

## 한국산 쏘가리의 기원과 분자계통진화적 위치

김맹진 · 송춘복<sup>1,\*</sup>

국립수산과학원 자원관리과, <sup>1</sup>제주대학교 해양과학대학

**Origin of the Korean Mandarin Fish, *Siniperca scherzeri* and Its Molecular Phylogenetic Relationships to Other *Siniperca* Fishes by Maeng Jin Kim and Choon Bok Song<sup>1,\*</sup>** (National Fisheries Research and Development Institute, Busan 619-902, Korea; <sup>1</sup>College of Ocean Sciences, Jeju National University, Jeju City 690-756, Korea)

**ABSTRACT** To explain the origin of the Korean mandarin fish (*Siniperca scherzeri*), phylogenetic relationships and DNA polymorphism among *Siniperca* fishes have been investigated based on mitochondrial cytochrome *b* DNA sequences. As a result, *S. roulei* were firstly differentiated early in the evolution of *Siniperca* fishes and the other six species (*S. scherzeri*, *S. undulata*, *S. fortis*, *S. obscura*, *S. knerii* and *S. chuatsi*) were evolved slightly later. However, the order of species differentiation among six species was not clear because the nodes of their phylogeny were poorly resolved. The constructed molecular phylogeny revealed three genetically distinct groups of local populations of *S. scherzeri*. The first group (group 1) is the local populations of Korean peninsula and northern China including Liaoning and Henan. The second one (group 2) is the local populations of Anhui, Fujian and Guangxi. The third one (group 3) is the local population of Zhejiang. The number of nucleotide differences in base pairs were 31~43 between group 1 and 2; 37~44 between group 2 and 3; 27~29 between group 1 and 3; and 1~5 within group 1. Thus, the Korean mandarin fish was likely to be originated from the northern China local population which was isolated from the middle or southern China local populations during the Cenozoic Pliocene. Low level of sequence divergence between Korean mandarin fish populations and northern China population indicated a recent expansion of distribution ranges from northern China to Korean peninsula.

**Key words :** Origin, phylogenetic relationships, *Siniperca scherzeri*, cytochrome *b*

### 서 론

쏘가리속(*Siniperca*) 어류는 한국, 중국 및 베트남에 분포하며 9종이 알려져 있다(Zhao *et al.*, 2006). 이들 어류 가운데 쏘가리(*S. scherzeri*)는 우리나라의 서·남해로 흐르는 큰 하천의 자갈이 많은 중류 지역에 주로 서식하는 것으로 알려져 있으며, 중국과 베트남에도 분포한다(Kottelat, 2001; 김 등, 2005). 특히 이 어류는 관상어와 낚시 대상종으로 인기가 매우 높으며 식량자원으로 이용되는 양식대상종이다. 쏘가리는 Steindachner에 의해 중국의 양쯔강 하류(상해)에서 채집되어 처음으로 기재되었으며(Cheng and Zheng, 1987), 우리나라에서는 Jordan and Metz(1913)가 부산근교에서 이

종을 채집하여 보고하였다. 이후에 Tanaka(1925)는 쏘가리와 함께 *S. aequiformis*가 우리나라에 분포하는 것으로 보고하였으나 *S. aequiformis*은 쏘가리의 동종이명으로 인식되었다(이 등, 1997). 그리고 정(1977)은 측선비늘수, 체색 등이 쏘가리와 다른 특징을 갖는다고 하여 황쏘가리(*Siniperca* sp.)를 한국 미기록종으로 보고하였으나 Park and Kang(1981)은 이 어류의 핵형을 분석한 결과, 황쏘가리는 쏘가리의 체색변이라고 보고하였으며, 이 등(1997)도 염색체, 외부형태 및 교배 실험을 통해 쏘가리와 동일종인 것으로 보고하였다.

우리나라는 크고 작은 산맥으로 인해 짧고 좁은 하천들이 많이 형성되어 독특한 지리적 특성을 갖기 때문에 이러한 환경에서 서식하는 담수어류 가운데 이동이 제한적인 어류는 오랜 시간 동안 지리적인 고립에 의해서 지역 개체

\*교신저자: 송춘복 Tel: 82-64-754-3471, Fax: 82-64-756-3493,  
E-mail: cbsong@jejunu.ac.kr

군 사이에 상당한 유전적 차이와 형태적 차이를 나타내는 것으로 보고되고 있다(김 등, 2006). 그러나 최근에 인위적 이주를 통해서 지역적 특성을 나타내는 일차담수어의 유전자 다양성이 감소하거나 잠종 현상이 두드러지게 나타나는 것으로 보고되고(Higuchi and Watanabe, 2005) 있기 때문에 앞으로 이와 관련된 연구가 이루어져야 할 것으로 생각된다. 담수어류 지역 개체군 간의 유전자 다양성에 관한 연구는 초기에는 주로 동위효소(岡崎와 田, 1996)를 이용한 분석 방법이 이용되었으나 최근에는 염기서열 결정이 용이하게 되고 PCR(중합효소연쇄반응)을 이용한 DNA 증폭이 일반화됨에 따라 mitochondrial DNA 유전자 염기서열 자료를 이용한 관련 연구가 수행되고 있다(Johns and Avise, 1998; Chen *et al.*, 2007). 특히 미토콘드리아 DNA 내에 cytochrome *b* 유전자는 보존적인 부분과 반보존적인 영역을 동시에 포함하기 때문에 계통분류학적 연구 및 종 내 유전적 변이에 대한 연구에 이용되고 있다(Takehana *et al.*, 2003). Cytochrome *b* 유전자 염기서열을 이용한 쏘가리속 어류에 관련된 연구는 중국내 6개 지역에 분포하는 쏘가리 개체군 간의 유전자 다양성(Wang *et al.*, 2006)과 쏘가리와 근연종 간의 분자계통 분류학적 관계에 관한 연구가 있다(Chen *et al.*, 2007). 그러나 아직까지 국내에 분포하는 쏘가리 집단에 대한 분자계통 진화학적 연구는 없는 실정이다.

따라서 이 연구는 한국산 쏘가리 개체군 집단의 보다 효과적인 보존과 관리를 위한 기초 자료로 활용하기 위해 우리나라에 분포하는 쏘가리의 cytochrome *b* 유전자 서열과 기존에 NCBI에 등록되어 있는 중국에 분포하는 쏘가리속 어류의 염기서열 자료를 이용하여 근연종 간의 분자계통진화적 관계와 쏘가리 지역 개체군 간의 유전자 차이에 대해 조사함으로써 한국산 쏘가리의 분자진화적인 위치와 유래를 알기 위하여 실시하였다.

## 재료 및 방법

### 1. 재료

한국산 쏘가리는 경기도 파주(임진강), 경기도 양평(남한강), 충청남도 금산(금강), 전라남도 곡성(섬진강), 경상북도 구미(낙동강), 경상남도 산청(경호강)의 7군데에서 채집되었다. 이들 개체 중 경기도 파주2, 양평2 및 산청2로 나타낸 개체는 황쏘가리이다. 중국산 쏘가리에 대한 염기서열 정보는 수입산 표본과 GenBank 자료를 이용하였고, 쏘가리의 근연종인 *S. chuatsi*는 중국 베이징에서 구한 표본을 이용하였다. 또한 쏘가리와 *S. chuatsi* 이외의 6종의 염기서열은 GenBank 자료를 이용하였다. 그리고 참조분류군(outgroup) 선정 시 Family Siniperacidae에 비교적 가까우면서 ingroup에 속하지 않는 많은 종의 cytochrome *b* DNA 염기서열 자

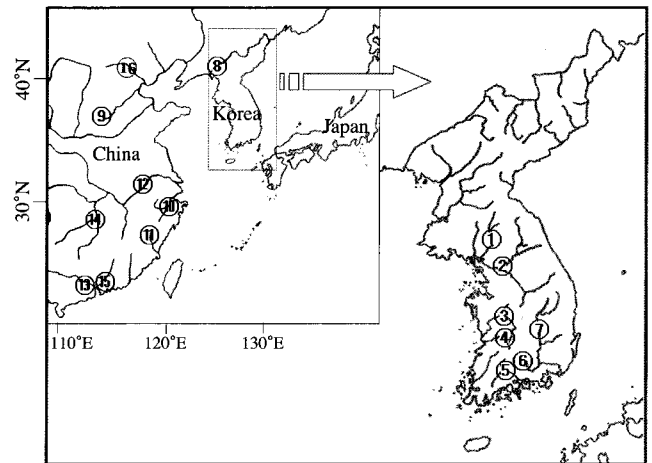


Fig. 1. Sampling sites of *Siniperca* species. Numbers refer to the species shown in Table 1.

료를 이용하여 예비분석을 하였으며 (data not shown) 이를 바탕으로 바리과 (Family Serranidae)의 다금바리 (*Nippon spinosus*)와 농어과 (Family Moronidae)의 농어 (*Lateolabrax japonicus*)를 참조분류군으로 이용하였다. 이들 표본들의 지도상의 채집위치는 Fig. 1에 나타내었으며, 연구대상 어류의 학명, 채집지역, 개체수 및 GenBank Accession No.는 Table 1에 나타내었다.

### 2. Total DNA 추출, PCR 증폭 및 sequencing

Total DNA 추출은 시료로부터 25~50 mg의 간, 기저 근육 조직이나 지느러미로부터 QIAamp DNA Mini Kit (QIAGEN Inc.)를 사용하여 수행하였다. DNA의 농도는 분광광도계 (Helios  $\beta$ , Unicam Ltd. UK)를 이용하여 260 nm에서 흡광도를 측정하여 확인하였다.

PCR 증폭에서 PCR 산물의 정제는 Song *et al.* (1998)의 방법을 약간 수정하여 실시하였으며 방법을 요약하면 다음과 같다. Cytochrome *b* 유전자의 주변부 tRNA 서열에 기초하여 제작한 forward primer (Glu-F1, 5'-CCA CCG TTG T (T/C)(G/A) TTC AAC TAC-3')와 reverse primer (Thr-R1, 5'-CCG (G/A) (T/C)T TAC AAG A (T/C) (T/C) GGC GTT C-3')를 이용하여 PCR (Polymerase Chain Reaction)을 통해 전체 cytochrome *b* 유전자를 증폭하였다. PCR 반응은 약 0.1~0.3  $\mu$ g의 genomic DNA 1~2  $\mu$ L, 10  $\mu$ M의 각각의 primer (forward primer, reverse primer) 2  $\mu$ L, 10  $\times$  reaction buffer (Takara Bio Inc., Japan) 5  $\mu$ L, 2.5 mM의 각각의 dNTP (Takara Bio Inc., Japan) 5  $\mu$ L와 1~2 unit의 Ex Taq polymerase (Takara Bio Inc., Japan)를 초순수를 이용하여 최종 volume이 50  $\mu$ L가 되도록 하였다. PCR 반응 시 반응물의 증발을 막기 위해 1~2 방울의 mineral oil을 첨가하여, Programmable Thermo Controller (RTC-100, MJ Research Inc.)에서

**Table 1.** Species, sampling locality and number of siniperine fishes to be examined

Species	Sampling locality	River system	No. of individuals	Accession No.	Map
<i>Siniperca scherzeri</i>	Paju, Korea	Imjin River	2	This study	1
	Yangpyeong, Korea	Han River	2	This study	2
	Guemsan, Korea	Guem River	1	This study	3
	Jeonju, Korea	Mankyeong River	1	AB108490	4
	Geokseong, Korea	Seomjin River	1	This study	5
	Sancheong, Korea	Nakdong River	2	This study	6
	Gumi, Korea	Nakdong River	1	This study	7
	Imported fish from China		2	This study	
	Liaoning, China	Yalujiang River	1	DQ789599	8
	Henan, China	Haihe River	1	DQ789624	9
	Anhui, China	Yangtze River	2	DQ789619	12
	Zhejiang, China	Qiantangjiang River	1	DQ789604	10
	Fujian, China	Minjiang River	1	DQ789609	11
Guangxi, China	Xijiang River	1	DQ789614	13	
<i>Siniperca chuatsi</i>	Beijing market, China		1	This study	16
	Guangdong, China		1	AF475158	15
<i>Siniperca knerii</i>	Changde, Hunan, China		1	DQ274047	14
<i>Siniperca undulata</i>	Lianzhou, Guangdong, China		1	DQ274046	15
<i>Siniperca fortis</i>	Lianzhou, Guangdong, China		1	DQ274045	15
<i>Siniperca obscura</i>	Cili, Hunan, China		1	DQ274048	14
<i>Siniperca roulei</i>	Hunan, China		1	DQ274049	14
* <i>Niphon spinosus</i>	Jeju, Korea		1	This study	
* <i>Lateolabrax japonicus</i>	Kyushu, Japan		1	AB108492	

\* indicates outgroup species.

반응시켰다. PCR 반응주기는 최초 denaturing step에서 94°C에서 2분 동안 1회 반응시키고, 이어서 반복주기로서 94°C에서 45초, primer annealing을 위해 48°C에서 1분, primer extension을 위하여 72°C에서 1분 30초씩 총 30회의 반복주기를 주었고, 최종적으로 72°C에서 7분 동안 마지막 extension을 실시하였다. 완전하게 증폭된 PCR 산물은 Gel Extraction Kit (Takara Bio Inc., Japan)을 이용하여 정제를 한 후 pBluescript II SK (-) (Stratagene Co.) 벡터에 삽입하였다. Sequencing 반응은 전문업체에 의뢰하여 실시하였으며 ABI PRISM BigDye Terminator Cycle Sequencing Kits (Applied Biosystems)을 이용하여 Peltier Thermal Cycler (PTC-225, MJ Research Inc.)에서 수행되었다. 이때 염기서열결정 시 T3와 T7 primer를 사용하였다.

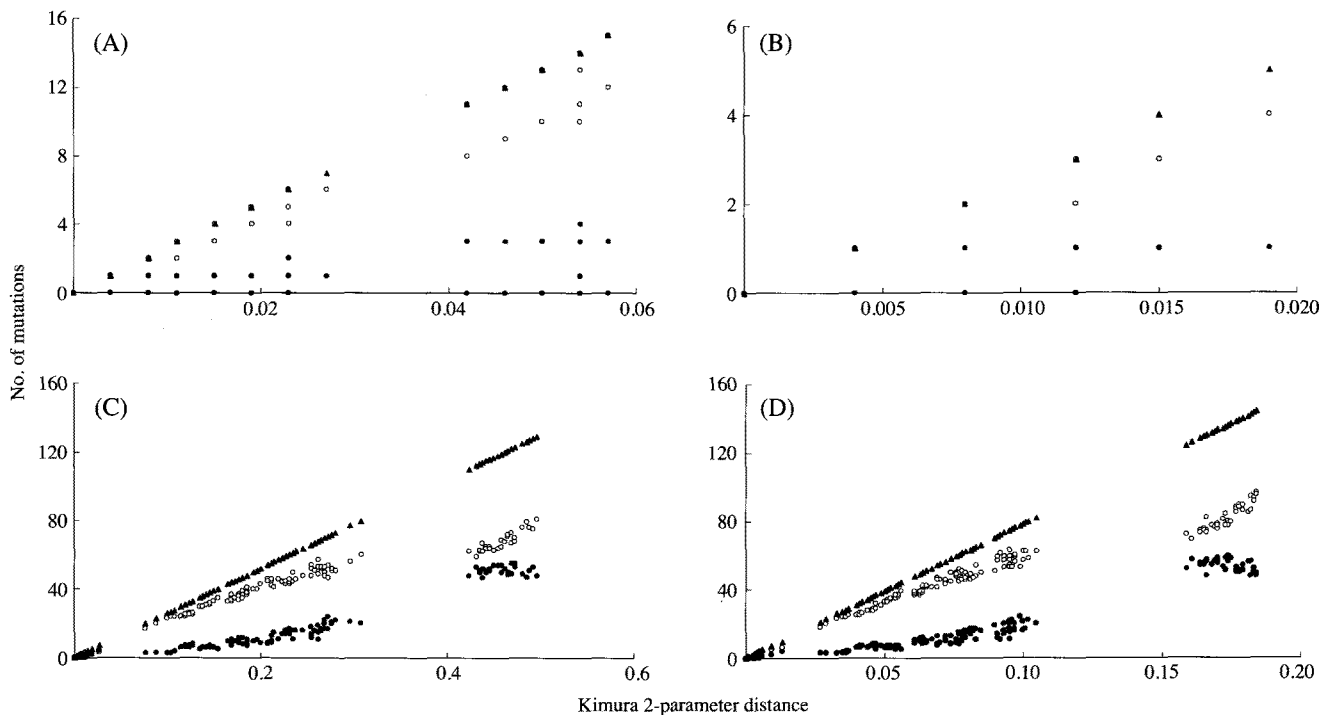
### 3. 자료 분석

이를 통해 얻은 자료는 DNAssist (version 2.2) 프로그램을 이용하여 다중 정렬하였다. 염기조성과 각 개체군 내 또는 개체군 사이의 유전자 차이의 상호비교(pairwise comparisons)는 MEGA 5.05 (Tamura *et al.*, 2011) 프로그램으로 계산되었다.

계통진화 분석 시 한 개의 염기에서 두 번 이상의 돌연변

이 (mutation)가 일어남으로써 생기는 포화 현상은 분석 오류를 유발할 수 있기 때문에 각 codon 위치에서 Kimura 2-parameter 모델로 계산된 distance에 대한 transition 변이와 transversion 변이수를 plotting함으로써 포화도(level of saturation)를 추정하였다. 이렇게 추정된 포화현상은 Fig. 2에 나타내었다. 첫 번째 코돈과 두 번째의 코돈 위치에서의 transition과 transversion 돌연변이들은 Kimura two-parameter distance의 증가에 따라 거의 선형으로 축적되었지만 세 번째 코돈 위치에서 transition의 포화현상을 관찰할 수 있었다. 그러나 모든 코돈을 대상으로 한 분석결과 세 번째 코돈 위치에서의 포화현상은 상쇄되는 경향을 보였다.

따라서 계통진화 분석은 모든 codon 위치의 transition과 transversion 변이 모두를 이용하여 실시하였다. 계통수는 NJ (neighbor joining)와 MP (maximum parsimony) 및 ML (Maximum-likelihood) 방법을 이용하였다. NJ 계통수는 MEGA 5.05 (Tamura *et al.*, 2011)를 사용하였고 MP와 ML 계통수는 PAUP version 4.0b8 (Swofford, 1998)을 사용하여 작성하였다. NJ 계통수는 Kimura-two-parameter 진화모델을 사용하여 ML 방법을 이용한 분석은 MODELTEST Version 3.06 (Posada and Crandall, 1998) 프로그램을 사용하여 분석 자료에 가장 적합한 진화모델을 선택하여 실시하였다. 그리고 MP 의한 분석 시에는 heuristic search 방법을 사용하였다.



**Fig. 2.** Relationships between Kimura two-parameter distance and the observed mutations such as transition (○), transversion (●), and transition +transversion (▲). A: first codon, B: second codon, C: third codon, D: all codons.

MJ 방법과 MP 방법을 이용한 분석 결과 계통수에 생성된 각각의 internal node에 대한 신뢰성을 확인하기 위하여 10,000회의 bootstrapping 통계검증(Felsenstein, 1985)을 실시하였다. ML 방법에 의한 분석 시 likelihood 조건들은 MODELTEST 결과에서 얻은 자료들을 사용하였다. 즉 염기조성(base composition)의 경우는 A=0.2594, C=0.3411, G=0.1435, T=0.2560을 사용하였으며, estimated transition/transversion 비율 3.9710과 함께 HKY+G 진화모델을 사용하여 실시하였다.

#### 4. 형태형질 차이

중국에서 수입된 쏘가리의 형태형질의 특징을 알아보기 위해서 등지느러미, 가슴지느러미, 배지느러미 및 뒷지느러미의 극조수와 연조수 그리고 새파수를 계수하여 한국산 쏘가리와 비교하였으며 계측과 계수 방법은 Nakabo (2002) 방법을 따랐다.

## 결 과

#### 1. 염기서열 조성 및 유전자 다형

분자계통분류학적 분석을 위하여 연구대상 어류의 mitochondrial DNA에 위치하는 cytochrome *b* 유전자 전체 염기

서열을 다중 정렬하여 확인하였다. 이 결과 조사된 이들 미토콘드리아 DNA의 부분적인 순서는 일반적인 척추동물의 유전자 순서인 tRNA<sup>Glu</sup>-Cytb-tRNA<sup>Thr</sup>-tRNA<sup>Pro</sup>와 동일하였고 ATG 개시코돈으로 시작하여 종결코돈(stop codon)으로 예상되는 마지막 염기(T)를 포함하여 1,141 bp였다. 그러나 GenBank에 등록된 중국산 쏘가리 개체군의 유전자 크기가 781 bp였기 때문에 이 연구에서 모든 염기서열 자료는 DNAssist version 2.2 (Pattern and Graves, 2000) 프로그램을 이용하여 781 bp의 크기로 정렬해서 계통수 작성에 이용하였다. 정렬된 781 bp의 염기서열은 525군체의 conserved site와 256군체의 variable site로 구성되었다. Variable site들 중 147개의 parsimony informative site를 포함하였다. Mitochondrial cytochrome *b* 유전자의 염기서열에서 염기조성과 편차는 Table 2에 나타내었다. 조사 결과, 전체적으로 낮은 G (Guanine) 염기조성(15.5%)과 거의 비슷한 나머지 T (Thymine), C (Cytosine) 및 A (Adenine)의 염기조성(T: 27.7%, C: 32.0%, A: 24.8%)을 보였다. 그리고 첫 번째와 두 번째 코돈 위치에서의 transversion에 대한 transition의 비율은 8.2, 세 번째 코돈 위치에서는 2.5가 나타났으며 전체적으로는 평균 2.7을 나타냈다.

한국산 쏘가리를 포함한 쏘가리속 어류 간의 유전적인 다형을 *p*-distance와 염기서열 차이로 나타낸 결과는 Table 3과 같다. 쏘가리속 어류 간의 염기서열 차이는 7~82 bp였고 *p*-distance는 0.009~0.105였다. 이들 종간의 최소 염기

**Table 2.** Base composition and bias observed in the mitochondrial cytochrome *b* gene of *Siniperca* and outgroup species

		Codon composition			
Species	Collection site	All			
		T	C	A	G
<i>S. scherzeri</i>	Paju-1, Korea	27.7	32.0	24.8	15.5
	Paju-2, Korea	27.7	32.0	24.7	15.6
	Yangpyeong-1, Korea	27.7	32.0	24.8	15.5
	Yangpyeong-2, Korea	27.7	32.0	24.8	15.5
	Geumsan, Korea	27.7	32.0	24.8	15.5
	Jeonju, Korea	27.7	32.0	24.8	15.5
	Gokseong, Korea	27.5	32.1	24.8	15.5
	Sancheong-1, Korea	27.5	32.0	24.8	15.5
	Sancheong-2, Korea	27.5	32.3	24.7	15.5
	Gumi, Korea	27.5	32.1	24.8	15.5
	Liaoning, China	27.7	32.1	24.8	15.4
	Henan, China	27.8	32.1	24.8	15.4
	Guangxi, China	27.3	32.7	24.5	15.6
	Imported fish1, China	28.0	32.0	24.6	15.5
	Imported fish2, China	28.1	32.0	24.5	15.4
	Anhui 1, China	27.5	32.4	24.3	15.7
	Anhui 2, China	27.5	32.3	24.2	16.0
Zhejiang, China	27.1	32.4	25.6	14.9	
Fujian, China	27.5	32.4	24.3	15.7	
<i>S. chuatsi</i>	Beijing, China	28.3	30.9	26.1	14.7
	Guangdong, China	28.2	30.7	26.1	15.0
<i>S. roulei</i>	Hunan, China	28.8	30.6	25.6	15.0
<i>S. obscura</i>	Hunan, China	27.7	31.6	25.4	15.4
<i>S. knerii</i>	Hunan, China	28.4	30.5	26.1	15.0
<i>S. undulata</i>	Guangdong, China	27.4	31.9	25.6	15.1
<i>S. fortis</i>	Hunan, China	27.5	31.9	25.6	15.0
<i>N. spinosus</i>	Jeju, Korea	28.7	32.0	23.7	15.6
<i>L. japonicus</i>	Kyushu, Japan	27.1	33.5	22.2	17.2
	Mean	27.7	32.0	24.8	15.5
	Bias*	0.194			

The frequencies are shown as percentage. \*: Bias in base composition (Irwin et al., 1991) is calculated as  $C = (2/3) \sum_{i=1}^4 |C_i - 0.25|$ , where C is the compositional bias and  $C_i$  is the frequency of the *i*th base.

서열 차이는 *S. knerii*와 *S. chuatsi* 사이에서 나타낸 반면에 종간 최대 염기서열 차이는 중국산 쏘가리 Guangxi 개체군과 *S. roulei* 사이에서 나타났다.

한국산과 중국산 쏘가리 개체군의 염기서열 다형의 정도는 Fig. 3에서 볼 수 있으며, 염기서열 차이는 Table 3에 나타내었다. 한국산 쏘가리 지역 개체군 사이에서 나타난 유전자 다형은 0~5 bp로써 지역 개체군 간의 유전자 차이를 보이지 않았다. 파주, 양평 및 산청 표본의 2번으로 표시된 황쏘가리와 1번으로 표시된 동일 지역에서 채집된 쏘가리 개체군 사이의 염기서열 차이는 0~2 bp였고 *p*-distance는 0.000~0.003였다. 우리나라에서 채집된 쏘가리의 최대 염기서열 차이는 곡성 개체와 산청 2번 개체 사이 그리고 구

미 개체와 산청 2번 개체 사이에서 나타났으며 이들 사이의 염기서열 차이는 5 bp였고 *p*-distance는 0.006였다. 중국산 쏘가리 개체군 사이의 염기서열 차이는 0~44 bp였고 *p*-distance는 0.000~0.056였다. 중국 북부 지역인 Liaoning과 Henan 개체군 사이의 염기서열 차이는 1 bp였고 *p*-distance는 0.001였다. 이들 개체군은 다른 중국산 지역 개체군과 달리 한국산 개체군과 염기서열 차이가 1~5 bp였고 *p*-distance는 0.001~0.006였다. Zhejiang 개체군과 한국산 개체군 사이의 염기서열 차이는 27~28 bp였고 *p*-distance는 0.035~0.037였다. Zhejiang 개체군과 중국 북부 개체군 사이의 염기서열 차이는 28~29 bp (*p*-distance=0.036~0.037)였고 수입산 개체들을 제외한 Anhui와 Fujian 개체군과는 37~42 bp (0.052~0.054)의 염기서열 차이를 나타내었다. Anhui와 Fujian 개체군 간의 염기서열 차이는 2~21 bp였고 *p*-distance는 0.003~0.027였다. 이들 개체군과 한국산 개체군 사이의 염기서열 차이는 35~41 bp였고 *p*-distance는 0.045~0.052를 보여서 한국산 개체군과 중국산 개체군 간의 최대 염기서열 차이를 나타내었다. 중국 Guangxi 개체군과 한국산 개체군 사이의 차이는 31~34 bp였고 *p*-distance는 0.040~0.042였다. 그리고 한국에 수입된 중국산 개체군은 Anhui 1번 개체 또는 Fujian 개체에 대해 0~2 bp의 유전자 차이를 보였다.

2. 분자계통수 분석

MJ, MP 및 ML 방법을 이용하여 쏘가리속 어류의 계통수를 작성하였으며 작성된 계통수는 각각 Fig. 4, Fig. 5 그리고 Fig. 6에 나타내었다. 이들 계통수에서 연구대상 쏘가리속 어류 가운데 가장 먼저 분화한 종은 *S. roulei*였으며 이는 세 가지 분석 방법 모두에서 bootstrap값 100을 나타내어 강하게 지지되고 있다. 그리고 나머지 연구대상 쏘가리속 어류 즉 *S. fortis*, *S. undulata*, *S. obscura*-*S. knerii*-*S. chuatsi*, *S. scherzeri*의 분화순서는 낮은 bootstrap값을 나타내어서 통계학적으로 이들 종들의 분화순서를 명확하게 밝힐 수 없었다. 하지만 이들 가운데 *S. knerii*와 *S. chuatsi*는 계통수 상에서 같은 종처럼 매우 가깝게 묶였고 이들과 *S. obscura*는 계통진화적으로 가까운 자매종으로 나타났으며 이들의 관계는 앞에서 언급한 세 가지 분석방법에서 bootstrap값이 각각 80, 74, 그리고 83을 보임으로써 비교적 높은 값으로 지지되었다. 한편 쏘가리(*S. scherzeri*) 개체군은 단진화군을 형성하였으며 이는 91~100%의 bootstrap값으로 강하게 지지되었다. 계통수 상에서 이들 지역 개체군의 분화순서는 분석방법에 따라서 분화순서를 달리함으로써 명확한 관계를 밝힐 수는 없었지만 이들 쏘가리 집단은 비교적 명확하게 3개의 지역 개체군 집단으로 구분되었으며, 특히 그룹 1 (Group 1)을 구성하는 한국개체군 집단과 한반도와 비교적

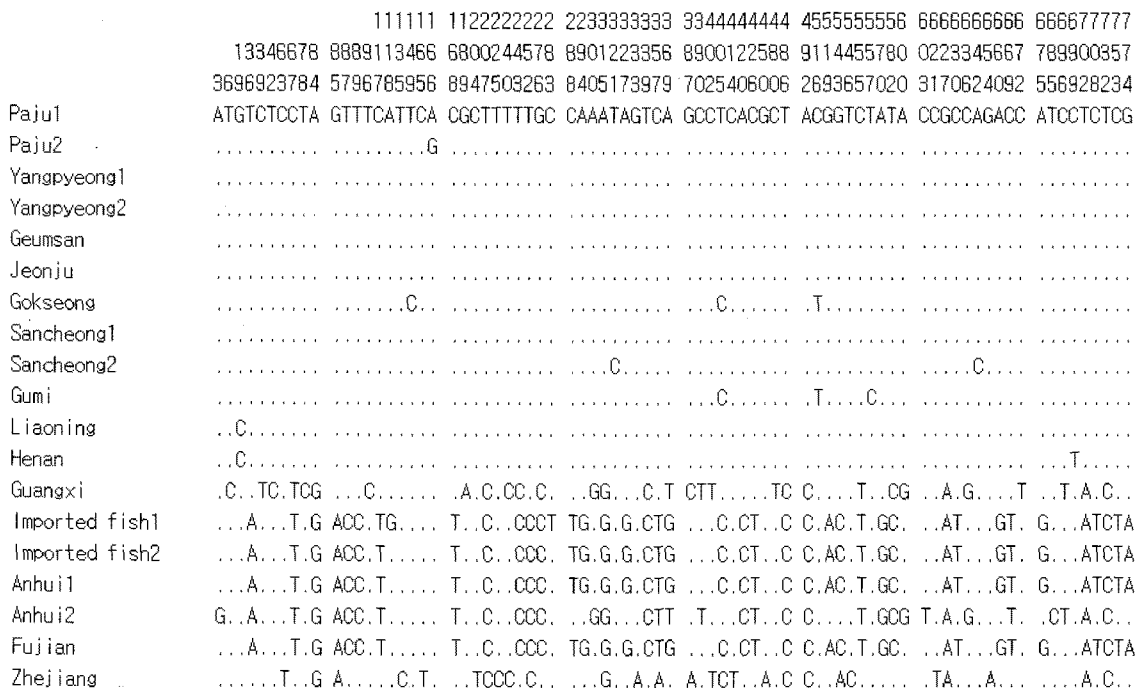


Fig. 3. The sequences alignment of mitochondrial cytochrome *b* genes of *Siniperca scherzeri*. Dot ( · ) indicates identical bases.

가까운 곳에 위치하는 중국의 Liaoning과 Henan에서 채집된 쏘가리가 계통수 상에서 매우 가깝게 묶이는 현상을 보였다.

### 3. 형태형질 분석

우리나라에 수입되는 중국산 개체군의 계수형질의 특징을 알아보기 위하여 한국산 개체군과 비교하였으며 이 결과는 Table 4에 나타내었다. 수입산 쏘가리의 새파수는 평균 4~5개가 나타난 반면에 한국산 개체군은 새파수가 6개로 나타났다. 그러나 각각의 지느러미 극·연조 수에서는 명확한 차이를 보이지 않았다.

## 고 찰

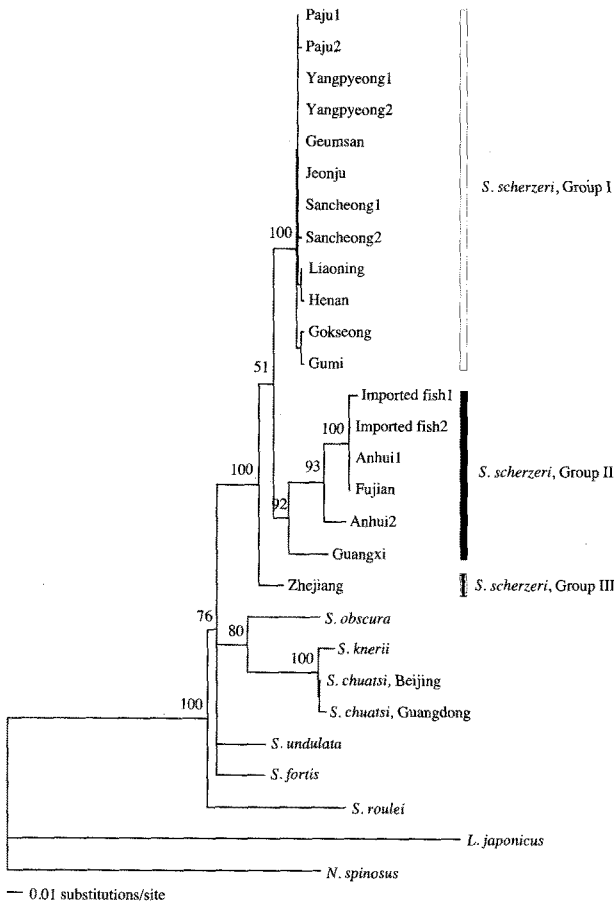
Cytochrome *b* 유전자를 이용한 어류의 지역 개체군의 유전적 차이에 관한 연구는 우리나라에서 일부 어종을 대상으로 수행된 바 있다. 예를 들면 우리나라 고유종인 꺾지는 지역 개체군 집단 간 염기서열 차이가 최대 6.9~12.1%로 나타났으며(김, 2004), 통가리과(Amblycipitidae)에 속하는 자가사리(*Liobagrus mediadiposalis*)의 지역 개체군 집단 간에는 4.4~5.7%의 염기서열 차이가 보고된 바 있다(김 등, 2006). 그리고 쉬리(*Coreoleuciscus splendidus*)는 우리나라 6개 지역 개체군 간에 0.1~1.8%의 염기서열 차이를 갖는 것을 알려져 있다(Song and Park, 2006). 한편 본 연구에서

한국산 쏘가리는 서로 다른 지역에서 유래된 개체 간 염기서열 차이가 0~0.64%로 나타나 이전 연구된 한국산 담수 어류의 종내 지역 개체군 간의 유전자 차이보다 상대적으로 작은 수치를 나타내었다. 그 이유는 한국산 쏘가리의 분화역사가 상대적으로 짧았기 때문으로 생각된다.

한국산 쏘가리의 유래를 알기 위해서는 이들 어류의 분화시기를 알아야 하며 이를 위해서는 화석기록과 함께 분자시계(molecular clock)의 개념을 도입하여 분화시기를 추정해야 한다. 몇몇의 어류를 대상으로 한 cytochrome *b* 유전자의 분화속도에 관한 기존의 연구에서 *Sebastes*속 어류는 100만년 당 0.92%(Rocha-Olivares *et al.*, 1999), *Gymnogobius*속 어류는 2.2~2.4%(Harada *et al.*, 2002), 그리고 큰가시고기류는 2.8%(Orti *et al.*, 1994) 정도의 분화속도를 보인다고 보고된 바 있다. 따라서 경골어류의 cytochrome *b* 유전자의 분화속도를 100만년 당 0.92~2.80%로 가정하여 쏘가리속 어류의 분화시기를 추정할 결과 가장 먼저 분화한 것으로 나타난 *S. roulei*의 경우 다른 쏘가리속 어류와의 염기서열 차이가 9.3~10.5%를 나타내어 분화 시기는 대략 330만년에서 1,140만년 전, 즉 신생대 3기 Miocene 말기에서 Pliocene 중기 사이로 추정되었다. 나머지 연구대상 쏘가리속 어류들의 종분화는 염기서열 차이가 5.1~10.1%로 종에 따라서 다소 많은 차이를 보였지만 계통수 상에서 이들 종들의 분화의 우선순위는 통계학적으로 구분이 어려웠다. 따라서 이를 근거로 이들 종들의 분화시기는 대략 180만~1,100만년 전, 즉 Miocene 말기에서 전체 Pliocene을 포함

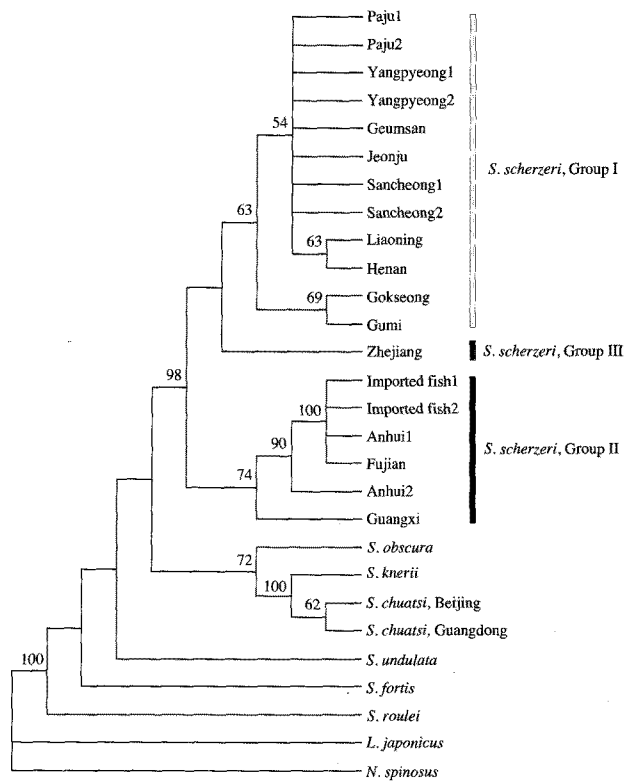
Table 3. *p*-distance (lower-left) and nucleotide differences (upper-right) among populations or species of *Siniperca*

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26
Paju1	[ 1]	1	0	0	0	0	3	0	2	3	1	2	31	41	39	39	35	39	27	73	59	63	48	60	62	48
Paju2	[ 2]	0.001	1	1	1	1	4	1	3	4	2	3	32	42	40	40	36	40	28	74	60	64	49	61	63	49
Yangpyeong1	[ 3]	0.000	0.001	0	0	0	3	0	2	3	1	2	31	1	39	39	35	39	27	73	59	63	48	60	62	48
Yangpyeong2	[ 4]	0.000	0.001	0.000	0	0	3	0	2	3	1	2	31	41	39	39	35	39	27	73	59	63	48	60	62	48
Geumsan	[ 5]	0.000	0.001	0.000	0.000	0	3	0	2	3	1	2	31	41	39	39	35	39	27	73	59	63	48	60	62	48
Jeonju	[ 6]	0.000	0.001	0.000	0.000	0.000	3	0	2	3	1	2	31	41	39	39	35	39	27	73	59	63	48	60	62	48
Gokseong	[ 7]	0.004	0.005	0.004	0.004	0.004	0.004	3	5	2	4	5	34	42	40	40	38	40	28	74	60	64	49	61	63	51
Sancheong1	[ 8]	0.000	0.001	0.000	0.000	0.000	0.004	0.000	2	3	1	2	31	41	39	39	35	39	27	73	59	63	48	60	62	48
Sancheong2	[ 9]	0.003	0.004	0.003	0.003	0.003	0.006	0.003	2	3	1	2	31	43	41	41	37	41	29	75	60	64	49	61	63	49
Gumi	[10]	0.004	0.005	0.004	0.004	0.004	0.003	0.004	0.006	5	3	4	33	43	41	40	38	40	28	74	60	64	49	61	63	51
Liaoning	[11]	0.001	0.003	0.001	0.001	0.001	0.005	0.001	0.004	0.005	4	5	34	42	40	40	36	40	28	74	60	64	49	61	63	49
Henan	[12]	0.003	0.004	0.003	0.003	0.003	0.006	0.003	0.005	0.006	0.001	1	32	42	40	41	37	41	29	74	61	65	50	62	64	50
Guangxi	[13]	0.040	0.041	0.040	0.040	0.040	0.044	0.040	0.042	0.044	0.041	0.042	33	43	41	41	26	41	37	82	65	66	50	63	66	49
Imported fish1	[14]	0.052	0.054	0.052	0.052	0.052	0.054	0.052	0.055	0.054	0.054	0.055	0.055	0.055	2	2	23	2	44	76	74	78	61	73	75	60
Imported fish2	[15]	0.050	0.051	0.050	0.050	0.050	0.051	0.050	0.052	0.051	0.051	0.052	0.052	0.003	0	0	21	0	42	74	72	76	59	71	73	58
Anhui1	[16]	0.050	0.051	0.050	0.050	0.050	0.051	0.050	0.052	0.051	0.051	0.052	0.052	0.003	0.000	0	21	0	42	74	72	76	59	71	73	58
Anhui2	[17]	0.045	0.046	0.045	0.045	0.045	0.049	0.045	0.047	0.049	0.046	0.047	0.033	0.029	0.027	0.027	21	0	42	74	72	76	59	71	73	55
Fujian	[18]	0.050	0.051	0.050	0.050	0.050	0.051	0.050	0.052	0.051	0.051	0.052	0.052	0.003	0.000	0.000	0.027	0.054	42	74	72	76	59	71	73	58
Zhejiang	[19]	0.035	0.036	0.035	0.035	0.035	0.036	0.035	0.037	0.036	0.036	0.037	0.047	0.056	0.054	0.054	0.052	0.054	70	58	61	61	50	58	60	48
<i>S. roulei</i>	[20]	0.093	0.095	0.093	0.093	0.093	0.095	0.093	0.096	0.095	0.095	0.095	0.105	0.097	0.095	0.095	0.100	0.095	0.090	74	80	70	75	77	66	66
<i>S. obscura</i>	[21]	0.076	0.077	0.076	0.076	0.076	0.077	0.076	0.077	0.077	0.077	0.078	0.083	0.095	0.092	0.092	0.091	0.092	0.074	0.095	56	50	51	52	54	54
<i>S. knerii</i>	[22]	0.081	0.082	0.081	0.081	0.081	0.082	0.081	0.082	0.082	0.082	0.083	0.085	0.100	0.097	0.097	0.101	0.097	0.078	0.102	0.072	56	7	10	59	59
<i>S. undulata</i>	[23]	0.061	0.063	0.061	0.061	0.061	0.063	0.061	0.063	0.063	0.063	0.064	0.064	0.078	0.076	0.076	0.079	0.076	0.064	0.090	0.064	0.072	52	54	40	40
<i>S. chuatsi1</i>	[24]	0.077	0.078	0.077	0.077	0.077	0.078	0.077	0.078	0.078	0.078	0.079	0.081	0.093	0.091	0.091	0.095	0.091	0.074	0.096	0.065	0.009	0.067	3	54	54
<i>S. chuatsi2</i>	[25]	0.079	0.081	0.079	0.079	0.079	0.081	0.079	0.081	0.081	0.081	0.082	0.085	0.096	0.093	0.093	0.097	0.093	0.077	0.099	0.067	0.013	0.069	0.004	56	56
<i>S. fortis</i>	[26]	0.061	0.063	0.061	0.061	0.061	0.065	0.061	0.063	0.065	0.063	0.064	0.063	0.077	0.074	0.074	0.070	0.074	0.061	0.085	0.069	0.076	0.051	0.069	0.072	0.72



**Fig. 4.** Neighbor-joining (NJ) tree based on cytochrome *b* DNA sequences obtained from 7 species, 26 individuals of *Siniperca* fishes and 2 outgroup species. Bootstrap values are displayed over 50% internal nodes.

하는 시기으로써 중국의 Shansi 지방의 Pliocene 지층에서 발견된 화석종인 *Siniperca wusiangensis* (Liu and Su, 1962)가 이들의 대략적인 분화시기를 뒷받침하고 있다. 이 연구에서 나타난 3개의 쏘가리의 지역 개체군의 분화는 그룹 1과 그룹 2의 염기서열 차이가 4.0~5.5%, 그룹 2와 그룹 3은 4.7~5.6%, 그리고 그룹 1과 그룹 3은 3.5~4.7%를 보였으나 이들 지역 개체군 분화의 우선순위는 통계학적으로 구분되지 않았기 때문에 전체적으로 염기서열 차이는 3.5~5.6%의 범위를 보였으며 이 시기는 대략 125만년에서 600만년 전으로 신생대 3기 Pliocene으로 추정된다. 분자시계를 이용한 연대추정은 종마다 염기치환 속도의 차이 (Johns and Avise, 1998)때문에 시간적 오류를 범할 수 있지만 그룹 1을 구성하는 한국 쏘가리 개체군 집단과 한반도와 비교적 가까운 곳에 위치하는 중국 북부 쏘가리 개체군 집단은 초기 빙하기 이전 시기에 그룹 2와 그룹 3을 구성하는 중국 쏘가리 개체군 집단으로부터 분화가 이루어진 것으로 추정된다. 그리고 한국 쏘가리 개체군을 포함하는 그룹 1내에서



**Fig. 5.** Maximum-parsimony (MP) bootstrap consensus tree (tree length=474, consistency index (CI)=0.692, homoplasy index (HI)=0.308, retention index=0.760, rescaled consistency index=0.526) based on cytochrome *b* DNA sequences obtained from 7 species, 26 individuals of *Siniperca* fishes and 2 outgroup species. Bootstrap values are displayed over 50% internal nodes.

산청과 구미에서 채집된 개체 사이와 구미와 한반도 인접 지역인 중국의 Henan 쏘가리 사이에서 각각 최대 0.6%의 염기서열 차이를 보였으며 이를 기초로 추정된 분화역사는 대략 최대 32만년에서 65만년 전으로 신생대 4기 Pleistocene의 빙하기 (Ice Age)로 거슬러 올라갈 것으로 추정되었다.

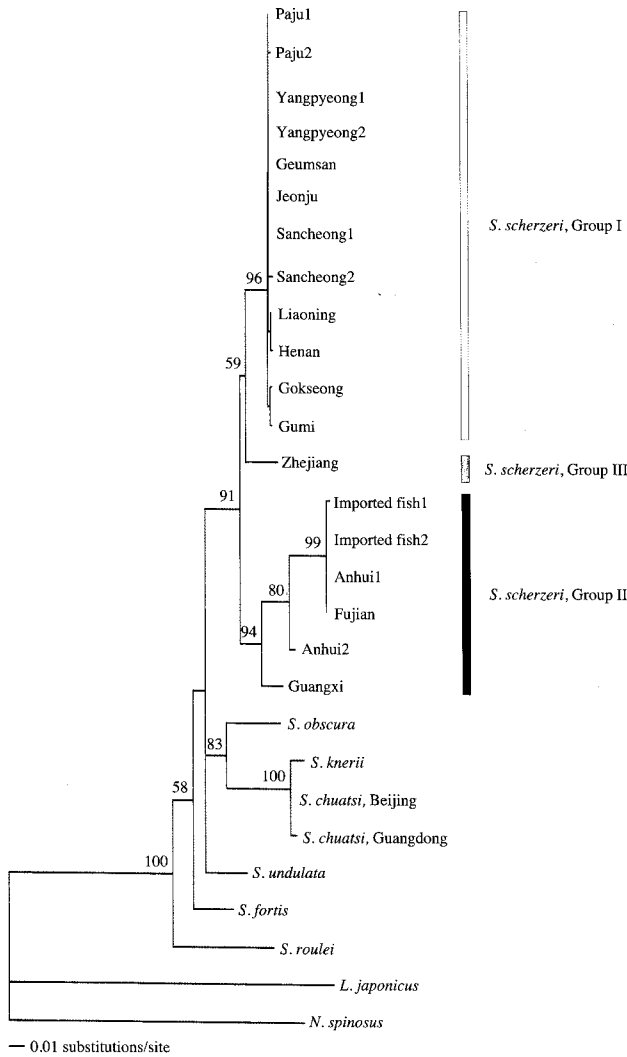
Nishimura (1967)는 쏘가리속 어류의 분화는 생물지리학적으로 볼 때 극동지방에서 기원하였으며 꺾지속과 유사한 조상형 어류로부터 유래되었고 쏘가리속 어류의 종분화는 중국대륙의 큰 강들의 하류에서 일어났으며 새로운 종은 기존의 종을 대체하고 기존의 종은 상대적으로 서식환경이 나쁜 강의 상류지역으로 쫓겨났으며 상대적으로 젊은 쏘가리속 어류의 한국으로의 침투는 Pleistocene의 중기에서 말기 사이에 일어난 담수수계의 점차적인 고립에 의한다고 보고하였다. 그런데 Nishimura (1967)가 언급한 쏘가리속 어류의 한국으로의 침투 시기는 한반도와 중국 북부 쏘가리의 분화시기가 최대 32만년에서 65만년 전 (대략 Pleistocene의 중기에 해당)으로 거슬러 올라갈 수 있다는 이 연구에서의 추정 시기를 고려할 때 분화시기 면에서 상당부분 일치하였다.



쏘가리에 대한 최초 기재는 중국의 양쯔강(상해)에서 채집된 표본을 대상으로 하였으며, 이 지역 표본은 본 연구에서 쏘가리 지역 개체군인 그룹 2에 속해 있다. 그런데 그룹

1에 속하는 한국산 개체군과 한반도와 인접한 지역의 중국산 쏘가리 개체군은 유전학적으로 차이가 거의 없는 반면에 그룹 2와 그룹 3에 속하는 중국산 지역 개체군과는 상대적으로 많은 유전적인 차이를 보였다. 따라서 앞으로 모식표본을 포함한 지역 개체군 표본을 대상으로 보다 세밀한 형태학적인 연구가 필요하다고 생각된다. 한편, 이 연구에서 황쏘가리와 쏘가리는 유전학적 차이를 보이지 않아서 Park and Kang (1981)과 이 등(1997)의 결과와 같이 동일종으로 나타났다.

우리나라의 담수 외래어종은 양식종, 자원조성용 및 실험용으로 도입되었고, 특히 1960~1970년대 부족한 식량자원을 확보하기 위하여 많은 종이 외국에서 도입되었다. 이러한 외래어종은 자연 하천의 생태계에 많은 영향을 미치고 있으며, 특히 배스나 블루길과 같은 외래포식어류의 확산은 우리나라 담수어류 개체수의 감소에 영향주고 있어 생태계를 교란시키고 있다(고 등, 2008). 최근에도 식량자원 및 관상어 목적으로 외국에서 많은 어류가 수입되고 있는데 이중 쏘가리도 포함되어 있다. 이 연구 결과에서 활어로 수입된 쏘가리는 양쯔강 및 인접 수계의 개체군과 계통학적으로 가깝게 묶였으며 한국산 쏘가리 지역 개체군과 유전학적으로 큰 차이를 보였다. 형태적인 면에서도 수입산 쏘가리의 새파수는 우리나라 쏘가리의 새파수와 차이를 보이는 것으로 나타났다(Table 4 참조). 따라서 이러한 수입 쏘가리가 우리나라 하천에 방류된다면 우리나라 고유의 쏘가리 유전자 집단의 교란을 유발할 것으로 예상할 수 있기 때문에 적절한 대책이 요구된다.



**Fig. 6.** Maximum-likelihood (ML) tree based on cytochrome *b* DNA sequences obtained from 7 species, 26 individuals of *Siniperca* fishes and 2 outgroup species. Bootstrap values are displayed over 50% internal nodes.

요 약

이 연구는 cytochrome *b* 유전자 서열을 이용하여 쏘가리속 어류의 분자계통진화적 관계와 쏘가리 지역 개체군 간의 유전적 차이를 조사함으로써 한국산 쏘가리의 분자진화적인 위치와 유래를 알기 위하여 실시하였다. 그 결과, 쏘가리속 어류의 진화초기에 *S. roulei*가 가장 먼저 분화하였으며 그 후 조사대상 어류인 쏘가리속 6개 종(*S. scherzeri*, *S. undu-*

**Table 4.** Comparison of morphological characters observed from Korean and Chinese populations of *S. scherzeri*

Characters	Korean		Chinese		
	Present study	Lee <i>et al.</i> (1997)	Imported fish1	Imported fish2	Zhou <i>et al.</i> (1988)
Number of specimen	15	50	4	6	-
Total length (cm)	8.3~28.2	-	24.6~31.4	20.9~24.6	-
Counts					
Dorsal fin rays	XII~XIII, 12~13	XII~XIII, 13	XII, 12~13	XII, 12~14	XII, 10~13
Pectoral fin rays	14~16	15~16	14~15	14~15	-
Pelvic fin rays	I, 5	I, 5	I, 5	I, 5	-
Anal fin rays	III, 8~9(9)	II~III, 8~9(9)	III, 9	III, 9	III, 9
Gill rakers	5~7(6)	6	4~5	4~5	4~6

The value in parenthesis indicates the mean.

*lata*, *S. fortis*, *S. obscura*, *S. knerii* 및 *S. chuatsi*)이 분화한 것으로 생각된다. 그러나 이들 어류들의 분화 우선순위는 통계학적으로 강하게 지지되지 못해서 명확하게 밝히기는 어려웠다. 한편 쏘가리 개체군은 크게 세 개의 집단으로 구분되었다. 첫 번째 집단은 한국산 개체군과 중국북부(Liaoning, Henan) 개체군이다. 두 번째 집단은 Anhui, Fujian 및 Guangxi 개체군이며, 세 번째 집단은 Zhejiang 개체군이다. 첫 번째 집단 내 한국산 쏘가리 개체군과 중국 북부(Liaoning, Henan) 개체군 사이의 염기서열 차이는 1~5 base pairs (bp)였으며 첫 번째 집단과 두 번째 집단의 염기서열 차이는 31~43 bp였다. 그리고 두 번째 집단과 세 번째 집단 사이의 염기서열 차이는 37~44 bp를 나타냈으며, 첫 번째 집단과 세 번째 집단 사이의 염기서열 차이는 27~29 bp였다. 따라서 한국산 쏘가리의 유래는 중국의 북부 개체군이 신생대 3기 Pliocene 기간 중에, 즉 초기 빙하기 이전 시기에 중국 중부 또는 남부의 쏘가리 개체군으로부터 최초로 분화된 후 빙하기를 거치면서 한반도로 그 분포범위를 확장함으로써 생겨난 것으로 추정된다.

## 사 사

이 논문은 2007년도 제주대학교발전기금 청봉학술연구기금의 지원에 의해서 연구되었음.

## 인 용 문 헌

- 고명훈 · 박종영 · 이용주. 2008. 옥정호에 도입된 배스 *Micropterus salmoides*의 식성 및 어류상에 미치는 영향. 한국어류학회지, 20: 36-44.
- 김맹진. 2004. 한국 고유종 썩지(*Coreoperca herzi*)와 그 근연종의 기원과 지리적 분포에 관한 분자계통진화적 연구. 제주대학교 대학원 석사학위논문, 39pp.
- 김맹진 · 한송현 · 양혜영 · 조미란 · 정상철 · 송춘복. 2006. 한국 고유종인 자가사리(*Liobagrus mediadiposalis*) 지역 개체군의 분자진화적 유연관계. 한국어류학회지, 18: 329-338.
- 김익수 · 최 윤 · 이충렬 · 이용주 · 김병직 · 김지현. 2005. 한국 어류대도감. 교학사, 615pp.
- 이완욱 · 장선일 · 이종윤 · 손승정. 1997. 쏘가리와 황쏘가리(*Siniperca scherzeri*)의 염색체와 외부형태 비교 및 교배 실험. 한국어류학회지, 9: 228-234.
- 정문기. 1977. 한국어도보. 일지사, 727pp.
- Chen, D., G. Xianguang and P. Nie. 2007. Non-monophyly of fish in the Sinipercaidae (Perciformes) as inferred from cytochrome *b* gene. Hydrobiologia, 583: 77-89.
- Cheng, Q. and B. Zheng. 1987. Systematic synopsis of Chinese fishes. Science Press, Beijing, pp. 284-286. (in Chinese)
- Felsenstein, J. 1985. Confidence limits on phylogenies: an approach using the bootstrap. Evolution, 39: 783-791.
- Harada, S., S.R. Jeon, I. Kinoshita, M. Tanaka and M. Nishida. 2002. Phylogenetic relationships of four species of floating gobies (*Gymnogobius*) as inferred from partial mitochondrial cytochrome *b* gene sequences. Ichthyol. Res., 49: 324-332.
- Higuchi, F. and K. Watanabe. 2005. Genetic diversity and hybridization in cyprinid, *Rhynchocypris lagowkii steindachneri*, from Yokohama, central Honshu, Japan. Japanese J. Ichthyol., 52: 41-46.
- Irwin, D.M., T.D. Kocher and A.C. Wilson. 1991. Evolution of the cytochrome *b* gene of mammals. J. Mol. Evol., 32: 128-144.
- Johns, G.C. and J.C. Avise. 1998. A comparative summary of genetic distances in the vertebrates from the mitochondrial cytochrome *b*. Mol. Biol. Evol., 15: 481-1490.
- Jordan, D.S. and C.W. Metz. 1913. A catalog of the fishes known from the waters of Korea. Mem. Car. Mus., 6: 1-65.
- Kottelat, M. 2001. Freshwater fishes of northern Vietnam. A preliminary check-list of the fishes known or expected to occur in northern Vietnam with comments on systematics and nomenclature. The World Bank, USA, pp. 58-59.
- Liu, H.-T. and T.-T. Su. 1962. Pliocene fishes from Yushe Basin, Shansi. Vertebrata Palasiatica, 6: 1-25.
- Nakabo, T. 2002. Fishes of Japan with pictorial keys to the species, English edition. Tokai Univ. Press, Tokyo, pp. xxi-xlii.
- Nishimura, S. 1967. Origin and history of the far-eastern freshwater Serranid *Siniperca* and its allied genera (Teleostei: Percidae). Bull. Osaka Museum Nat. His., 20: 13-30. (in Japanese)
- Orti, G., M.A. Bell, T.E. Reimchen and A. Meyer. 1994. Global survey of mitochondrial DNA sequences in the threespine stickleback: evidence for recent migrations. Evolution, 48: 608-622.
- Park, E.H. and Y.S. Kang. 1981. Karyotype and genome size of two variants of mandarin fish, *Siniperca scherzeri* (Teleostei; Serranidae). Korean J. Genetics, 3: 63-68.
- Patterson, H.G. and S. Graves. 2000. DNAssist: the integrated editing and analysis of molecular biology sequences in windows. Bioinformatics, 16: 652-653.
- Posada, D. and K.A. Crandall. 1998. Modeltest: testing the model of DNA substitution. Bioinformatics, 14: 817-818.
- Rocha-Olicares, A., R.H. Rosenblatt and R.D. Vetter. 1999. Molecular evolution, systematics, and zoogeography of the rockfish subgenus *Sebastomus* (*Sebastes*, Scorpaenidae) based on mitochondrial cytochrome *b* and control region sequences. Mol. Phylogenet. Evol., 11: 441-458.
- Song, C.B., T.J. Near and L.M. Page. 1998. Phylogenetic relations among percid fishes as inferred from mitochondrial cytochrome *b* DNA sequence data. Mol. Phylogenet. Evol., 10: 343-353.
- Song, H.B. and G.M. Park. 2006. A molecular genetic variation among intra-populations of Korean shiner, *Coreoleuciscus splendidus* Mori (Cyprinidae). Korean J. Ichthyol., 18: 78-86.

- Swofford, D.L. 1998. PAUP: phylogenetic analysis using parsimony, version 4.0b8, Sinauer Associates, Sunderland, MA.
- Takehana, Y., N. Nagai, M. Matsuda, K. Tsuchiya and M. Sakaizumi. 2003. Geographic variation and diversity of the cytochrome *b* gene in Japanese wild populations of Medaka, *Oryzias latipes*. *Zoological Science*, 20: 1279-1291.
- Tamura, K., D. Peterson, N. Peterson, G. Stecher, M. Nei and S. Kumar. 2011. MEGA5: Molecular Evolutionary Genetics Analysis using Maximum Likelihood, Evolutionary Distance, and Maximum Parsimony Methods. *Molecular Biology and Evolution* (In Press).
- Tanaka, S. 1925. Figures and descriptions of the fishes of Japan. XXIV: 636-641.
- Zhao, J., W. Wang, S. Li and W.Q. Cai. 2006. Structure of the mitochondrial DNA control region of the sinipercine fishes and their phylogenetic relationship. *Acta Genetica Sinica*, 33: 793-799.
- Zhou, C.W., Q. Yang and D.L. Cai. 1988. On the classification and distribution of the Sinipercinae fishes (Family Serranidae). *Zoological Research*, 9: 113-125 (in Chinese)
- 岡崎登志夫・田祥麟. 1996. 韓國産 𩺰屬漁類 (농어科)의 遺傳的 分化. *한국육수학회지*, 29: 387-391.