

피라미속(잉어목, 잉어과) 어류의 계통분류학적 연구 I. 유전적 변이

민미숙 · 양서영

인하대학교 이과대학 생물학과

일차 담수어류의 잉어과(Cyprinidae)에 속하는 *Zacco*속 어류 4종과 이와 근연관계가 가까운 *Candidia*속 어류 1종에 대한 유전적 변이를 조사하기 위하여, 한국, 일본 및 대만에서 채집된 개체를 대상으로 전기영동을 실시하여 24-28개의 유전자를 검출 분석하였다.

각 종의 유전적 변이 정도를 조사한 결과 *Zacco platypus*는 전 집단 평균 $\bar{A} = 1.22$, $\bar{P} = 17.52\%$, $H_D = 0.053$ 및 $\bar{H}_G = 0.056$ 으로서 조사한 전종중에서 그 변이가 가장 높았다. *Z. pachycephalus*의 유전적 변이 정도는 $\bar{A} = 1.17$, $\bar{P} = 14.8\%$, $H_D = 0.026$, $\bar{H}_G = 0.027$ 로서 *Z. platypus*보다 변이 정도가 낮았고, *Z. temmincki*와 *Candidia barbata*는 각기 $\bar{A} = 1.07$, $\bar{P} = 7.95\%$, $H_D = 0.011$, $\bar{H}_G = 0.013$ 및 $\bar{A} = 1.05$, $\bar{P} = 3.70\%$, $H_D = 0.013$, $\bar{H}_G = 0.011$ 로서 변이 정도가 가장 낮았다. *Z. platypus*의 경우 한국집단이 변이가 가장 높았으며 대만집단이 가장 낮았다. *Zacco*속과 *Candidia*속 어류의 평균 유전적 변이정도는 타어류의 유전적 변이보다 낮았으며 이는 한국산 담수어류중 잉어과 어류의 일반적인 특징이라 사료된다.

KEY WORDS: Genic variation, Electrophoresis, *Zacco*, *Candidia*, Cyprinidae

생물군의 자연집단내 또는 종내에서 유지되어 온 다양한 유전적 변이의 축적과 종분화 과정에 관여하는 유전적 기작을 밝히는 방법에는 전기영동을 이용한 동위효소의 분석, 염색체 분석을 통한 세포유전학적 연구, DNA 분석 및 기타 생화학적인 방법에 의한 분자수준에서의 연구방법이 수행되어지고 있다(Morescalchi, 1973; White, 1973; Ayala, 1976; Yang and Patton, 1981; Avise and Lansman, 1983; Brown, 1983; Yang and Park, 1988; Park, 1990). 특히 전기영동법을 이용한 동위효소 및 단백질의 분석은 보다 효과적으로 많은 유전자를 검출할 수 있는 장점이 있어 자연집단의 유전적 변이 정도를 추정하는데 널리 이용되고 있으며(Lewontin and Hubby, 1966; Harris, 1967; Selander and Yang, 1969; Ayala, 1982) 유사종간의 근연관계, 종간의 유전적 차이, 종의 분류 및 계통진화 연구에도 이용되고 있다(Avise,

1974, 1976; Rholf and Wooten, 1988; Kim and Burgman, 1988; Dowling and Brown, 1989).

담수어류중 잉어목(Cypriniformes), 잉어과(Cyprinidae)의 피라미아과(Danioninae)에 속하는 *Zacco*속 어류는 중국, 대만, 일본 및 한반도에 분포하는 소형 담수어류로서 제 4 기 어류이다. 한국산 *Zacco*속 어류는 *Z. platypus*(피라미), *Z. temmincki*(갈겨니)의 2종이 보고 되어 있었고(Chyung, 1977), 이들 *Zacco*속 어류에 대한 연구는 Yang 등(1984)이 피라미아과 4종에 대한 유전적 변이 및 근연관계를 밝힌 바 있다. 그후 Yang과 Min(1987)은 *Z. temmincki*에 대한 동위효소(isozyme) 분석과 형태분석 및 인공교배 실험을 통하여 과거에 1종으로 분류된 *Z. temmincki*를 형태적으로 매우 유사하여 형태적 구별은 어려우나 유전적으로 뚜렷히 다르며 생식적 격리가 형성된 2 사매종임을 보고한 바 있으며, Lee 등(1986), Lee와 Lee(1988)는 *Z. temmincki* 2종(A-type, B-type)에 대한 핵형을 분석한 결과 이들 2 type 간에 차이가 있음을 보고하였다.

본 연구는 피라미속(genus *Zacco*) 어류의 분포

본 연구는 1985-1988년도 문교부 기초과학 육성연구비 지원에 의한 것임.

지역 중에서 한국, 일본, 대만에 서식하는 피라미
 속 어류 4종(*Zacco platypus*, *Z. temmincki* A-type,
 B-type, *Z. pachycephalus*)과 피라미속과 유사한
*Candidia*속의 *C. barbata*를 대상으로 전기영동법을
 이용, 이들의 유전적 변이를 조사하였다.

재료 및 방법

1) 채집

*Zacco*속과 *Candidia*속 어류의 분포지역인 한국,
 일본, 대만 지역에서 총 28개 집단 416개체를 채
 집하여 전기영동 시료로 사용하였다(Table 1).

Table 1. Collecting localities, date, and number of the genera *Zacco* and *Candidia*.

Collection locality	No. of specimens	Collection date
<i>Z. temmincki</i> (Japan)		
1. Yono: Yono-stream, Fishio, Ikeda-city	25	June 22, 1990
2. Sasayama: Sasayama-stream, Kodanaka, Sasayama-cho, Taki-gun	25	June 23, 1990
3. Arima: Arima-stream, Hyogo-ken	25	June 23, 1990
4. Hikami: Gago-stream, Isaguchi, Hikami-cho, Hikami-gun	10	June 23, 1990
<i>Z. temmincki</i> B-type (Korea)		
5. Yangpyong: Chongun-myon, Yangpyong-gun, Kangwon-do	7	May 3, 1989
6. Inje: Kirin-myon, Inje-gun, Kangwon-do	10	Sep. 21, 1988
7. Yanggu: Pangsang-myon, Yanggu-gun, Kangwon-do	10	Apr. 5, 1988
8. Yongchon: Pungan-myon, Yongchon-gun, Kyongsangnam-do	12	July 18, 1988
9. Namhae: Namhae-up, Namhae-gun, Kyongsangnam-do	10	Apr. 30, 1989
<i>Z. temmincki</i> A-type (Korea)		
10. Yongchon: Pungan-myon, Yongchon-gun, Kyongsangbuk-do	5	July 18, 1988
11. Namhae: Namhae-up, Namhae-gun, Kyongsangnam-do	10	Apr. 30, 1989
<i>Z. platypus</i> (Japan)		
12. Yono: Yono-stream, Fishio, Ikeda-city	25	June 22, 1990
13. Yora: Yora-stream, Ichiema-cho	14	June 23, 1990
14. Sasayama: Sasayama-stream, Kodanaka, Sasayama-cho, Taki-gun	15	June 23, 1990
15. Hikami: Gago-stream, Isaguchi, Hikami-cho, Hikami-gun	6	June 23, 1990
<i>Z. platypus</i> (Korea)		
16. Kapyong: Puk-myon, Kapyong-gun, Kyonggi-do	20	Sep. 14, 1988
17. Yangpyong: Chongun-myon, Yangpyong-gun, Kyonggi-do	20	May 3, 1989
18. Kangnung: Kangnung-shi, Kangwon-do	20	Apr. 2, 1989
19. Yangyang: Yangyang-up, Yangyang-gun, Kangwon-do	20	May 2, 1989
20. Yongchon: Pungan-myon, Yongchon-gun, Kyongsangbuk-do	9	July 18, 1988
<i>Z. platypus</i> (Taiwan)		
21. Pinglin: Beishih-stream, Pingling town, Taipei-county	22	Feb. 22, 1990
22. Dahu: Dahu-stream, Pinlin village, Dahu town, Miaoli-county	13	Feb. 21, 1990
23. Rayfong: Keelung-river, Rayfong town	1	Feb. 19, 1990
<i>Z. pachycephalus</i> (Taiwan)		
24. Rayfong: Keelung-river, Rayfong town	6	Feb. 19, 1990
25. Dahu: Dahu-stream, Pinlin village, Dahu town, Miaoli-county	25	Feb. 21, 1990
26. Shihlin: Weishuan-stream, Shihlin-district, Taipei-city	25	Feb. 20, 1990
<i>C. barbata</i> (Taiwan)		
27. Dahu: Dahu-stream, Pinlin village, Dahu town, Miaoli-county	19	Feb. 21, 1990
28. Cholan: Jenshan-stream, Cholan town, Taichunh-county	7	Feb. 21, 1990

2) 전기영동

채집된 개체는 채집 즉시 Dry icet (-70°C)에 급냉동시켜 실험실로 운반한 후 개체별로 60 mm 이상의 어체는 체측에서 약 0.5 g 정도의 근육을 적출하고, 체장이 60 mm 이하의 어체는 두부, 배장 및 외피를 제거한 후 전체근육을 취하여 4°C 에서 glass homogenizer(Braun Co.)로 미세한 후 Sorvall RC-5B 원심분리기(Rotor SS 34)를 이용 4°C 에서 18,000 rpm(39,000 g)으로 30분간 저온 원심분리한 후 침출액을 전기영동 시료로 사용하였다. 근육을 적출한 후 어체는 10% formalin 용액으로 고정한 후 70% alcohol 용액에 넣어 인하태학교 생물학과 표본실에 보관하였다.

전기영동은 Selander 등(1971) 및 Yang과 Min(1987)의 방법에 따라 horizontal starch gel electrophoresis를 실시하였고 이때 starch는 Connaught starch(425-1)를 이용하여 12%의 gel을 만들어 사용하였다.

전기영동 후 얻어진 각 효소 및 단백질의 전기영동상 band pattern을 이용하여 각 개체의 유전자형(genotype)을 확인하고 Biosys program(Swofford and Selander, 1981)과 MV 10,000 computer를 이용하여 각 종 및 집단의 유전자 빈도(allele frequency), 유전자당 평균 대립형자수(A), 다형성 빈도(% polymorphism, P) 및 직접 관찰된 이형접합자 빈도(H_D)와 유전자 빈도에 의한 이형접합자 기대치 빈도(H_C)를 구하여 집단 및 종간의 유전적 변이를 조사하였다.

결 과

전기영동을 실시한 결과, 한국산 *Zacco*속 어류의 경우 총 14종류의 효소 및 비효소단백질에서 24개의 유전자를 검출하였으며 일본의 *Zacco*속 어류와 대만지역의 *Zacco*속과 *Candidia*속 어류에서는 총 15개 종류의 효소 및 비효소단백질에서 27개의 유전자를 검출하였고 각 유전자에 대한 유전자 빈도를 구한 결과는 Table 2와 같다.

전체 28개 유전자 중 *Ldh-2*, *Gp-3*는 전 집단이 동일한 유전자로 변이가 없었다.

1) *Zacco temmincki*

일본의 *Z. temmincki* 4개 집단과 한국의 *Z. temmincki* A-type 2개 집단, B-type 5개 집단의 경우 *Idh*, *Pgm*, *Ldh-2*, *6Pgd*, *Mc-1*, *Got-1*, *Pept-3*, *Gp-3*, *Gp-4* 등 9개 유전자는 집단간 변이가 없이 monomorphic하였다.

*Z. temmincki*의 일본집단을 한국의 A-type과 유사하였으며 *Mdh-2*와 *Fum*에서 동일한 형질을 공유하였으나 B-type과는 원천에 따른 유전자로서 뚜렷한 차이를 보였다.

일본 *Z. temmincki* 4개 집단의 경우 전체 27개 유전자 중 *Aco*, *Mdh-1*, *Ldh-1*, *Pgi-1*, *Pgi-2* 등 5개 유전자(19%)에서 변이를 나타내고 나머지 유전자는 monomorphic하였다. 4개 집단 중 Arima 집단은 *Aco* 1개의 유전자에서만 변이를 나타내었다.

한국 *Z. temmincki* B-type은 양평, 남해 집단이 변이가 전혀 없었고 전체 24개 유전자 중 α *Gpd*, *Mdh-1*, *Mdh-2*, *Mdh-3*, *Mpi*, *Pept-2*, *Pgi-2* 등 7개 유전자(30%)에서 약간의 변이($< 10\%$)를 나타내었다. 한국산 *Z. temmincki* A-type의 경우 남해 집단은 *Got-2*에서만, 영진 집단은 *Pgi-2*에서만 변이를 나타내었으며 *Pept-2*와 *Pgi-1*의 유전인자는 남해와 영진 집단간에 원천에 따른 대립형자로 차이를 보였다.

한국, 일본지역 *Z. temmincki*의 집단간 유전적 변이 정도를 비교한 결과는 Table 3과 같다.

Table 3에 저와 같이 일본 집단의 경우 변이가 가장 낮은 집단은 Sasayama 집단으로 $H_D = 0.006$, $H_C = 0.006$, $P = 11.1\%$ 였으며, Hikami 집단이 4개 집단중 변이가 가장 높았다($H_D = 0.022$, $H_C = 0.026$, $P = 7.4\%$). 전체 일본 *Z. temmincki* 4개 집단의 평균 유전적 변이 정도는 $\overline{H_D} = 0.016$, $\overline{H_C} = 0.016$, $P = 8.3\%$ 로 나타났다.

한국지역 *Z. temmincki* B-type의 경우 양평과 남해 집단이 변이가 전혀 없었으며 양평 집단은 $H_D = 0.021$, $H_C = 0.028$, $P = 20.8\%$ 로 변이가 가장 높은 것으로 나타났다. *Z. temmincki* B-type 5개 집단의 평균 유전적 변이는 $\overline{H_D} = 0.010$, $\overline{H_C} = 0.010$, $P = 13.9\%$ 였으며 *Z. temmincki* A-type의 2개 집단의 평균 유전적 변이는 $\overline{H_D} = 0.006$, $\overline{H_C} = 0.014$, $P = 6.3\%$ 였다.

Table 3. Genic variation of the genera *Zacco* and *Candidia*.

	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>Z. temmincki</i> (Japan)					
1. Yono	25	1.1	11.1	0.021	0.019
2. Sasayama	25	1.1	11.1	0.006	0.006
3. Arima	25	1.0	3.7	0.015	0.012
4. Hikami	10	1.1	7.4	0.022	0.026
<i>Z. temmincki</i> B-type (Korea)					
5. Yangpyong	7	1.0	0.0	0.000	0.000
6. Inje	10	1.0	4.2	0.004	0.004
7. Yanggu	10	1.2	20.8	0.021	0.028
8. Yongchon	12	1.2	16.7	0.017	0.017
9. Namhae	10	1.0	0.0	0.000	0.000
<i>Z. temmincki</i> A-type (Korea)					
10. Yongchon	5	1.1	8.3	0.008	0.023
11. Namhae	10	1.0	4.2	0.004	0.004
<i>Z. platypus</i> (Japan)					
12. Yono	25	1.1	11.1	0.044	0.041
13. Yora	14	1.2	11.1	0.056	0.056
14. Sasayama	15	1.3	25.9	0.059	0.068
15. Hikami	6	1.2	11.1	0.062	0.053
<i>Z. platypus</i> (Korea)					
16. Kapyong	20	1.3	29.2	0.046	0.057
17. Yangpyong	20	1.4	29.2	0.071	0.083
18. Kangnung	20	1.2	16.7	0.077	0.068
19. Yangyang	20	1.3	25.0	0.075	0.083
20. Yongchon	9	1.3	25.0	0.088	0.086
<i>Z. platypus</i> (Taiwan)					
21. Pinglin	22	1.3	18.5	0.015	0.024
33. Dahu	13	1.0	3.7	0.011	0.019
23. Rayfong	1	1.0	3.7	0.037	0.037
<i>Z. pachycephalus</i> (Taiwan)					
24. Rayfong	6	1.1	11.1	0.031	0.035
25. Dahu	25	1.2	14.8	0.007	0.007
26. Shihlin	25	1.2	18.5	0.040	0.040
<i>C. barbata</i> (Taiwan)					
27. Dahu	19	1.1	3.7	0.010	0.009
28. Cholan	7	1.0	3.7	0.016	0.013

2) *Zacco platypus*

*Z. platypus*의 경우 Table 2에서와 같이 α Gpd, Mdh-3, Ldh-1, Ldh-2, Me-1, Gp-3 등 6개의 유전자는 전 집단에서 변이가 없었고 동일한 유전자였다.

일본지역 *Z. platypus* 4개 집단의 경우 전체 27개 유전자중 Mdh-2, Fum, Got-2, Pept-1, Pept-2,

Pgi-1, Est-1 등 7개 유전자(26%)에서 변이가 있었고 나머지 20개 유전자는 변이가 없었으며 전 집단이 동일한 대립인자였다. 변이를 나타낸 유전자 중 Pept-2와 Pgi-1의 2개 유전자는 4개 집단 모두에서 변이를 나타내었다. Idh, Pgm에서는 일본 집단과 한국집단이 공통 동일한 대립인자였으나 대만지역 *Z. platypus*와는 서로 다른 대립인자로

뚜렷한 지리적 차이를 나타내었다. *Mpi-2*, *Pept-3*, *Pgi-1*, *Est-1*에서도 대만집단과는 서로 다른 대립인자로 차이를 보였으며, *Pept-1*도 일본 Sasayama집단을 제외하고는 유전자의 차이를 나타내었다.

대만집단의 경우는 전체 27개 유전자중 *Aco*, *Mdh-1*, *Mpi*, *Fum*, *Pgi-2* 등 5개 유전자(19%)에서만 변이를 나타내었으며 나머지 유전자는 변이가 없었다. 대만집단은 *Idh*, *Pgm*, *Pgi-1*의 3개 유전자가 일본과 한국의 *Z. platypus* 집단과는 뚜렷히 다른 대립인자로 차이가 있었으며, *Pgm'*, *Aco'*, *Mdh-1'* 인자는 대만지역 *Z. platypus* 집단 특유의 대립인자였다.

한국 5개 집단의 경우 전체 24개 유전자 중 *Mpi-1*, *6Pgd*, *Got-1*, *Got-2*, *Pept-2*, *Pept-3*, *Pgi-1*, *Pgi-2* 등 8개 유전자(33%)에서 변이를 나타내었고 변이를 나타낸 유전자 중 *6Pgd*, *Pept-3*, *Pgi-1*은 5개 전 집단에서 변이를 나타내었다. 영천 집단의 *Gp-4*는 *Gp-4^b*인자로서 다집단과 뚜렷한 차이를 보였고 *Z. temmincki*의 *Gp-4^b*인자와 동일하였으며, *Got-2*, *Pept-3*, *Pgi-1*에서도 다 집단과는 빈도상의 차이가 있었다. 영천집단과 타집단간에 뚜렷한 유전적 차이를 나타내는 *Gp-4* 유전자에 대한 분석을 한국 *Z. platypus* 28개 집단을 대상으로 조사한 결과 전체 28개 집단 중 영천을 비롯한 경상도 일원 지역의 15개 집단이 *Gp-4^b*인자로 나타나 지역적인 특성을 보였다(Min and Yang, 1991).

Z. platypus 집단의 유전적 변이 정도는 Table 3에서와 같이 일본의 경우 Hikami집단이 $H_D = 0.062$, $H_G = 0.053$, $P = 11.1\%$ 로 가장 변이가 높았으며 Sasayama집단은 Hikami집단과 이형접합자 빈도 값은 유사하나 % polymorphism이 약 2배 이상 높은 것으로 나타나 다형형 유전자의 빈도가 Hikami집단에 비해 높은 것으로 나타났다. 일본 *Z. platypus* 4개 집단의 평균 유전적 변이 정도는 $\overline{H_D} = 0.055$, $\overline{H_G} = 0.055$, $\overline{P} = 14.8\%$ 였다.

한국 *Z. platypus* 집단의 경우 영천집단이 변이가 제일 높았으며($H_D = 0.088$, $H_G = 0.086$, $P = 25.0\%$) 전체 5개 집단의 평균 유전적 변이는 $\overline{H_D} = 0.071$, $\overline{H_G} = 0.075$, $\overline{P} = 25.0\%$ 로 조사 대상

중 중 가장 변이가 높았다.

대만집단은 Dahu집단이 변이가 제일 낮았으며($H_D = 0.011$, $H_G = 0.019$, $P = 3.7\%$), 한국, 일본지역 *Z. platypus* 집단들보다 평균 유전적 변이 정도가 낮았다($\overline{H_D} = 0.021$, $\overline{H_G} = 0.027$, $\overline{P} = 8.6\%$).

3) *Zacco pachycephalus*

대만에서 채집된 *Z. pachycephalus*의 경우 전체 27개 유전자 중 *Aco*, α *Gpd*, *Mpi-1*, *6Pgd*, *Me-1*, *Pgi-1*, *Pgi-2*, *Est-1* 등 8개 유전자(30%)에서 변이를 나타내었고 나머지 19개 유전자는 집단간 동일한 대립인자로 monomorphic하였다(Table 2).

*Pgi-2*에서는 3개 집단 모두가 변이를 나타내었다. *Mdh-3*, *Got-3*, *Pept-1*, *Est-1*, *Est-3*은 *Z. pachycephalus* 종 특유의 인자였으며 변이를 나타낸 *Est-1'*, *Me-1'*, *6Pgd'*인자 역시 종 특유의 인자였다.

*6Pgd*의 경우 Dahu집단은 *6Pgd^b*인자로 변이가 없는 반면, Rayfong집단과 Shih-lin집단은 *6Pgd'*인자의 빈도가 매우 높아 Dahu집단과는 뚜렷한 빈도 차이를 보였다.

*Z. pachycephalus*의 변이 정도는 Dahu집단이 $H_D = 0.007$, $H_G = 0.007$, $P = 14.8\%$ 로 가장 낮았으며, Shih-lin집단은 Dahu집단에 비해 약 6배 가량의 높은 변이($H_D = 0.040$, $H_G = 0.040$, $P = 18.5\%$)를 나타냈다.

Z. pachycephalus 3개 집단의 평균 유전적 변이는 $\overline{H_D} = 0.026$, $\overline{H_G} = 0.027$, $\overline{P} = 3.7\%$ 였다.

4) *Candidia barbata*

피라미아과(Danioninae)에 속하는 *Candidia*속의 *C. barbata* 2개 집단의 경우는 전체 27개 유전자 중 Dahu집단은 *Mpi-1*에서, Cho-lan집단은 *Pgi-1* 유전자에서만 변이를 나타내고 나머지 25개 유전자(93%)는 변이가 전혀 없었다.

Idh, *Mpi-2*, *Got-2*는 *C. barbata* 종 특유의 유전자였으며 *Aco*, *Pgm*, α *Gpd*, *Got-1*, *Got-3*, *Est-3* 등 6개 유전자는 *Z. temmincki* 집단들과 동일한 유전자였다(Table 2).

C. barbata 2개 집단의 평균 유전적 변이는 $\overline{H_D} = 0.013$, $\overline{H_G} = 0.011$, $\overline{P} = 3.7\%$ 였다.

고찰

Yang 등(1984)과 Yang과 Min(1989c)은 *Zacco*속 어류가 포함되어 있는 한국산 피라미아과 어류의 유전적 변이 정도는 타 어류군에 비하여 낮다고 보고한 바 있다. 또한 *Zacco temminckii*의 자매종인 A-type과 B-type에 대한 유전자 분석 결과(Yang and Min, 1987)에서도 2% 이하의 유전적 변이를 갖는 것으로 보고하였다.

본 연구에서 한국, 일본, 대만지역의 *Zacco*속 어류와 *Candidia*속 어류의 유전적 변이 정도를 조사한 결과(Table 3), 한국산 *Z. platypus* 5개 집단의 평균 유전적 변이는 $\overline{H_D} = 0.071$, $\overline{H_G} = 0.075$, $\overline{P} = 25\%$ 로서 일본지역 *Z. platypus* 집단($\overline{H_D} = 0.055$, $\overline{H_G} = 0.055$, $\overline{P} = 14.8\%$)보다 약간 높았으나 타어류의 평균 유전적 변이와 유사한 값이었다(Selander, 1976). 그러나 대만의 서부 수계에 주로 분포하는 *Z. platypus*는 한국, 일본 *Z. platypus*보다 유전적 변이가 약 3배 정도로 낮은 값이었다. 전체 *Z. platypus* 12개 집단의 평균 유전적 변이는 $\overline{H_D} = 0.053$, $\overline{H_G} = 0.053$ 으로 Avise(1977)가 보고한 69종의 잉어과 어류들의 평균 유전적 변이 값과 유사한 값이었다.

한국과 일본에만 분포하는 *Z. temminckii* 2종의 평균 유전적 변이 정도는 $\overline{H} = 2\%$ 이하의 매우 낮은 유전적 변이를 나타내었으며 대만의 *Z. pachycephalus*의 평균 유전적 변이도 $\overline{H_D} = 0.026$, $\overline{H_G} = 0.027$ 로 타 어류군의 평균 유전적 변이보다 낮았다. 전체 *Zacco*속 어류의 평균 유전적 변이는 $\overline{H_D} = 0.032$, $\overline{H_G} = 0.034$ 로 Yang과 Min(1989a)이 조사한 한국 및 일본산 *Moroco*속 어류에 대한 유전적 변이 정도와 유사하였으나 한국산 *Cobitis*속 어류(Park, 1988)와 타 어류의 평균 유전적 변이 보다는 낮은 값이었다(Avise and Selander, 1972; Avise and Smith, 1974; Both and Burr, 1978; Yang and Son, 1986). 또한 대만에 분포하는 상류성 담수어류인 *C. barbata*의 경우도 유전적 변이 정도가 낮게 나타나 *Aphyocypris chinensis*(외물개)를 제외한 피라미아과 어류의 일반적인 특성을 나타내었다(Yang and Min, 1989c).

생물군의 종류에 따라 유전적 변이 정도에 차이가 있고 동일 종내에서도 집단에 따라 차이가 생기는 원인과 이 같은 유전적 변이의 보유기구에 대한 설명에는 크게 두가지 가설이 대두되어 논쟁의 대상이 되고 있다. 첫째 중립설을 주장하는 학자(neutralist)들은 전기영동에서 얻어지는 단백질 다형현상은 적응적으로 중립이며 단지 유전적 부동(genetic drift)과 이동에 의해 나타난 현상으로 설명하고 있다(Kimura, 1968; King and Jukes, 1969; Solue, 1976). 물론 자연선택의 영향을 전적으로 부정하는 것은 아니며 단지 거의 새로운 돌연변이는 유해한 것으로 자연 집단내에서는 이미 자연선택에 의해 제거되고 현재 다형현상으로 유지되는 변이들은 생물체에 전혀 혹은 거의 유해한 영향을 주지 않는 것으로 본다. 한편 자연선택론자(selectionist)들은 이 같은 자연집단내의 다형현상이 자연선택에 의해 안정된 평형상태로 유지되고 있다고 보며, 잡종강세(heterosis) 또는 평형선택(balanced selection) 등으로 그 보유기구를 설명하고 있다(Powell, 1971; Johnson, 1976; Anderson, 1981; Hoffmann, 1981; Nevo, 1983).

본 실험 결과로는 중립설 또는 선택설 어느 것도 지지 또는 반박할 수 없으나 유전적 변이 양상으로 미루어 두가지 설이 모두 적용된다고 본다. 즉 *Z. temminckii*의 *Mdh-2*의 경우는 온도에 따라 자연선택이 작용한다고 볼 수 있고(Yang and Min, 1989b) 그 밖의 많은 유전자(예: *Est*, *6Pgd*, *Mpi* 등)에서는 자연선택과는 무관하고 집단의 크기, 서식공간의 크기, 생태적 안정성 등의 요인이 유전적 변이와 밀접한 상관관계에 있다고 사료된다.

한국산 *Z. platypus* 집단의 경우 거의 모든 수계에 서식하고 있어 분포 범위가 매우 넓고, *Zacco*속의 타 종들 보다 하류성 어류로서 집단이 매우 크고 안정되어 있어 병목현상(bottlenecking) 등에 의한 영향이 거의 없다고 볼 수 있으며, 또한 번식력이 강하여 타 종들에 비하여 유전적 변이 정도가 높다고 여겨진다. 동해안 수계에 분포하는 강릉, 양양집단은 이식 집단으로 알려져 있으며(Kim *et al.*, 1985), 이식 집단의 경우 founder effect에 의하여 변이 정도가 낮은 것이 일반적인

Table 4. Genetic variations of the genera *Zacco* and *Candidia* compared with other Korean fresh water fishes.

	No. of pop.	No. of loci	% poly-morphism	Heterozygosity	Reference
<i>Acheilognathus</i>					
<i>A. intermedia</i>	2	20	17.5	0.023	Yang (1983)
<i>A. yamatsutae</i>	3	20	32.0	0.039	"
<i>A. rhombea</i>	2	20	7.5	0.017	"
<i>A. signifer</i>	3	20	15.3	0.019	"
<i>Rhodeus</i>					
<i>R. suigensis</i>	3	20	11.3	0.012	"
<i>R. uyekii</i>	3	20	19.3	0.018	"
<i>Cobitis</i>					
<i>C. koreensis koreensis</i>	5	21	41.0	0.058	Yang <i>et al.</i> (1989)
<i>C. choii</i>	1	20	25.0	0.058	Park (1988)
<i>C. granoiei</i>	1	20	30.0	0.073	"
<i>C. longicarpus</i>	14	19	31.3	0.075	"
<i>C. rotundicaudata</i>	5	21	37.1	0.139	"
<i>C. sinensis</i>	7	26	26.4	0.055	"
<i>C. taenia striata</i>	6	26	32.1	0.073	"
<i>C. t. lutheri</i>	5	26	30.8	0.067	"
<i>Nemacheilus toni</i>	6	27	19.7	0.055	Yang <i>et al.</i> (1991)
<i>Lefua costata</i>	5	27	25.1	0.068	"
<i>Niwaella multifasciata</i>	5	27	31.4	0.096	"
<i>Liobagrus</i>					
<i>L. andersoni</i>	3	29	21.3	0.068	Yang & Son (1986)
<i>L. mediaposalis</i>	4	29	11.0	0.041	"
<i>Moroco</i>					
<i>M. semotilus</i>	1	19	3.8	0.038	Yang & Min (1989a)
<i>M. lagowskii</i>	4	18	6.0	0.008	Min & Yang (1986)
<i>M. oxycephalus</i>	7	18	15.0	0.032	"
<i>M. keumkang</i>	10	24	15.0	0.018	Suh & Yang (1989)
<i>Aphyocypris chinensis</i>	5	24	32.5	0.100	Yang & Min (1989b)
<i>Opsarichthys bidens</i>	5	24	4.2	0.008	"
<i>Zacco</i>					
<i>Z. temmincki</i> A-type (Korea)	2	24	6.3	0.006	Present study
<i>Z. temmincki</i> B-type (Korea)	5	24	8.3	0.008	"
<i>Z. temmincki</i> (Japan)	4	27	8.3	0.016	"
<i>Z. platypus</i>	12	24	17.5	0.053	"
<i>Z. pachycephalus</i>	3	27	14.8	0.026	"
<i>Candidia barbata</i>	2	27	3.7	0.013	"

현상이나 이 두 이식 집단의 유전적 변이가 *Z. platypus* 전 집단의 유전적 변이의 평균값 이상을 나타내는 것으로 보아 이들 집단은 여러번의 반복 이식이 되었거나 여러지역으로부터 이식, 이주하

여 현재의 유전적 변이 정도를 보유하고 있는 것으로 사료된다.

대만산 *Z. platypus*와 *Z. pachycephalus*는 하류성 어류로 집단의 크기는 큰 편이나 생태적 서식공간

Table 5. Levels of genic variation in vertebrate populations.

Taxa	No. of species	Mean No. of loci per species	Polymorphic per pop.	Mean heterozygosity	Reference
Fish	8	8	0.46	0.17	Selander (1976)
<i>Rhinichthys cataractae</i>	1	21	0.15	0.05	Merritt <i>et al.</i> (1978)
<i>Pleuronectes platessa</i>	1	46	0.48	0.12	Ward & Beardmore (1977)
<i>Zoarces viviparus</i>	1	32	0.28	0.09	Frydenberg & Simonsen (1973)
<i>Lepomis macrochirus</i>	1	15	0.12	0.03	White (1978)
<i>Astyanax mexicanus</i>	1	19	0.29	0.09	Avise & Selander (1972)
<i>Campostoma anomalum</i>	1	17	—	0.06	Zimmerman <i>et al.</i> (1980)
Amphibians	11	22	0.34	0.08	Selander (1976)
<i>Bufo americanus</i>	1	14	0.26	0.12	Guttman (1975)
<i>Bufo viridis</i>	1	26	0.47	0.14	Nevo (1976)
<i>Hyla arborea</i>	1	27	0.43	0.07	"
<i>Hyla japonica</i>	1	24	0.45	0.10	Yang & Park (1988)
<i>Hyla suweonensis</i>	1	24	0.22	0.03	"
<i>Rana ridibunda</i>	1	27	0.38	0.07	Nevo (1976)
<i>Pelobates syriacus</i>	1	32	0.09	0.02	"
<i>Hynobius leechii</i>	1	23	0.27	0.06	Yang <i>et al.</i> (1982)
Reptiles	9	21	0.23	0.05	Selander (1976)
<i>Agkistrodon blomhoffii breviceaudus</i>	1	19	0.42	0.10	Paik & Yang (1989)
<i>Agkistrodon ussuriensis</i>	1	19	0.32	0.12	"
<i>Rhabdophis tigrina</i>	2	23	0.23	0.04	Paik & Yang (1986)
Birds	4	19	0.14	0.04	"
<i>Coturnix coturnix</i>	1	28	0.57	0.17	Baker & Manwell (1975)
<i>Coturnix pectoralis</i>	1	36	0.19	0.04	"
<i>Phasianus colchicus</i>	1	31	0.32	0.09	Lucotte (1977)
<i>Parus major</i>	2	20	0.22	0.03	Kim <i>et al.</i> (1986)
<i>Parus m. minor</i>	1	21	0.21	0.06	Park <i>et al.</i> (1990)
<i>Parus varius varius</i>	1	21	0.21	0.02	"
<i>Parus palustris hellmayri</i>	1	21	0.19	0.01	"
Mammals					
Rodents	26	26	0.20	0.05	Selander (1976)
<i>Rattus norvegicus</i> (wild)	1	25	0.32	0.09	Eriksson <i>et al.</i> (1976)
<i>Thomomys bottae</i>	1	23	0.33	0.09	Patton & Yang (1977)
<i>Rhinolophus ferrumequinum</i>	2	26	0.13	0.02	Shim <i>et al.</i> (1990)
<i>Homo sapiens</i>	1	71	0.28	0.07	Harris & Hopkinson (1972)

이 협소하고 건기(Dry season)에 수량의 감소 등으로 집단의 병목현상이 반복되어 유전적 변이가 낮다고 추측된다. 한편 수계의 상류성으로 산간 계곡에 분포하는 *Z. temmincki* 2종과(Chyung, 1977; Yang and Min, 1987) 이와 유사한 환경 조건에 분포하는 *C. barbata*의 경우(Tzeng, 1986) 이 종들은 공히 서식 공간이 협소하고 생태적 환경조건이 불안정하여 심한 병목현상과 유전적 부동(genetic drift) 현상이 일어나 유전적 변이의

축적기회가 적어 유전적 변이 정도가 낮은 것으로 사료된다(Soule, 1976). 전체 조사된 종은 한국산 담수어류의 평균 유전적 변이 보다도 낮은 것으로 나타났으며(Table 4), 척추동물군에 비하여도 매우 낮은 값이었다(Table 5). *Zacco*속이 속해 있는 잉어과 어류의 평균 유전적 변이 정도는 한국산 담수어류의 타과의 유전적 변이보다 낮은 것이 일반적인 특징이라고 사료된다.

인용문헌

- Anderson, P. R., 1981. Geographic clines and climatic associations of Adh and α -Gpd gene frequencies in *Drosophila melanogaster*. In: Genetic Studies of *Drosophila* Populations (Gibson, J. B. and J. G. Oakeshott, eds.). Australian National University Press, pp. 237-250.
- Avise, J. C., 1974. Systematic value of electrophoretic data. *Syst. Zool.* **23**: 465-481.
- 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., 1977. Genic heterozygosity and rate of speciation. *Paleontology* **3**: 422-432.
- Avise, J. C., and R. A. Lansman, 1983. Polymorphism of Mitochondrial DNA in Populations of Higher Animals. In: Evolution of Genes and Proteins, (Nei, M. and R. K. Koehn, eds.). Sinauer Associate, Sunderland, Massachusetts, pp. 147-164.
- Avise, J. C. and R. K. Selander, 1972. Evolutionary genetics of cavedwelling fishes of the genus *Astyanax*. *Evolution* **26**: 1-19.
- 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.
- Ayala, F. J., 1976. Molecular Genetics and Evolution. In: Molecular Evolution (Ayala F. J., ed.). Sinauer Assoc. Inc., Sunderland Massachusetts, pp. 1-20.
- Ayala, F. J., 1982. The Genetic Structure of Species. In: Perspectives on Evolution (Milkman, R., ed.). Sinauer Assoc. Inc., Sunderland, Massachusetts, pp. 60-82.
- Baker, C. M. A. and C. Manwell, 1975. Molecular biology of avian proteins XII. Protein polymorphisms in the Stubble Quail *Coturnix pectoralis* and a brief note on the induction of egg white protein synthesis in wild birds by hormones. *Com. Biochem. Physiol.* **50B**: 471-477.
- Brown, W. M., 1983. Evolution of Animal Mitochondrial DNA. In: Evolution of Genes and Proteins, (Nei, M. and R. K. Koehn, eds.), Sinauer Assoc. Inc., Sunderland, Massachusetts, pp. 62-88.
- Buth, D. G. and B. M. Burr, 1978. Isozyme variability in the cyprinid genus *Campostoma*. *Copeia* **1978**: 298-331.
- Chyung, M. K., 1977. The Fishes of Korea. Il-Ji Sa, Seoul, pp. 187-189.
- Dowling, T. E. and W. M. Brown, 1989. Allozymes, mitochondrial DNA, and levels of phylogenetic resolution among four minnow species (*Notropis*: Cyprinidae). *Syst. Zool.* **38**: 126-143.
- Eriksson, K., O. Halkka, J. Lokki, and A. Saura, 1976. Enzyme polymorphism in feral, outbred and inbred rats (*Rattus norvegicus*). *Heredity, Lond.* **37**: 341-349.
- Frydenberg, O. and V. Simonsen, 1973. Genetics of zoarcid populations V. Amount of protein polymorphism and degree of genic heterozygosity. *Hereditas* **75**: 221-232.
- Guttman, S. I., 1975. Genetic Variation in the Genus *Bufo* II. Isozymes in Northern Allopatric Populations of the American Toad *Bufo americanus*. In: Isozymes Vol. IV, (Markert, C. L., ed.). Academic Press, London.
- Harris, H., 1967. Enzyme Variation in Man: Some General Aspects. In: Proceedings of the Third International Congress of Human Genetics, (Crow, J. F. and J. V. Neel, eds.). Johns Hopkins Press, Baltimore, pp. 207-214.
- Harris, H. and D. A. Hopkinson, 1972. Average heterozygosity per locus in man: An estimate based on incidence of enzyme polymorphism. *Ann. Hum. Genet.* **36**: 9-20.
- Hoffmann, R. J., 1981. Evolutionary genetics of *Metridium senile* II. Geographic patterns of allozyme variation. *Biochem. Genet.* **19**: 145-154.
- Johnson, G. B., 1976. Genetic Polymorphism and Enzyme Function. In: Molecular Evolution (Ayala, F. J., ed.). Sinauer Assoc. Inc., Sunderland, Massachusetts, pp. 46-59.
- 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, J. and M. A. Burgman, 1988. Accuracy of phylogenetic estimation methods under unequal evolutionary rates. *Evolution* **42**: 596-602.
- Kim, S. W., J. H. Shim, and S. Y. Yang, 1986. Taxonomic study on the subspecies of two Passerine birds in Korea. *Bull. Inst. Basic Sci., Inha Univ.*, **7**: 123-131.
- Kimura, M., 1968. Evolutionary rate at the molecular level. *Nature* **217**: 624-626.
- King, J. L. and T. H. Jukes, 1969. Non-Darwinian evolution. *Science* **164**: 788-798.
- Lee, H. Y., J. W. Cho, and S. Y. Yang, 1986. Evolutionary study on the Dark Chub (*Zacco temminckii*). II. Chromosome analysis of two types of Mdh. *Korean J. Zool.* **29**: 208-214.
- Lee, H. Y. and H. S. Lee, 1988. Evolutionary study on the Dark Chub (*Zacco temminckii*). V. Geographical variation on the karyotypes between two allelotypes. *Korean J. Genet.* **10**: 93-99.
- Lewontin, R. C. and J. L. Hubby, 1966. A molecular approach to the study of genic heterozygosity in natural populations. II. Amount of variation and degree of heterozygosity in natural populations of *Drosophila*

- pseudoobscura*. *Genetics* **54**: 595-609.
- Lucotte, G., 1977. Le Polymorphisme Biochimique et les Facteurs de son Maintien, Masson, Paris.
- Merritt, R. B., F. J. Rogers, and B. J. Kurz, 1978. Genic variability in the Longnose Dace *Rhinichthys cataractae*. *Evolution* **32**: 116-124.
- Min, M. S. and S. Y. Yang, 1986. Classification, distribution and geographic variation of two species of the genus *Moroco* in Korea. *Korean J. Syst. Zool.* **2**: 63-78.
- Min, M. S. and S. Y. Yang, 1991. Systematic study on the genus *Zacco* (Pisces, Cyprinidae) II. Phylogenetic relationships of the genera *Zacco* and *Candidia*. *Korean J. Zool.* **34**: 111-120.
- Morescalchi, A., 1973. Amphibia, In: Cytotaxonomy and Vertebrate Evolution (A. A. Chiarelli and E. Capana, eds.). Academic Press, London. pp. 233-248.
- Nevo, E., 1976. Adaptive Strategies of Genetic Systems in Constant and Varying Environments, In: Population Genetics and Ecology (Karlin, S. and E. Nevo, eds.), Academic Press, London.
- Nevo, E., 1983. Adaptive Significance of Protein Variation, In: Protein Polymorphism: Adaptive and Taxonomic Significance (Oxford, G. S. and D. Rollinson, eds.). Academic Press, New York, pp. 239-282.
- Paik, N. K. and S. Y. Yang, 1986. Taxonomic study on two subspecies of European Grass Snake (*Rhabdophis tigrina*) in Korea. *Korean J. Syst. Zool.* **2**: 79-92.
- Paik, N. K. and S. Y. Yang, 1989. Geographic variation and interspecific hybridization between two species of the genus *Agkistrodon* (Crotalidae) in Korea. *Korean J. Syst. Zool.* **5**: 77-88.
- Park, B. S., 1988. Systematic study on the genus *Cobitis* in Korea. Ph.D. Dissertation. Inha University.
- Park, B. S., J. B. Hyun, and S. Y. Yang, 1990. Systematic and evolutionary study on the genus *Parus* (Passeriformes: Paridae) in Korea. *Korean J. Syst. Zool.* **6**: 17-28.
- Park, C. S., 1990. Genetic studies on the Korean anurans (Amphibia, Anura): Chromosome and mitochondrial DNA analysis. Ph.D. Dissertation, Inha University.
- Patton, J. L. and S. Y. Yang, 1977. Genetic variation in *Thomomys bottae* Pocket Gophers: Macrogeographic patterns. *Evolution* **31**: 697-720.
- Powell, J. R., 1971. Genetic polymorphisms in varied environments. *Science* **174**: 1035-1036.
- Rholf, F. J. and M. C. Wooten, 1988. Evolution of the restricted maximum-likelihood method for estimating phylogenetic trees using simulated allele-frequency data. *Evolution* **42**: 581-595.
- Selander, R. K., 1976. Genic Variation in Natural Populations, In: Molecular Evolution (Ayala, F. J. ed.). Sinauer Assoc. Inc., Sunderland, Massachusetts, pp. 21-45.
- Selander, R. K. and S. Y. Yang, 1969. Protein polymorphism and genic heterozygosity in a wild population of the house mouse (*Mus musculus*). *Genetics* **63**: 653-667.
- Selander, R. K., M. H. Smith, S. Y. Yang, W. E. Johnson, and B. Gentry, 1971. Biochemical polymorphism and systematics in the genus *Peromyscus*. I: Variation in the old-field mouse (*Peromyscus polionotus*). *Studies in Genetics VI., Univ., Texas Publ.* **7103**: 49-90.
- Shim, J. H., N. K. Paik, and S. Y. Yang, 1990. A systematic study on the two subspecies of the Horseshoes bat (*Rhinolophus ferrumequinum*) in Korea. *Bull. Inst. Basic Sci., Inha Univ.* **11**: 131-142.
- Soule, M., 1976. Allozyme Variation: Its Determinants in Space and Time, In: Molecular Evolution (Ayala, F. J. ed.). Sinauer Assoc. Inc., Sunderland, Massachusetts, pp. 60-70.
- Suh, J. H. and S. Y. Yang, 1989. Studies on the geographic variation and speciation of *Moroco* sp. *Bull. Inst. Basic Sci., Inha Univ.* **10**: 183-192.
- Swofford, D. L. and R. B. Selander, 1981. BIOSYS-1: FORTRAN program for the comprehensive analysis of electrophoretic data in population genetics. *J. Heredity* **72**: 281-283.
- Tzeng, C. S., 1986. Distribution of the freshwater fishes of Taiwan. *J. Taiwan Museum* **39**: 127-146.
- Ward, R. O. and J. A. Beardmore, 1977. Protein variation in the Plaice *Pleuronectes platessa* L., *Genet. Res. Camb.* **30**: 45-62.
- White, M. J. D., 1973. Animal Cytology and Evolution. Cambridge University press, London.
- White, M. J. D., 1978. Mode of Speciation. W. H. Freeman & Co., San Francisco.
- Yang, S. Y., 1983. Genic variation in natural populations of the subfamily Acheilognathinae (Cyprinidae) in Korea. *Ann. Rep. Biol. Res., Jeonbug Nat'l. Univ.* **4**: 11-19.
- Yang, S. Y. and B. S. Park, 1988. Speciation of the two species of the genus *Hyla* (Anura) in Korea. *Korean J. Zool.* **31**: 11-20.
- Yang, S. Y. and J. L. Patton, 1981. Genic variability and differentiation in the Galapagos finches. *Auk* **98**: 230-242.
- 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, 1989a. Genic variation and speciation of fishes of the genus *Moroco* (Cyprinidae). *Korean J. Zool.* **32**: 75-83.
- Yang, S. Y. and M. S. Min, 1989b. Evolutionary study on the Dark Chub (*Zacco temmincki*) I. Geographic distribution and seasonal variation of two allelomorphs of MDH. *Korean J. Zool.* **32**: 232-241.

- Yang, S. Y. and M. S. Min, 1989c. Evolutionary study on the Dark Chub (*Zacco temmincki*) IX. Phylogeny of the subfamily Danioninae (Pisces, Cyprinidae). *Korean J. Zool.* **32**: 393-403.
- 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.
- Yang, S. Y., Y. J. Kim, and H. J. Son, 1982. Genic variation in natural populations of Korean salamander (*Hynobius leechii*). *Bull. Inst. Basic Sci., Inha Univ.* **3**: 135-139.
- 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., S. R. Jeon, I. Y. Choo, and J. H. Kim, 1984. Genetic variation and systematics in the subfamily Danioninae (Fishes). *Bull. Inst. Basic Sci., Inha Univ.* **5**: 111-118.
- Yang, S. Y., H. Y. Lee, H. J. Yang, and J. H. Kim, 1991. Systematic study on the family Cobitidae (Pisces, Cypriniformes) I. Geographic variation of *Nemacheilus toni*, *Lefua costata* and *Niwaella multifasciata*. *Korean J. Zool.* **34**: 110-122.
- Zimmerman, E. G., R. L. Merritt, and M. C. Wooten, 1980. Genic variation and ecology of stoneroller minnows. *Biochem. Syst. Ecol.* **8**: 447-453.

(Accepted June 1, 1991)

Systematic Study on the Genus *Zacco* (Pisces, Cyprinidae) I. Genic Variation

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

A survey of electrophoretic variation in isozymes and general proteins encoded by 24-28 loci was conducted to estimate genic variation of four species of the genus *Zacco* and one species of *Candidia* (Pisces, Cyprinidae) from Korea, Japan and Taiwan. The average degree of genic variation of *Z. platypus* ($\bar{A} = 1.22$, $\bar{P} = 17.52\%$, $\bar{H}_D = 0.053$, $\bar{H}_G = 0.056$) was higher than other species examined, and the values of genic variation of *Z. temmincki* and *Candidia barbata* were the lowest ($\bar{A} = 1.07$, $\bar{P} = 7.95\%$, $\bar{H}_D = 0.011$, $\bar{H}_G = 0.012$, and $\bar{A} = 1.05$, $\bar{P} = 3.70\%$, $\bar{H}_D = 0.013$, $\bar{H}_G = 0.011$, respectively). The average degree of genic variation of the genera *Zacco* and *Candidia* ($\bar{A} = 1.14$, $\bar{P} = 12.48\%$, $\bar{H}_D = 0.031$, $\bar{H}_G = 0.033$) was far less than that of the freshwater fishes in general and it seems likely to be characteristic of the Family Cyprinidae species in Korea.