장되어 있는 표본을 사용하였으며, 그 종류 및 개체수는 다음과 같다.

Metagonimus yokogawai (Katsurada, 1912)-30TU*

Metagonimus takahashii Takahashi, 1929-20TU

Metagonimus Miyata Type-30TU

Heterophyes dispar Looss, 1902-20TU

Heterophyes nocens Onji et Nishio, 1916-20TU

Heterophyes heterophyes (Siebold, 1853)-10TU

Heterophyopsis continua(Onji et Nishio, 1916)-10TU

Pygidiopsis summa Onji et Nishio, 1916-30TU

Stellantchasmus falcatus Onji et Nishio, 1915-20TU

Stictodora lari Yamaguti, 1939-20TU

* OTU=Operational Taxonomic Unit; Sokal and

Sneath(1963)

2. 방 법

(1) 형질(Character)

수리적 분석에 사용한 형질의 갯수는 총 26개로서 (Table 1), 각 형질의 측정치는 절대치보다는 주로 상대적인 비율을 사용함으로써 형태적 특성에 대한 정보를 더 많이 내포하도록 하였다.

Table 1. The list of characters

× 1	Body width/Body length
× 2	Oral sucker width/Oral sucker length
× 3	Ventral sucker width/Ventral sucker length
× 4	Oral sucker width/Ventral sucker width
× 5	Oral sucker length/Ventral sucker length
× 6	Pharynx width/Pharynx length
× 7	Pharynx width/Oral sucker width
× 8	Pharynx length/Oral sucker length
× 9	Distance from anterior end of body to ventral sucker/Body length
× 10	Testes I width/Testes I length
× 11	Testes II width/Testes II length
× 12	Ovary width/Ovary length
× 13	Testes I width/Testes II width
× 14	Testes I length/Testes II length
× 15	Ovary length/Testes I length
× 16	Ovary width/Testes I width
× 17	Distance between Testes I and Testes II
× 18	Distance from anterior end of body to Testes I/Body length
× 19	Distance from anterior end of body to Testes II/Body length
× 20	Distance from anterior end of body to Ovary/Body length
× 21	Egg width/Egg length
× 22	Oral sucker width/Body width
× 23	Oral sucker length/Body length
× 24	Ovary length/Body length
× 25	Ovary width/Body width
× 26	Presence or absence of Genital sucker

(2) 집괴 분석(Clustering)

집괴 분석이란 유사성으로 인하여 공간에 나타나는 무리의 덩어리들을 평면 차원으로 환원시켜 찾는 방법이라 말할 수 있으며, 같은 군집에 속한 객체들끼리는 어떤 종류의 밀접한 상사성이, 그리고 서로 다른 군집에 속한 객체 사이에는 상대적 비상사성이 존재하는 것을 원칙으로 한다(김 및 전, 1989a).

집괴 과정을 시작하기에 앞서 일단 모든 변수들이 평균 0, 표준편차 1이 되도록 표준화(standardization) 시킴으로써 모든 형질 변수들이 어떤 특이값에 영향을

받지 않고 똑같은 중요도(equal weight)를 가지도록 하였다. 집괴 분석 방법은 현재 가장 많이 쓰이고 있는 Ward의 방법을 사용하였다.

(3) 인자 분석(Factor analysis)

인자 분석이란 상관 (혹은 공분산) 행렬의 구조에 관한 통계적 모형을 구축하고, 그와 같은 구조를 생성시키는 소수 몇개의 인자를 유도하여, 이들을 해석하는 변수들간의 공분산 내지 상관 중심의 기법이라고 할 수 있다. 따라서 변수들 중의 일부가 같은 공통의 뿌리를 가지고 있어 상관계수라는 척도를 통해 그룹화(grouping)가 가능하다면, 이는 곧 변수들간의 복잡한 구조를 단순화시키는 것이라 할 수 있겠다. 여기서 그룹이라 함은 그 그룹 내에 있는 변수들은 서로 높은 상관관계를 가지고, 서로 다른 그룹에 속하는 변수들은 상대적으로 낮은 상관관계를 가지도록 변수들을 집단화하는 개념이다. 즉 각 그룹은 관찰된 상관관계의 생성을 반영하는 저변에 깔려있는 단 하나의 인자로 대표되어질 수 있다는 의미이다(김 및 전, 1989b).

인자의 갯수에 관한 관정 기준은 고유값의 크기 및 Scree 도형에 의해 결정하였으며, 인자 패턴 행렬에 의해 각 인자에 가장 큰 영향을 미치는 형질 변수들을 찾아내었다. 인자 분석의 방법은 Thomson(1951) 등에 의해 제안된 주축인자법(principal axis factor method)을 사용하였으며, 공통성에 관한 초기 추정값은 다중 상관계수의 제곱(squared multiple correlation coefficient: SMC)를 사용하여 분석하였다.

결 과

OTU21 전체를 Ward method에 의해 집괴 분석한 결과는 Table 2와 같으며, 이를 그래프로 나타내면 Fig. 1과 같다.

분석 결과 크게 *Metagonimus* 속, *Heterophyes* 속, *Heterophyopsis*와 *Stictodora*속, *Pygidiopsis* 속, *Stellantchasmus* 속 등 5개의 그룹으로 대별되었다. *Metagonimus* 속 그룹을 보면 *Metagonimus* Miyata type은 *M. yokogawai* 보다는 *M. takahashii*에 더 가까우나 *M. takahashii*와는 서로 다른 표현군으로 구분됨을 알 수 있으며, *Heterophyes* 속 그룹에 있어서는 *Heterophyes heterophyes*가 *H. nocens* 보다는 *H. dispar*에 더 가까운 형태적 유사성을 나타내었다.

전체 21OTU의 26개 형질 변수에 대한 인자분석 결과 인자의 수는 고유값 크기(Table 3) 및 Scree 도형(Fig. 2) 관정에 의해 7개가 적절한 것으로 판명되었다. Scree 도형은 Cartell(1966)에 의해 제안된 기법으로 급격한 하강을 보이는 바로 전단계까지의 수를 인

Table 2. Ward's minimum variance cluster analysis of 21 OTUs

NCL	Clusters	Joined	FREQ	SP-RSQ	RSQ	ERSQ	CCC
20	OB20	OB21	2	0.00405	0.996	.	.
19	OB4	OB5	2	0.00650	0.989	.	.
18	OB11	OB12	2	0.00677	0.983	.	.
17	OB7	OB8	2	0.00770	0.975	.	.
16	OB1	OB3	2	0.01008	0.965	.	.
15	OB9	OB10	2	0.01081	0.954	.	.
14	OB18	OB19	2	0.01186	0.942	.	.
13	CL15	OB13	3	0.01366	0.929	.	.
12	OB16	OB17	2	0.01514	0.913	.	.
11	CL16	OB2	3	0.01568	0.898	.	.
10	CL19	OB6	3	0.01926	0.878	.	.
9	CL10	CL17	5	0.02152	0.857	.	.
8	OB15	CL12	3	0.03110	0.826	.	.
7	CL13	CL18	5	0.03749	0.788	.	.
6	CL11	CL9	8	0.05113	0.737	.	.
5	OB14	CL20	3	0.05301	0.684	.	.
4	CL8	CL14	5	0.13153	0.553	0.5341	0.484
3	CL6	CL7	13	0.16450	0.388	0.4155	-0.599
2	CL5	CL4	8	0.16638	0.222	0.2537	-0.700
1	CL3	CL2	21	0.22180	0.000	0.0000	0.000

NCL: number of cluster, FREQ: frequency, SP-RSQ: semipartial R², RSQ: R², ERSQ: expected value of R², CCC: cubic clustering criterion

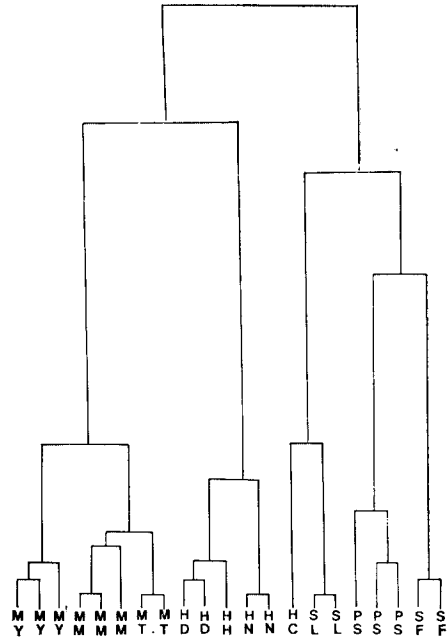


Fig. 1. The phenogram of 21 OTUs by Ward's minimum variance cluster analysis. (MY : *Metagonimus yokogawai*, MM : *Metagonimus* Miyata Type, MT : *Metagonimus takahashii*, HD : *Heterophyes dispar*, HN : *Heterophyes nocens*, HH : *Heterophyes heterophyes*, HC : *Heterophyopsis continua*, PS : *Pygidiopsis summa*, SF : *Stellantchasmus falcatus*, SL : *Stictodora lari*)

Table 3. Eigenvalues of the correlation matrix

	1	2	3	4	5	6
Eigenvalue	6.329754	5.014773	4.485812	3.347948	2.218113	1.396854
Difference	1.314982	0.528960	1.137865	1.129834	0.821259	0.488132
Proportion	0.2435	0.1929	0.1725	0.1288	0.0853	0.0537
Cumulative	0.2435	0.4363	0.6089	0.7376	0.8229	0.8767
	7	8	9	10	11	12
Eigenvalue	0.908722	0.646886	0.499374	0.372656	0.310924	0.197345
Difference	0.261836	0.147511	0.126719	0.061732	0.113579	0.076985
Proportion	0.0350	0.0249	0.0192	0.0143	0.0120	0.0076
Cumulative	0.9116	0.9365	0.9557	0.9700	0.9820	0.9896
	13	14	15	16	17	18
Eigenvalue	0.120361	0.070982	0.027822	0.017323	0.015578	0.011833
Difference	0.049378	0.043160	0.010499	0.001744	0.003746	0.006102
Proportion	0.0046	0.0027	0.0011	0.0007	0.0006	0.0005
Cumulative	0.9942	0.9969	0.9980	0.9987	0.9993	0.9997
	19	20	21	22	23	24
Eigenvalue	0.005731	0.001209	0.000000	0.000000	0.000000	0.000000
Difference	0.004522	0.001209	0.000000	0.000000	0.000000	0.000000
Proportion	0.0002	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
Cumulative	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000

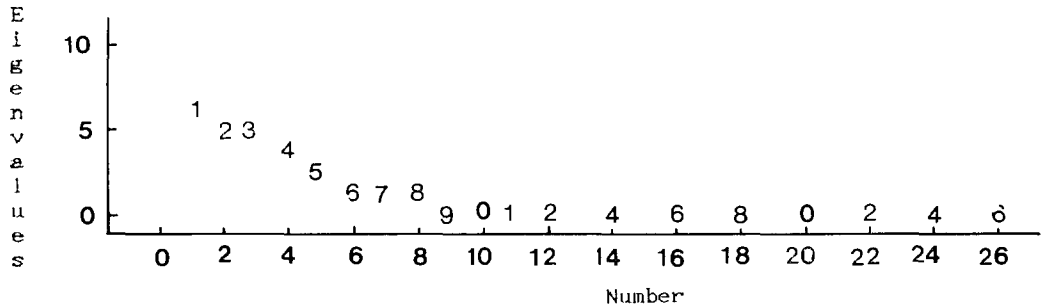


Fig. 2. Scree plot of Eigenvalues.

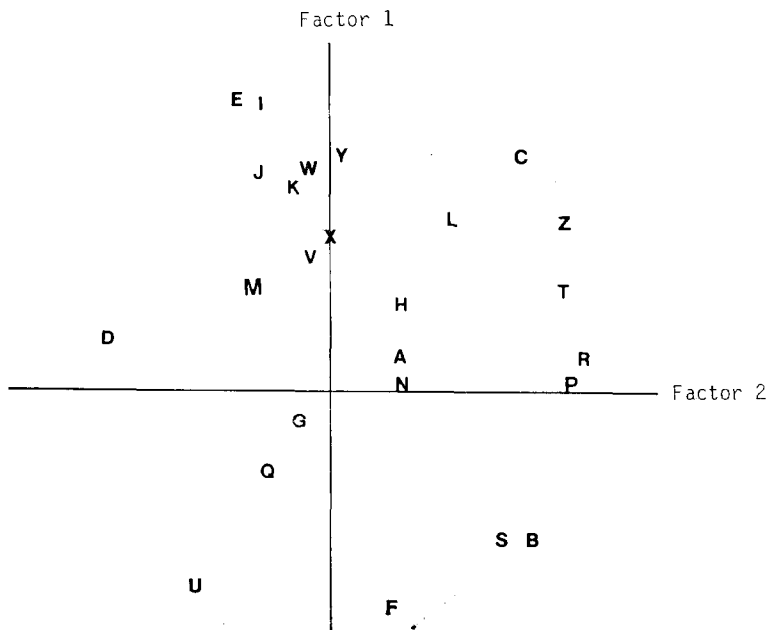


Fig. 3. Plot of factor pattern for Factor 1 and Factor 2.

Table 5. Eigenvalues of the reduced correlation matrix (Total=25, Average=0.96153846)

	1	2	3	4	5	6
Eigenvalue	10.078995	5.195717	3.742080	2.525666	1.941860	0.959743
Difference	4.883277	1.453638	1.216413	0.583806	0.982117	0.403805
Proportion	0.4032	0.2078	0.1497	0.1010	0.0777	0.0384
Cumulative	0.4032	0.6110	0.7607	0.8617	0.9394	0.9778
	7	8	9	10	11	12
Eigenvalue	0.555938	0.000000	0.000000	0.000000	0.000000	0.000000
Difference	0.555938	0.000000	0.000000	0.000000	0.000000	0.000000
Proportion	0.0222	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
Cumulative	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
	13	14	15	16	17	18
Eigenvalue	0.000000	0.000000	0.000000	0.000000	0.000000	0.000000
Difference	0.000000	0.000000	0.000000	0.000000	0.000000	0.000000
Proportion	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
Cumulative	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
	19	20	21	22	23	24
Eigenvalue	0.000000	0.000000	0.000000	0.000000	0.000000	0.000000
Difference	0.000000	0.000000	0.000000	0.000000	0.000000	0.000000
Proportion	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
Cumulative	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
	25	26				
Eigenvalue	0.000000	0.000000				
Difference	0.000000					
Proportion	0.0000	0.0000				
Cumulative	1.0000	1.0000				

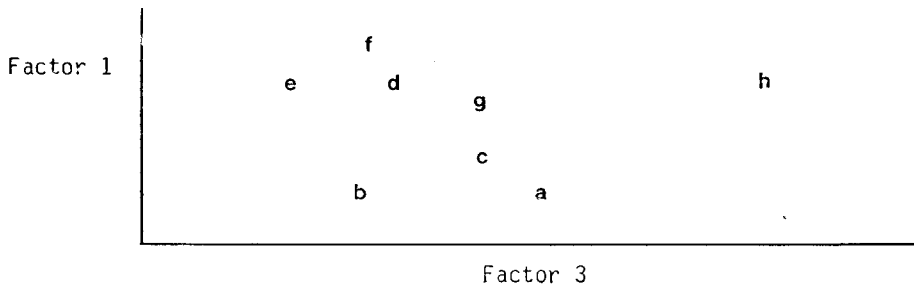


Fig. 5. Plot of Factor 1* Factor 3. Symbol is value of OTU.

a, b, c : *Metagonimus yokogawai* d, e, f : *Metagonimus Miyata Type* g, h : *Metagonimus takahashii*

자의 적정 갯수로 판정하는 방법이다.

Fig. 3은 Factor 1과 Factor 2를 축으로 하여 26개의 형질 변수들이 어떻게 분포되어 있는가를 나타낸 것인데, 각 형질 변수들은 두 축을 중심으로 하여 여러 방면으로 넓게 분산되어 있기 때문에 각 인자들이 정확하게 어떤 일관된 형질을 표현하는가를 추측하기는 매우 어려운 상태이다.

각각의 인자에 가장 큰 영향을 미치는 형질 변수를

살펴보면 (Table 4), Factor 1은 구흡반과 복흡반의 길이 비율 및 복흡반의 위치, Factor 2는 고환의 위치, Factor 3은 몸의 길이와 넓이 비율, Factor 4는 구흡반의 상대적 크기 등으로 나타났다.

가장 많은 양의 정보를 내포하고 있는 Factor 1과 Factor 2를 축으로 하여 21개의 OTU가 어떤 양상으로 공간에 배열되어 있는가를 살펴보면 Fig. 4와 같으며, 이 결과는 앞에서 사용한 Ward method에 의한

Table 8. Factor pattern

	Factor 1	Factor 2	Factor 3	Factor 4	
× 1	0.15445	-0.06581	-0.76726	-0.61897	bw/bl
× 2	0.98367	0.07795	0.10519	-0.12350	osw/osl
× 3	-0.05663	-0.71395	0.67868	-0.16265	vsw/vsl
× 4	-0.09920	0.98591	0.12222	0.05652	osw/vsw
× 5	-0.89499	0.35823	0.24639	0.09979	osl/vsl
× 6	-0.27145	0.91686	0.16809	-0.23963	pw/pl
× 7	0.72533	-0.22234	0.62219	-0.19324	pw/osw
× 8	0.93204	-0.34961	0.06327	-0.07118	pl/osl
× 9	0.01403	0.06832	-0.60461	0.79346	vs/bdl
× 10	-0.36804	-0.40029	-0.80238	0.24596	tIw/tII
× 11	0.53735	0.80957	0.00363	0.23630	tIIw/tIII
× 12	0.77201	-0.40629	0.21124	0.44080	ow/ol
× 13	-0.54882	-0.62848	-0.50144	0.22883	tIw/tIIw
× 14	0.19790	0.68019	-0.18746	0.68046	tII/tIII
× 15	0.42455	0.85645	-0.11154	-0.27168	ol/tII
× 16	0.82870	0.51535	0.21289	-0.04844	ow/tIw
× 17	-0.64851	0.19394	-0.50440	-0.53609	tI-tII
× 18	-0.38724	0.56292	0.60087	0.25039	tId/bl
× 19	-0.72815	0.56708	0.09101	0.37407	tIIId/bl
× 20	-0.87830	0.43332	-0.05777	-0.19363	od/bl
× 21	-0.59646	-0.46481	0.59791	0.26588	ew/el
× 22	-0.72649	-0.45324	0.47908	0.19306	osw/bw
× 23	-0.96352	-0.16853	-0.10966	0.17667	osl/bl
× 24	0.86367	0.07068	-0.47223	0.16148	ol/bl
× 25	0.87986	-0.17071	-0.07907	0.43642	ow/bw
× 26	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	gs

집괴 분석 결과와 거의 유사하게 나타났다.

Metagonimus 속 그룹에 있어서 고유값 크기에 의한 적정인자 갯수는 Table 5에서 알 수 있듯이 7개로 판명되었다.

Metagonimus 속 그룹의 각 인자에 대한 인자 패턴을 살펴보면 (Table 6), Factor 1은 고환간의 거리에 가장 큰 영향을 받으며, Factor 2는 인두의 모양, 충란의 상대적 비율, 구흡반의 상대적 크기 등에 의해, Factor 3은 두 고환간의 길이 비율, Factor 4는 고환의 모양 등에 의해 많은 영향을 받는 것으로 나타났다.

Factor 1과 Factor 3을 축으로 하여 *Metagonimus*속 그룹에 속하는 8OTU를 공간상에 배열하면 Fig. 5와 같다.

Heterophyes 속 그룹에 있어서 고유값 크기에 의한 인자의 적정수는 4개로 판명되었으며 (Table 7), Factor 1은 구흡반의 넓이와 길이의 비율, 구흡반과 복흡반의 길이 비율, 인두와 구흡반의 길이 비율, 구흡반의 상대적 크기 등, Factor 2는 구흡반과 복흡반의 넓이 비율, 인두의 넓이와 길이 비율, Factor 3은 고환의 넓이와 길이 비율 등이 큰 영향을 미치는 형질

변수로 나타났다(Table 8).

고 찰

Flake and Turner(1968)는 종 이하의 수준(intraspecific level)에 있어서의 분류적인 문제는 수리분류학적인 방법에 의해 명확한 해결점을 얻을 수 있다고 하였는데, 급번 연구에 있어서 *Metagonimus* 속 그룹 및 *Heterophyes* 속 그룹 내에 속하는 종간, 종내의 분류상 문제점은 수리분류학적 방법에 의해 해결의 실마리를 찾을 수 있을 것으로 생각되었다.

Saito(1984)는 *Metagonimus* 속을 Yokogawa 형, Miyata 형, Takahashi 형 등 3개의 type으로 구분하였다. 이 중 Yokogawa 형은 다른 2형과 비교하여 두 고환간의 사이가 거의 떨어져 있지 않으며, 또한 자궁이 고환의 전단까지만 뻗어 있다는 점이 다르다. Miyata 형과 Takahashi 형은 두 고환이 서로 떨어져 있다는 점, 그리고 자궁이 뒷쪽 고환의 하단부까지 뻗어 있다는 점에서는 서로 비슷하나, Miyata 형은 Takahashi 형과는 달리 난황소의 분포가 맹관의 아래쪽까지 뻗어

있지 않다는 점이 다르다. 우리 나라에서는 최근까지 *Metagonimus yokogawai* 만이 주로 분포하는 것으로 알려져 왔으나 최근 들어 채 등 (1990)은 *Metagonimus Miyata Type* 및 *M. takahashii* 등도 우리 나라에 분포하는 것으로 발표하였다.

금번의 연구 결과에 의하면 Fig. 1에서 잘 나타난 바와 같이 *Metagonimus yokogawai*, *Metagonimus Miyata Type* 및 *M. takahashii* 등이 서로 구분되는 표현군으로 나타났다. *Metagonimus Miyata Type*은 *M. yokogawai*보다는 *M. takahashii*에 가까운 유사성을 나타내며, 집괴된 선의 수준으로 미루어 보아, 아마도 *M. takahashii*의 아종 (subspecies) 정도의 위치에 있는 것으로 여겨진다. 또한 *M. yokogawai*와 *M. takahashii* 간의 성충에 있어서 구별점은 충란의 크기만이 다른 것으로 알려져 있었으나, 인자패틴 행렬의 분석으로부터 두 고환간의 거리가 가장 큰 구별점이 되며, 그 외 구충반의 상대적 크기, 충란의 길이와 넓이 비율, 두 고환간의 길이 비율 등이 이들 3 type을 구분하는 형질들이 됨을 알 수 있었다.

Heterophyes 속은 집괴 분석 결과, *Heterophyes dispar*, *H. heterophyes*, *H. nocens* 등이 서로 확실하게 구분되는 표현군으로 나타났는데, *H. nocens*의 경우 처음에는 Onji and Nishio(1916)에 의해 독립된 종으로 발표되었으나, 그 이후 Faust and Nishigori(1926) 등에 의해 종으로서의 위치가 부인되자 Asada(1934)는 이를 *Heterophyes heterophyes nocens*라는 아종으로 발표하는 등 분류학적 논란이 많았다. 그러나 금번 분석 결과에 의하면 *H. heterophyes*는 *H. nocens*보다 *H. dispar*에 더 가까운 것으로 나타났으며, 따라서 *H. nocens*가 *H. heterophyes*의 아종이 아닌 명확히 독립된 종이라는 것을 인식할 수 있었다.

그 외 *Heterophyopsis continua*, *Stictodora lari*, *Pygidiopsis summa*, *Stellantchasmus falcatus* 등의 종들도 서로 명확히 구분되는 독립된 표현군으로 나타났다.

수리분류학은 분류 결과의 객관성 및 반복성이라는 장점을 지니고 있는 반면 전유사성의 규정 및 전유사성을 도출하는 수리적 과정에서도 약간의 모순점을 지니고 있다. 따라서 Mayr(1969)는 전통적 분류학을 옹호하는 입장에서 수리분류학의 원리에 대해 신랄한 비판을 가하였으며, Funk and Brooks(1981)는 수리분류학적 접근이 자연분류군을 분류하는데 전혀 도움이 없었다고까지 비판하였다. 그러나 수리분류학에 대해 신랄하게 비판을 가했던 Mayr 조차도 현재는 다음과 같이 그의 의견을 말하고 있다. “최근 표현론적, 분지론적, 진화론적 분류 중 어떤 방법론이 가장 생물분류학에 적합한가에 대한 논쟁이 고조되고 있다. 분류란 여러 단계의 과정에 의해 이루어지므로 위의 세 방법의 가장 적절한 부분들이 각 단계에서 사용되어야 한다. 이러한 종합적인 접근에 의해서만이 좀더 일반성에

부합되고 정보 저장이나 계통의 재정립 기준에 부합되는 분류가 수립될 수 있다(Mayr, 1981).” 이와같이 현재의 분류학은 분지론에 있어서도 수리분류학적 방법론을 도입하여 사용하는 등 각 분류방법에 대한 적절한 사용이 많이 이루어지고 있다.

Moss and Webster(1969)는 선충류의 stronglylates 중 일부 종들을 대상으로 수리분류학적 연구를 하여 명확한 분류적 해결점을 제시하였다. 이와 같이 선충류나 곤충류 등과 같은 경우에 있어서는 각질 구조에 의한 외골격이 형성되어 있기 때문에 형태학적 형질의 측정 및 선택에 있어서 커다란 문제점이 없으나, 흡충류의 경우에 있어서는 몸이 유조직으로 구성되어 있기 때문에 형태학적 형질의 선택 및 측정에 있어서 세심한 주의가 요구되며, 또한 이러한 단점을 보완하기 위한 생태학적, 생리학적, 면역학적 방법 등 다양한 연구에 의한 자료들을 수리적 분석에 함께 사용하는 것이 더욱 확실한 분류 체계를 세우는 길일 것으로 사료된다.

감사의 글

귀중한 표본을 제공하여 주신 서울대학교 의과대학 기생충학교실 채종일 교수님께 깊은 감사를 드립니다.

참 고 문 헌

- Africa, C.M., de Leon, W. and Garcia, E.Y. (1940) Visceral complications in intestinal heterophyidiasis of man. *Acta Medica Philippina*, (Monogr. Ser.) No. 1:1-132.
- Asada, J. (1934) On the *Metagonimus* and its related species. *Clin. Med.*, 22(2):43-56 (in Japanese).
- Cartell, L.S. and Harman, A.J. (1966) The scree test for the number of factors. *Multiv. Behav. Res.* 1:245-276.
- Chai, J.Y., Seo, B.S. and Lee, S.H. (1984) Studies on intestinal trematodes in Korea XI. Two cases of human infection by *Heterophyes heterophyes nocens*. *Korean J. Parasit.*, 22(1):37-42.
- Chai, J.Y., Hong, S.J., Shon, W.M., Lee, S.H. and Seo, B.S. (1985) Further cases of human *Heterophyes heterophyes nocens* infection in Korea. *Seoul J. Med.*, 26(2):197-200.
- Chai, J.Y., Seo, B.S., Lee, S.H., Hong, S.J. and Sohn, W.M. (1986) Human infections by *Heterophyes heterophyes* and *H. dispar* imported from Saudi Arabia. *Korean J. Parasit.*, 24(1):82-88.
- Chai, J.Y., Hong, S.J., Lee, S.H. and Seo, B.S. (1988) *Stictodora* sp. (Trematoda: Heterophyidae) recovered from a man in Korea. *Korean J. Parasit.*, 26(2):127-132.

- 채종일 · 국진아 · 유재란 · 허 선 · 손운목 · 홍성태 · 이순형 (1990) 우리나라 몇개 지역에 유행하고 있는 *Metagonimus* spp.의 분류학적 검토. 대한기생충학 잡지 초록집, p.11.
- Chitwood, M.B. (1957) Intraspecific variation in parasitic nematodes. *Syst. Zool.*, 6:19-23.
- Dawes, B. (1956) The Trematoda. Cambridge at the university press, p644.
- Faust, E.C. and Nishigori, M. (1926) The life cycles of two new species of Heterophyidae, parasitic in mammals and birds. *J. Parasitol.* 13(2):91-130.
- Flake, R.H. and Turner, B.L. (1968) Numerical classification for taxonomic problems. *J. Theoret. Biol.*, 20:260-270.
- Funk, V.A. and Brooks, D.R. (1981) Theory and application of cladistic and methodology. *Syst. Zool.*, 30:491-498.
- Hong, S.J., Seo, B.S., Lee, S.H. and Chai, J.Y. (1988) A human case of *Centrocestus armatus* infection in Korea. *Korean J. Parasit.*, 26(1):55-60.
- Hong, S.T., Chai, J.Y. and Lee, S.H. (1986) Ten human cases of *Fibricola seoulensis* infection and mixed one with *Stellantchasmus* and *Metagonimus*. *Korean J. Parasit.*, 24(1):94-96.
- Ito, J. (1964) *Metagonimus* and other human heterophyid trematodes. *Progress of Med. Parasit. in Japan*, 1:317-393.
- 김기영 · 전명식 (1989a) SAS군집분석. 자유 아카데미, p68.
- 김기영 · 전명식 (1989b) SAS인자분석, 자유 아카데미, p121.
- Mayr, E. (1969) Principles of Systematic Zoology. McGraw-Hill, New York, p428.
- Mayr, E. (1981) Biological classification: Toward a synthesis of opposing methodologies. *Science*, 214: 510-516.
- Moss, W.W. and W.A. Webster (1969) A numerical taxonomic study of a group of selected strongylates (Nematoda) *Syst. Zool.*, 18:423-443.
- Onji, Y. and Nishio, T. (1916) On the trematodes whose intermediate host is brackish water fish. *Chiba Igaku Semmon Gakko Zasshi*, 81 & 82:229-249.
- Saito, S. (1984) Comparison of two types of *Metagonimus yokogawai* from *Plecoglossus altivelis* and *Metagonimus takahashii*. *Jpn. J. Parasitol.*, Vol. 33, abstract p.9.
- Seo, B.S., Hong, S.T. and Chai, J.Y. (1981) Studies on intestinal trematodes in Korea III. Natural human infections of *Pygidiopsis summa* and *Heterophyes heterophyes nocens*. *Seoul J. Med.*, 22(2): 228-235.
- Seo, B.S., Lee, S.H., Chai, J.Y. and Hong, S.J. (1984a) Studies on intestinal trematodes in Korea XII. Two cases of human infection by *Stellantchasmus falcatus*. *Korean J. Parasit.*, 22(1):43-50.
- Seo, B.S., Lee S.H., Chai J.Y. and Hong S.J. (1984b) Studies on intestinal trematodes in Korea XIII. Two cases of natural human infection by *Heterophyopsis continua* and the status of metacercarial infection in brackish water fishes. *Korean J. Parasit.*, 22(1):51-60.
- Skrjabin, K.I. (1952) Trematodes of animals and man. Moskva, 6:223-506.
- Sneath, P.H.A. and Sokal, R.R. (1973) Numerical Taxonomy. W.H. Freeman and Company, San Francisco, p573.
- Sokal, R.R. and Sneath, P.H.A. (1963) Principles of numerical taxonomy. W.H. Freeman, San Francisco and London, p359.
- Thomson, G.H. (1951) The factorial analysis of human ability (5th ed.). New York, Houghton Mifflin.
- Yamaguti, S. (1958) Systema Helminthum. Vol. 1. The digenetic trematodes of vertebrates. Part I. Interscience Publishers, New York, p979.

=Abstract=

A numerical taxonomic study on heterophyid trematodes

Ki-Hong Kim, Young-Mo Yoon, Joon-Sang Lee and Han-Jong Rim
*Department of Parasitology and Institute for Tropical Endemic Diseases,
College of Medicine, Korea University, Seoul 136-701, Korea*

A numerical taxonomy was studied on a group of heterophyid trematodes and analysis was made on the following species: *Metagonimus yokogawai* (3 OTU, Operational Taxonomic Unit), *Metagonimus* Miyata Type (3 OTU), *Metagonimus takahashii* (2 OTU), *Heterophyes dispar* (2 OTU), *Heterophyes heterophyes* (1 OTU), *Heterophyes nocens* (2 OTU), *Heterophyopsis continua* (1 OTU), *Pygidiopsis summa* (3 OTU), *Stellantchasmus falcatus* (2 OTU) and *Stictodora lari* (2 OTU). Twenty-six morphological characters were measured and their values were expressed as relative ratios. Similarity and correlation matrix among each individuals were calculated. Clustering analysis by Ward's method and factor analysis were performed using the SAS (Statistical Analysis System) package.

As a results, the groups belonging to the genus of *Metagonimus* were divided into three phenons (*Metagonimus yokogawai*, *Metagonimus* Miyata Type, *M. takahashii*), and *Metagonimus* Miyata Type was classified as the level of subspecies of *M. takahashii*. The groups belonging to the genus *Heterophyes* were clearly divided into three phenons (*Heterophyes dispar*, *H. heterophyes*, *H. nocens*), and *H. nocens* was classified as not a subspecies level of *H. heterophyes* but a distinct species. Other species were classified as distinct phenons. From these results, the application of numerical taxonomy on trematode classification is considered to be a great aid to determine the limit of taxa.

[Korean J. Parasit., 29(1):55-65, March 1991]