

# 한국산 *Cobitis*속 어류(Pisces: Cobitidae)의 계통분류학적 연구 III. 새코미꾸리(*Cobitis rotundicaudata*)의 지리적 변이

박병상 · 양서영

인하대학교 생물학과

한국특산종인 *Cobitis rotundicaudata*의 지리적 변이를 전국 5개 집단 132개체를 대상으로 조사하였다. 4개 집단의 계측형질로 본 다변량분석 결과 산청집단은 타 집단과 형태적 차이가 있었다 전기영동으로 조사된 5개 집단의 평균 유전적 변이 정도는  $A=1.48$ ,  $P=37.1\%$ ,  $H_D=0.139$ , 및  $H_G=0.124$ 로 변이 정도가 타 어류에 비하여 비교적 높았다. 5개 집단의 평균 유전적 근연치(S)는 0.83으로 낮았으나 산청집단을 제외한 4개 집단의 근연치는 0.91로 매우 가까웠다. 반면 산청집단은 나머지 집단과 형태적으로나 유전적으로 유의한 차이가 나타나는 것으로 보아 산청집단의 별종 가능성이 매우 높음을 시사한다. 앞으로 보다 면밀한 연구로 산청집단의 별종 여부를 명백히 구명하여야 할 것이다.

**KEY WORDS:** *Cobitis rotundicaudata*, Geographic variation, Morphometric, Electrophoresis

분류학적으로 많은 논란이 있는 한국산 기름종개속(genus *Cobitis*) 어류의 계통분류 및 종분화를 구명하기 위하여 참종개(*C. koreensis*, Yang *et al.*, 1989) 및 왕종개(*C. longicarpus*, Park *et al.*, 1991)의 지리적 변이 및 분류의 연구를 실시한 바 있다. 본 연구는 Wakiya와 Mori(1929)에 의하여 한국 특산종으로 기재된 *C. rotundicaudata*(새코미꾸리)의 지리적 변이를 조사하고자 한다. Uchida(1939)와 Chyung(1977)은 한강, 낙동강, 및 금강 수계에 본종이 제한적으로 분포한다고 보고하였으나 추후의 분포조사에서는 금강 수계의 분포를 확인하지 못한 반면 삼척군 일대의 분포를 보고한 바 있다(Kim, 1979; Jeon, 1983). 본 연구는 서식 분포가 밝혀진 *C. rotundicaudata*의 지리적 변이를 외부계측형질에 의한 형태변이 및 전기영동에

의한 유전적 분석으로 조사하였다.

## 재료 및 방법

실험 재료는 북한강 및 남한강 수계에서 3집단, 낙동강 수계에서 1집단 및 삼척군에서 1집단 총 5개 집단에서, 형태측정용으로 4개 집단 52개체, 전기영동용으로 80개체 총 132개체를 1986년 7월 18일부터 1986년 9월 11일까지 채집하여 사용하였다(Table 1, Fig. 1).

채집 방법, 계측형질 측정 및 분석, 전기영동 및 유전자 분석은 Yang 등(1989)의 방법에 따랐으며 전기영동 조건은 Table 2와 같다.

## 결과 및 고찰

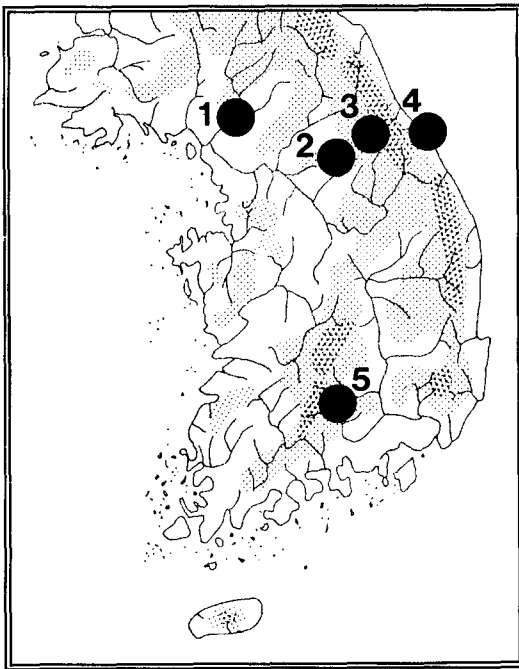
### 형태적 변이

총 21개 계측형질을 4개 집단별로 조사한 결

본 연구는 한국과학재단의 연구비 지원(1984-1987)에 의한 것임.

**Table 1.** Collection localities, date, and number of specimens of *C. rotundicaudata* for morphometric and electrophoretic analysis.

Collection locality	Collection date	Morphology	Electrophoresis
1. Chunsong: Anbo-ri, So-myon, Chungsong-gun, Kangwon-do	July 18, 1986	11	20
2. Pyongchang: Kanpyong-ri, Chinbu-myon, Pyongchang-gun, Kangwon-do	Sep.11, 1986	9	20
3. Chongsong: Togu-ri, Tong-myon, Chongsong-gun, Kangwon-do	Sep.10, 1986		3
4. Samchog: Taepyong-ri, Kundog-myon, Samchog-gun, Kangwon-do	Aug.20, 1986	13	20
5. Sanchong: Oso-ri, Saengcho-myon, Sanchong-gun, Kyongsangnam-do	July 25, 1986	19	17
total		52	80



**Fig. 1.** Map of the collection localities of *C. rotundicaudata*. 1: Chunsong, 2: Pyongchang, 3: Chongsong, 4: Samchog, 5: Sanchong.

과(Table 3) HL/SL, PV/SL, BD/SL, HD/SL, CpD/SL, HD/HL, 및 CpD/CpL의 7개 형질(33%)은 집단에 따라 차이가 있었다. 즉, 평균 및 1차 표준편차값에서 아종 수준 이상의 형태적 차이가 나타났다(Mayr, 1969). HL/SL은 평창집단과 삼척집단간에, PV/SL에서는 춘성집단이 나머지 집단과 차이

가 있는 것으로 나타났다. 반면 산청집단은 5개 형질에서 타 집단과 유의한 차이가 있어 BD/SL과 CpD/SL에서는 춘성 및 평창집단과, HD/SL과 HD/HL에서는 평창집단과 유의한 차이가 있었으며, CpD/CpL은 산청집단이 나머지 3개 집단과 다르게 나타났다. 상기의 7개 형질 이외의 나머지 형질에서는 집단간 유의한 차이를 발견할 수 없었다. 이와 같은 21개 계측형질의 결과를 다변량 형태분석인 discriminant function 분석(Sneath and Sokal, 1973)으로 조사하였다(Table 4). 이 결과 산출된 3개의 canonical discriminant functions 중 변이정도가 큰 function 1 (eigenvalue: 6.6263%, % of variation: 71.36)과 function 2 (eigenvalue: 1.9468, % of variation: 20.97)를 이용하여 평면좌표상에 4개 집단 52개체를 표시하였다(Fig. 2). 산청집단은 4개 집단에서 비교적 뚜렷하게 구별된 반면 나머지 3개 집단은 중복되어 나타났다. 그러나 그 중복 정도는 비교적 적었다(Yang *et al.*, 1989; Park *et al.*, 1991). 이는 *C. rotundicaudata*의 환경에 대한 적응범위가 상대적으로 좁기 때문으로(Kim, 1979) 사료된다.

#### 유전적 변이

전기영동의 결과 12개 효소 및 비효소 단백질에서 21개 유전자를 검출하여 각각의 유전자 대립인자빈도를 구한 결과(Table 5) *Mdh-2*, *Est-2*, *Idh*, *Ldh-2*, *Gp-1*, *Gp-2*, 및 *Gp-*

**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. 8	$\alpha$ glycerophosphate dehydrogenase ( <i><math>\alpha</math>Gpd</i> )	100 V/3 hrs
	1.1.1.27	lactate dehydrogenase ( <i>Ldh-1, 2</i> )	
	1.1.1.37	malate dehydrogenase ( <i>Mdh-1, 2</i> )	
	1.1.1.42	isocitrate dehydrogenase ( <i>Idh</i> )	
	2.7.5. 1	phosphoglucumutase ( <i>Pgm</i> )	
	5.3.1. 8	mannose phospho isomerase ( <i>Mpi</i> )	
Discontinuous tris citrate (poulik, pH: 8.2)	1.9.3. 1	indophenol oxidase ( <i>Ipo</i> )	250 V/3 hrs
	5.3.1. 9	phosphoglucose isomerase ( <i>Pgi-1, 2</i> )	
Lithium hydroxide (LiOH, pH: 8.1)	2.6.1. 1	glutamate oxaloacetate transaminase ( <i>Got-1, 2</i> )	250 V/3 hrs
		esterase ( <i>Est-1, 2, 3</i> )	
		general protein ( <i>Gp-1, 2, 3</i> )	
Tris maleic EDTA	1.1.1.44	6 phosphoglucuronate dehydrogenase ( <i>6Pgd-1, 2</i> )	100 V/4 hrs

\*E.C. No.: enzyme commission number.

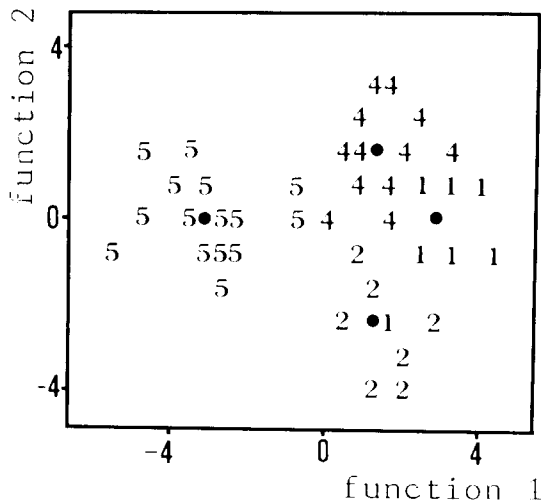
**Table 3.** Body proportions of *C. rotundicaudata*. Values represent the mean  $\pm$  one standard deviation.

Morphometric character	Chunsong (N = 11)	Pyongchang (N = 9)	Samchog (N = 13)	Sanchong (N = 19)
HL/SL	19.03 $\pm$ 0.99	17.68 $\pm$ 0.56	20.30 $\pm$ 1.18	19.21 $\pm$ 0.92
OD/SL	53.67 $\pm$ 1.75	53.99 $\pm$ 1.60	53.97 $\pm$ 2.89	53.12 $\pm$ 1.83
OV/SL	54.13 $\pm$ 1.40	54.04 $\pm$ 1.44	54.69 $\pm$ 4.13	52.39 $\pm$ 2.14
OA/SL	80.63 $\pm$ 2.81	77.32 $\pm$ 2.07	70.52 $\pm$ 5.76	77.61 $\pm$ 2.85
PV/SL	43.18 $\pm$ 0.70	35.74 $\pm$ 2.07	35.52 $\pm$ 2.95	32.42 $\pm$ 2.86
ED/SL	2.83 $\pm$ 0.27	2.63 $\pm$ 0.25	2.89 $\pm$ 0.27	2.83 $\pm$ 0.25
BD/SL	10.57 $\pm$ 0.70	10.77 $\pm$ 0.71	12.18 $\pm$ 2.04	14.16 $\pm$ 1.17
HD/SL	7.24 $\pm$ 0.82	6.15 $\pm$ 0.67	7.43 $\pm$ 1.48	8.50 $\pm$ 0.98
CpD/SL	8.27 $\pm$ 0.89	8.27 $\pm$ 0.61	8.94 $\pm$ 0.92	10.26 $\pm$ 1.33
CpL/SL	20.18 $\pm$ 0.84	19.27 $\pm$ 1.01	19.12 $\pm$ 1.68	18.61 $\pm$ 2.64
SnL/SL	5.38 $\pm$ 0.41	5.31 $\pm$ 0.70	5.61 $\pm$ 0.60	5.69 $\pm$ 0.37
HD/HL	39.01 $\pm$ 3.57	34.49 $\pm$ 3.44	36.66 $\pm$ 7.64	44.17 $\pm$ 4.27
SnL/HL	28.48 $\pm$ 1.98	30.04 $\pm$ 3.90	27.64 $\pm$ 2.64	29.54 $\pm$ 1.74
ED/HL	0.45 $\pm$ 0.29	0.60 $\pm$ 0.24	0.41 $\pm$ 0.31	0.47 $\pm$ 0.30
IOL/HL	9.16 $\pm$ 1.46	10.16 $\pm$ 1.31	9.19 $\pm$ 1.00	10.22 $\pm$ 1.58
OD/OA	66.44 $\pm$ 1.96	69.62 $\pm$ 2.76	67.98 $\pm$ 2.86	68.98 $\pm$ 4.20
OV/OA	67.04 $\pm$ 2.28	69.92 $\pm$ 2.00	68.84 $\pm$ 3.65	67.56 $\pm$ 3.10
PV/OA	42.34 $\pm$ 1.64	46.24 $\pm$ 2.61	44.80 $\pm$ 4.17	41.80 $\pm$ 3.66
CpL/OA	25.00 $\pm$ 1.19	24.93 $\pm$ 1.31	24.10 $\pm$ 2.10	24.51 $\pm$ 2.89
HD/BD	68.52 $\pm$ 5.98	56.81 $\pm$ 7.21	63.74 $\pm$ 14.03	60.03 $\pm$ 6.33
CpD/CpL	41.00 $\pm$ 4.32	42.98 $\pm$ 3.43	46.82 $\pm$ 3.82	54.17 $\pm$ 5.58

HL: head length, SL: standard length, OD: length of origin of dorsal fin, OV: length of origin of ventral fin, OA: length of origin of anal fin, PV: length from origin of pectoral fin to origin of ventral fin, ED: eye diameter, BD: body depth, HD: head depth, CpD: caudal peduncle depth, CpL: caudal peduncle length, SnL: snout length, IOL: inter orbital length.

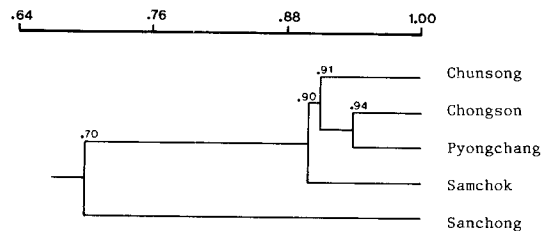
**Table 4.** Standardized canonical discriminant function coefficients among 4 populations of the *C. rotundicaudata* on morphological variables.

	func. 1	func. 2	func. 3
HL/SL	2.51112	1.15113	0.64449
OD/SL	0.20765	-0.16075	0.25625
OV/SL	9.39518	-1.65269	2.90200
OA/SL	-5.20727	-0.15328	-1.72069
PV/SL	-3.54005	3.61223	1.83383
ED/SL	-0.20498	0.40887	0.16129
BD/SL	-0.26426	0.63021	-0.71818
HD/SL	-1.54835	-1.92459	-0.69767
CpD/SL	-3.03221	-2.06491	-5.48424
CpL/SL	0.80559	-0.34054	-0.32705
SnL/SL	-3.78682	0.84691	-1.02481
HD/HL	0.50300	1.06318	1.27204
SnL/HL	3.10215	-0.77546	0.73131
ED/HL	0.24547	-0.16042	-0.21458
IOL/HL	-0.41307	0.05150	-0.04459
OD/OA	0.05469	-0.00343	-0.23627
OV/OA	-7.43325	0.83957	-2.73083
PV/OA	3.87853	-3.53762	-2.68314
CpL/OA	2.63456	1.33459	5.46533
HD/BD	1.11042	0.91554	-0.33574
CpD/CpL	2.18691	1.58475	4.74436
eigenvalue	6.6263	1.9468	0.7120
% of variance	71.36	20.97	7.67



**Fig. 2.** Projections of 52 individuals among 4 populations of *C. rotundicaudata* based on discriminant function analysis in first and second discriminant functions. 1: Chunson, 2: Pyongchang, 4: Samchok, 5: Sanchong, dot: population centroids

3의 7개 유전자(33%)는 5개 집단 공히 하나의 대립인자만으로 나타나 변이가 없었으며 *Pgm*, *Pgi-2*, *Got-2*, *Mpi*, 및 *aGpd*의 5개 유전자(24%)는 변이가 적어 5개 집단 공히 빈도 90% 이상의 공통대립인자를 공유하였다. 반면 *6Pgd-1*, *6Pgd-2*, 및 *Pgi-1* 유전자(14%)는 많은 변이를 보였다.



**Fig. 3.** Dendrogram of 5 populations of *C. rotundicaudata* based on Rogers (1972) genetic similarity coefficients (S).

**Table 5.** Allele frequencies obtained from 5 populations of *C. rotundicaudata*.

Locus	Allele	Population					Locus	Allele	Population				
		1	2	3	4	5			1	2	3	4	5
6Pgd-1	a	0.08			0.05		Pgi-1	a				0.13	
	b	0.60	0.58	0.50	0.92	1.00		b	0.27	0.45	0.33	0.47	1.00
	c	0.32	0.23	0.33	0.03			c	0.03				
	d		0.16	0.17				d	0.67	0.55	0.67	0.40	
	e		0.03					e	0.03				
6Pgd-2	a	0.08	0.05	0.17			Pgi-2	a		0.03		0.20	
	b	0.92	0.77	0.50	0.62	1.00		b	1.00	0.94	1.00	0.80	1.00
	c		0.18	0.33	0.38			c		0.03			
Mdh-1	a	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	Got-1	a		0.05	0.17		
	b	0.50	0.50	0.50	0.50			b		0.95	0.83	0.25	1.00
	c					0.50		c	1.00				
d						d					0.75		
Mdh-2	a	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	Got-2	a		0.03			
Ldh-1	a	0.18	0.15			1.00		b	0.03				
	b	0.82	0.85	1.00	1.00			c	0.97	0.97	0.83	1.00	1.00
	d							d			0.17		
Ldh-2	a	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	Mpi	a	0.08	0.13		0.08	0.03
Idh	a	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00		b	0.92	0.87	1.00	0.92	0.88
								c					0.09
Pgm	a	0.03	0.08	0.17			Ipo	a					1.00
	b	0.97	0.92	0.87	1.00	0.94		b	1.00	0.95	1.00	0.92	
	c					0.06		c		0.05		0.08	
Est-1	a	1.00	1.00	1.00	1.00		αGpd	a	1.00	0.95	1.00	1.00	1.00
	b					0.56		b		0.05			
	c					0.44							
Est-2	a	1.00	1.00	1.00	1.00		Gp-1	a	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00
	b					1.00							
Est-3	a	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	Gp-2	a	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00
						Gp-3	a	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	

산청집단은 대립인자 구성에서 타 집단과 현저한 차이를 보였다. 즉 *Est-1*, *Est-2*, 및 *Ipo*의 3개 유전자는 산청집단 특유의 대립인자였으며 *Pgi-1* 및 *Ldh-1* 유전자는 타 집단과 대립인자빈도의 차이가 컸다. 산청집단의 *6Pgd-1*, *6Pgd-2*, 및 *Pgi-1*의 3개 유전자는 빈도가 전혀 없어 타집단과 구별되었다.

집단특유의 대립인자로 *Got-1<sup>c</sup>*가 춘성집단(100%)에서, *Got-1<sup>d</sup>*가 삼척집단(75%)에서, *Mdh-1<sup>c</sup>*가 산청집단(50%)에서만 발견되었으며 *6Pgd-1<sup>a</sup>*, *Pgm<sup>c</sup>*, *Pgi-1<sup>a</sup>*, *Pgi-1<sup>c</sup>*, *Pgi-2<sup>a</sup>*, *Pgi-2<sup>c</sup>*, *Got-2<sup>a</sup>*, *Got-2<sup>d</sup>*, 및 *Mpi<sup>c</sup>*의 경우는 낮은빈도의 집단 특유 대립인자를 볼 수 있었다. 이것으로 볼 때 *C. rotundicaudata*는

집단 간의 개체이동이 거의 없다고 볼 수 있다.

*Mdh-1*은 5개 집단 공히 이형접합자 (heterozygote)로 나타나, 산청집단은 *Mdh-1<sup>a</sup>*와 *Mdh-1<sup>c</sup>*, 나머지 4개 집단은 *Mdh-1<sup>a</sup>*와 *Mdh-1<sup>b</sup>* 대립인자의 이형접합자였다. 이는 *Mdh*의 유전자중복 (gene duplication) 현상으로 담수어류에서 비교적 많이 나타난다. 한국산 잉어과 어류에서도 cytosol *Mdh*의 유전자중복 현상이 보고된 바 있다 (Yang *et al.*, 1984; Min, 1987; Yang and Min, 1987, 1989). *C. rotundicaudata* *Mdh-1*의 유전자중복으로 볼 때 산청집단은 *Est-1*, *Est-2*, *Ipo*, 및 *Mdh-1* 유전자가 나머지 집단과 뚜렷한 차이가 있음을 알 수 있었다 (Table 5).

*C. rotundicaudata* 5개 집단의 유전적 변이 정도는 Table 6과 같다. 산청 집단이  $A=1.2$ ,  $P=57.1\%$ ,  $H_D=0.101$ , 및  $H_G=0.164$ 으로 제일 높았다. 5개 집단 평균 유전적 변이 정도는  $A=1.5$ ,  $P=37.1\%$ ,  $H_D=0.$

139, 및  $H_G=0.124$ 로 유전적 변이 정도가 비교적 높았다 (Yang *et al.*, 1989; Park *et al.*, 1991).

Table 5의 대립인자 빈도를 이용하여 Rogers (1972)의 유전적 근연치 (S)와 Nei (1972)의 유전적 차이치를 구한 결과는 Table 7과 같다. 근연치 (S)의 경우, 평창집단과 정선집단이 0.94로 제일 가까웠으며 산청집단과 정선집단이 0.69로 제일 멀게 나타났다. 5개 집단 평균 근연치는 0.83으로 일반적인 어류의 집단 간 근연치보다 낮았으나 산청집단을 제외한 4개 집단의 평균 유전적 근연치는 0.91로 일반적인 어류의 유전적 근연치와 대체로 유사하였다 (Avisé, 1976; Yang *et al.*, 1989; Park *et al.*, 1991). 산청집단과 나머지 집단은 근연치가 매우 작아 평균 0.70으로 이 값은 일반적인 종내 집단 간 유전적 근연치에 비하여 매우 작은 값으로 나타났다 (Avisé, 1976). 유전적 차이치 (D)의 경우에도 평균 0.

**Table 6.** Genetic variations of 5 populations of *C. rotundicaudata*.

Locality	Mean No. of alleles per locus (A)	% polymorphism per population (P)	Mean heterozygosity per individual	
			(H <sub>D</sub> )	(H <sub>G</sub> )
1. Chunsong	1.5	38.1	0.112	0.105
2. Pyongchang	1.8	57.1	0.165	0.146
3. Chongson	1.4	33.3	0.159	0.171
4. Samcho	1.5	38.1	0.160	0.131
5. Sanchong	1.2	19.0	0.101	0.065
Average	1.5	37.1	0.139	0.124

**Table 7.** Rogers' (1972) genetic similarity coefficients (S, above diagonal) and Nei's (1972) genetic distance coefficients (D, below diagonal) among 5 populations of *C. rotundicaudata*.

Locality	1	2	3	4	5
1. Chunsong		0.92	0.90	0.89	0.69
2. Pyongchang	0.06		0.94	0.91	0.73
3. Chongson	0.06	0.01		0.90	0.69
4. Samchog	0.07	0.04	0.05		0.70
5. Sanchong	0.32	0.25	0.30	0.30	

29로서 이 값은 일반적으로 어류의 종간 차이에 해당한다(Avise, 1976).

이상의 결과로 보아 산청집단은 형태 및 유전적으로 타 집단과 뚜렷하게 구별되며 이 점에 대하여는 앞으로 보다 면밀한 분석을 통하여 별종여부를 구명하여야 할 것이다.

### 인용문헌

- Avise, J.C., 1976. Genetic Differentiation During Speciation, In: Molecular Evolution (Ayala, F.J., ed.), Sinauer Assoc., Sunderland, Massachusetts, pp.106-122.
- Chyung, M.K., 1977. The Fishes of Korea, Il-Chi Publ Co., Seoul.
- Jeon, S.R., 1983. Studies on the distribution and key of Cobitidae Fishes (Cypriniformes) from Korea. *Bull. Sangmyong Women's Univ.* **11**: 289-321. (in Korean)
- Kim, I.S., 1979. Morphological characters of Korea spinous loach, *Cobitis rotundicaudata* (Cobitidae, Cypriniformes). *Bull. Inst. Basic Sci., Jeonbuk Natl. Univ.* **2**: 111-117. (In Korean)
- Mayr, E., 1969. Principles of Systematic Zoology, McGraw-Hill Publ. Co., New Delhi.
- Min, M.S., 1987. A study on speciation of the dark chub (*Zacco temmincki*) in Korea. MS Thesis, Inha Univ. (In Korean)
- Min, M.S. and S.Y. Yang, 1986. Classification, distribution and geographic variation of two species of the genus *Moroco* in Korea. *Kor. J. Syst. Zool.* **2**: 63-78. (Korean)
- Nei, M., 1972. Genetic distance between populations. *Amer. Natural.* **106**: 283-292.
- Rogers, J.S., 1972. Measure of genetic similarity and genetic distance. *Studies in Genetics VII.* Univ. Texas Publ. **7213**: 145-153.
- Park, B.S., J.H. Kim, J.B. Kim, and S.Y. Yang, 1991. Systematic studies of the genus *Cobitis* (Pisces: Cobitidae) in Korea. II. Geographic variation of *Cobitis longicarpus*. *Kor. J. Zool.* **34**: 585-593.
- Sneath, P.H.A. and R.R. Sokal, 1973. Numerical Taxonomy. W.H. Freeman, Co., San Francisco.
- Swofford, D. 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.
- Uchida, K., 1939. The Fishes of Chosen. Fish Res. Inst., Gov. Gen. Chosen, Husan. (In Japanese)
- Wakiya Y. and T. Mori, 1929. On two new species of the genus *Cobitis* from Corea. *J. Chosen Nat. Hist. Soc.* **9**: 31-33.
- 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. and M.S. Min, 1987. Evolutionary study on the dark chub (*Zacco temmincki*). IV. Genetic variation, morphology, and artificial hybridization. *Kor. J. Zool.* **30**: 417-431. (In Korean).
- Yang, S.Y. and M.S. Min, 1989. Evolutionary study on the dark chub (*Zacco temmincki*). I. Geographic distribution and seasonal variation of two allelomorphs of MDH. *Kor. J. Zool.* **32**: 232-241. (In Korean)
- Yang, S.Y., B.S. Park, and J.H. Kim, 1989. Systematic studies of the genus *Cobitis* (Pisces: Cobitidae) in Korea. I. Geographic variation and classification of *Cobitis koreensis*. *Kor. J. Zool.* **32**: 242-251. (In Korean)

(Accepted August 31, 1992)

---

**Systematic Studies of the Genus *Cobitis* in Korea****III. Geographic Variations of *Cobitis rotundicaudata***

Byung Sang Park and Suh Yung Yang (Department of Biology,  
Inha University, Incheon, 402-751, Korea)

Geographic variations of white nose loach, *Cobitis rotundicaudata*, were investigated by means of morphometric and electrophoretic analysis. The degree of genic variation was higher ( $\bar{A}=1.5$ ,  $\bar{P}=37.1\%$ ,  $\bar{H}_D$  0.139, and  $\bar{H}_G=0.129$ ) than that of other cobitid fish in Korea. The average genetic similarity among 5 populations was lower ( $\bar{S}=0.83$ ) but when Sanchong population is excluded, the rest of the populations showed close genetic similarities ( $\bar{S}=0.91$ ). Sanchong population was least similar genetically from all other 4 populations ( $\bar{S}=0.70$ ). Morphometric analysis revealed that Sanchong population was significantly different from other three populations. Morphological as well as genetic differences of Sanchong population is highly suggestive that this population might be a distinct species. Further detailed analysis should be carried out to verify it.