

한국산 대주둥치속(대주둥치과) 어류의 형태와 분자 변이의 불일치

손민수 · 김진구*

부경대학교 자원생물학과

Discordance between Morphological and Molecular Variations of the Genus *Macroramphosus* (Macroramphosidae) from Korea by Min-Soo Sohn and Jin-Koo Kim* (Department of Marine Biology, Pukyong National University, Busan 48513, Republic of Korea)

ABSTRACT In order to clarify the taxonomic status of the Korean *Macroramphosus* species, which were previously confused, we investigated morphological and molecular variations of *Macroramphosus* (18 individuals) from Korea, and *Macroramphosus* (35 individuals) from Japan and Taiwan, and compared with those of *M. scolopax* from type locality (Mediterranean Sea). Although the Korean and Japanese specimens of *Macroramphosus* were clearly divided into two types in the first dorsal spine length (22.8~32.1% in A-type vs. 15.6~21.4% in B-type), distance between the first dorsal fin and second dorsal fin (6.4~9.7% vs. 8.6~13.3%), and body depth (20.0~28.0% vs. 17.3~22.6%), no genetic differences among all individuals of longspine snipefish between them were found at the specific level [d=0.0~3.3% in control region (CR); 0.0~1.3% in cytochrome *b* (*cytb*); 0.0~0.5% in cytochrome *c* oxidase subunit I (COI)]. Whereas, they were well distinguished in genetics (9.9~11.5% in CR; 3.8~4.6% in *cytb*; 1.2~3.6% in COI) from those of *M. scolopax* in Mediterranean Sea. It needs the scientific name of the longspine snipefish (*M. scolopax*) in Korea be changed as *M. japonicus* (and/or *M. sagifue*). However, our results could not find evidence of consistency between morphological and mitochondrial DNA variations which suggests that their differentiation event may occur fairly recently. Further studies using more sensitive markers such as microsatellite are needed to clarify the degree of gene flow between the two types.

Key words: Longspine snipefish, *M. japonicus*, *M. sagifue*, *M. scolopax*, morphology, genetics, variations

서 론

대주둥치과(Macroramphosidae) 어류는 큰가시고기목(Gasterosteroformes) 또는 실고기목(Syngnathiformes)에 속하는 어류로 전 세계적으로 3속 8종(Nelson *et al.*, 2016), 일본에 1속 2종 *M. sagifue* Jordan and Starks 1902, *M. japonicus* (Günther, 1861) (Senou, 2013), 대만에 1속 1종 *M. scolopax* (Linnaeus, 1758) (Shao *et al.*, 2008), 한국에 1속 1종 *M. scolopax* (MABIK, 2018)이 보고되어 있다. 대주둥치과 어류는 측편된 몸, 높은 체고, 전방으로 길게 뻗은 주둥이, 제1등지느러미 제2극조가 매우 긴 특징을 가지며(Nelson *et al.*, 2016), 서부 대서양, 인도양, 태

평양의 온대 해역에 걸쳐 광범위하게 분포한다(Ehrich, 1976; Bilecenoglu, 2006; Senou, 2013).

대주둥치속 어류에 대한 분류학적 연구는 어류학자들 간에 오랜 기간 논쟁의 대상이 되어 왔다. Mohr (1937)은 체색, 등지느러미 극조 길이를 기준으로 북서대서양에 서식하는 대주둥치과 어류를 2종, 즉 등지느러미 극조가 긴 *M. scolopax* 등지느러미 극조가 짧은 *M. gracilis* (Lowe, 1839)으로 분류하였으며, 북서태평양에 보고된 *M. sagifue*와 *M. japonicus*를 각각 *M. scolopax*와 *M. gracilis*의 동종이명으로 간주하였다. 이후 Okada and Suzuki (1951)는 등지느러미 극조 길이에서 중간 형태가 출현하는 것을 근거로 *M. sagifue*, *M. gracilis*, *M. japonicus*를 모두 *M. scolopax*의 단일종으로 동종이명 처리하였다. Erich (1976)도 대주둥치속 어류의 등지느러미 극조 길이가 성장에 따라 바뀌는 것을 근거로 *M. scolopax* 한 종만을 인정하였다.

저자 직위: 손민수(대학원생), 김진구(교수)
*Corresponding author: Jin-Koo Kim Tel: 82-51-629-5927,
Fax: 82-51-629-5931, E-mail: taengko@hanmail.net

반면, Clarke (1984)은 *M. scolopax*에 플랑크톤 섭식자와 저서 섭식자의 2개 생태형이 존재하고, 플랑크톤 섭식자가 저서 섭식자보다 짧은 등지느러미 극조와 낮은 체고를 가진다고 보고하였다. 이후 Miyazaki *et al.* (2004)은 Clarke (1984)와 비슷하게 유어의 형태에서 두 형태형이 잘 구분되어 이를 근거로 북서태평양 대주동치에 형태 및 생태적으로 구분되는 2종(*M. scolopax*, *M. gracilis*) 이 존재할 것으로 주장하였다.

과거 연구들이 형태와 생태학적 관점에서 이루어진 반면 Robalo *et al.* (2009)은 분자 연구를 통해 두 형태형은 단순한 종내 변이일 것으로 결론 내렸다. 또한 Noguchi *et al.* (2014)은 분자 변이 연구에서 *M. scolopax*와 *M. gracilis*의 등지느러미 극조 길이의 차이는 식성 및 서식지 차이에서 비롯된 것으로 간주하였다. 그럼에도 불구하고, 일본에서는 여전히 대주동치속에 2종, *M. sagifue* 및 *M. japonicus*의 존재를 인정하고 있다(Senou, 2013). 따라서 북서태평양에 서식하는 대주동치속 어류에 대한 보다 심도깊은 연구가 필요한 실정이다.

한편, 한국의 대주동치속 어류에는 제1등지느러미 2번째 극조 길이에 의거 *M. sagifue* (대주동치)와 *M. japonicus* (붕대물치) 2종이 보고된 바 있으나(Chyung, 1977), 이후 Youn (2002)이 Linberg and Legeza (1959)를 따라 두 종을 *M. scolopax*로 변경하였고, 오늘날까지 인용되고 있다(Kim *et al.*, 2005; NIBR, 2011; MABIK, 2018; Kim *et al.*, 2019). 따라서, 여전히 분류학적으로 혼란스러운 북서태평양에 서식하는 대주동치속 어류를 실제 표본을 근거로 다양한 분석 기법을 이용한 종합적인 연구가 수행될 필요가 있다.

미토콘드리아 DNA(mtDNA)는 비교적 빠른 진화속도와, 모계유전의 특징을 가지고 있어 종의 차이를 식별하는 데 유용한 방법으로 간주되어 왔다(Brown *et al.*, 1979). MtDNA의 여러 영역 중에서도 종식별 영역인 cytochrome *c* oxidase subunit I (COI) 또는 cytochrome *b* (*cytb*) 영역과, 비암호화 영역인 control region (CR) 영역이 지금까지 광범위하게 사용되어 왔다(Wang *et al.*, 2014; Zheng *et al.*, 2015). 본 연구에서는 처음으로 한국에 서식하는 대주동치속 어류를 대상으로 mtDNA 세 영역의 염기서열을 동시에 분석하고, 나아가 일본산 대주동치속 2종(*M. sagifue*, *M. japonicus*)과 NCBI에 등록된 북서대서양 및 지중해산 대주동치(*M. scolopax*)의 염기서열을 비교하여, 처음으로 한국에 서식하는 대주동치속 어류의 정확한 분류학적 위치를 구명하고자 한다.

재료 및 방법

1. 채집 및 형태 분석

본 연구에 사용된 대주동치속 어류는 2012년 10월부터 2018년 9월까지 한국의 남해 및 제주도에서 채집된 18개체를 대상

으로 하였다. 표본은 채집 후 10% 포르말린에 고정하고 수세 후 70% 에탄올로 교체하여 보관하였다. 형태 분류는 극조가 길게 신장되어, 제2등지느러미 후단을 넘는 A-type과 극조가 제2등지느러미 선단부를 지나지 못하는 B-type으로 구분하였다(Fig. 1). 계측형질은 Bilecenoglu (2006)과 Senou (2013)을 따라 등지느러미 극조의 길이를 포함한 총 22개의 형질을 계측하였고, 계측형질의 명칭은 Bilecenoglu (2006)을 따랐다. 버니어캘리퍼스를 이용하여 0.01 mm 단위까지 측정하였으며, 측정값은 체장과 두장에 대한 백분율(%)로 환산하여 나타내었다. 비교 목적으로 일본 국립자연사박물관(NMNS)에서 *M. sagifue*, 표본 29개체, 조직 2개체, *M. japonicus*, 표본 6개체, 조직 2개체를 각각 대여받아 비교 분석에 이용하였다.

2. 분자 분석

총 DNA는 10% Chelex 100 Resin (Bio-Rad, USA)을 이용하여 어체의 체측 근육에서 추출하였다. 중합효소연쇄반응은 미토콘드리아 DNA control region (CR), cytochrome *b* (*cytb*), cytochrome *c* oxidase subunit I (COI)을 대상으로 진행했으며, 사용한 universal primer은 Table 1과 같다. 10X buffer 2 μ L, 2.5 mM dNTP 1.6 μ L, forward primer 1 μ L, reverse primer 1 μ L, TaKaRa EX-Taq polymerase 0.1 μ L (TaKaRa Bio Inc., Japan)을 넣은 혼합물에 총 DNA 2 μ L을 첨가한 후, 3차중류수를 넣어 total volume을 20 μ L로 맞추었다. 이 혼합물을 열반응기(Bio-RAD, USA)에 넣고 다음 조건에서 중합효소연쇄반응을 수행하였다: 95°C에서 5분간 초기 변성; 다음의 조건(95°C에서 1분간 변성, 54°C에서 1분간 어닐링, 72°C에서 1분간 신장)에서 35회 반복; 72°C에서 5분간 최종 신장, 염기서열은 ABI 3730xl DNA Analyzer (Applied biosystem Inc., USA)에서 ABI PRISM BigDye Terminator v3.1 Ready Reaction Cycle Sequencing Kit (Applied Biosystem Inc., USA)를 이용하여 얻었다. 염기서열은 BioEdit version 7 (Hall, 1999)의 cluster W (Tompson *et al.*, 1994)를 이용하여 정렬하였다. 유전거리는 MEGA X (Kumar *et al.*, 2018) Kimura-2-parameter 모델(Kimura, 1980)을 이용하여 계산하였으며, 계통도는 근린결합법(Neighbor joining method)을 사용하여 구하였다. 또한, MrModeltest 2.3 (Nylander, 2004)을 이용하여 각 염기서열에 적합한 진화모델을 구한 후 최대우도법(Maximum likelihood method)으로 계통도를 작성하였다. COI은 HYK+G 모델(Tavare, 1986), *cytb*는 GTR+I 모델(Tavare, 1986), CR은 HKY+I 모델(Tavare, 1986)이 적합한 것으로 나타났다. 모든 부트스트랩은 1,000번 수행하였다. 모식산지인 지중해 및 대서양에 서식하는 *M. scolopax*와 비교를 위해 National center for biotechnology information (NCBI)에서 CR (FJ457759-457763), *cytb* (FN688351-688358), COI (이탈리아: KJ709552-709556; 북서대서양: KF930099-930100; 포르투갈:

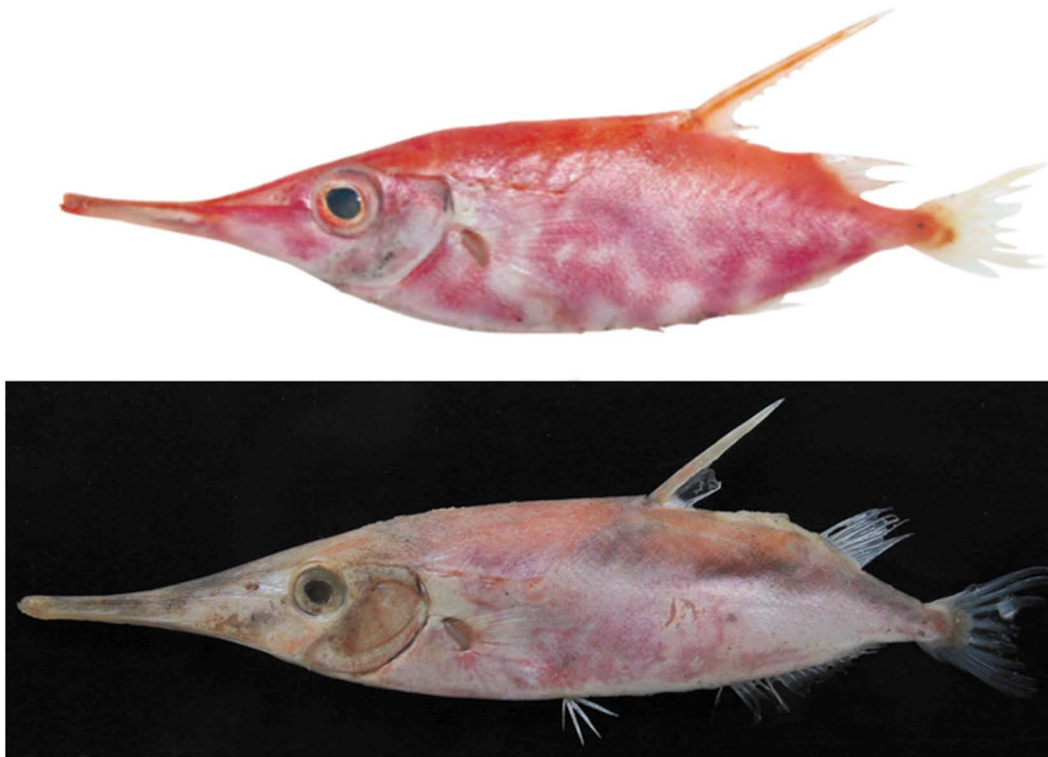


Fig. 1. Photos of *Macroramphosus* in Korea. (Above) A-type (considered as *M. sagifue* of Senou, 2013), PKU 59409, 94 mm SL; (Below) B-type (considered as *M. japonicus* of Senou, 2013), MABIK P00049040, 117 mm SL.

Table 1. Primers information used to amplify three mitochondrial regions in present study

Target gene	Primer set	Sequence	References
Control region	D'loop-Thr-F	5'-AGCACCAGTCTTGTAACCG-3'	Cheng <i>et al.</i> , 2012
	D'loop-Phe-R	5'-GGGCTCATCTTAACATCTTCA-3'	
Cytochrome <i>b</i>	CytbF	5'-GAGCGACTGTAATTACTAATC-3'	Kochzius <i>et al.</i> , 2010
	CytbR	5'-CAACAAAATTATCCGGGTCC-3'	
Cytochrome <i>c</i> oxidase subunit I	Fish F2	5'-TCGACTAATCATAAAGATATCGGCAC-3'	Ward <i>et al.</i> , 2005
	Fish R2	5'-CTTCAGGGTGACCGAAGAATCAGAA-3'	

JQ775064-775067, JQ774658) 염기서열을 이용하였다. 또한, 대만산 대주동치 B-type은 대만의 중앙연구원(Academia Sinica, ASIZP)에서 관련 정보(사진, DNA 염기서열 등)를 수집하여 함께 비교하였다.

3. 관찰 표본

1) 한국산 대주동치 A-type

PKU 7879 (어체 및 근육표본), 1개체, 남해(34°20'11.9"N 128°03'24.3"E), 2012년 10월 20일, 저층 트롤; PKU 7920-7923 (어체 및 근육표본), 4개체, 남해(34°01'25.3"N 127°09'11.8"E),

2012년 10월 21일, 저층 트롤; PKU 13599 (어체 및 근육 표본), 1개체, 2016년 채집 정보 미상 저층 트롤; PKU 16411 (어체 및 근육표본), 1개체, 제주시 한림읍(33°26'42.7"N 126°12'05.7"E), 2018년 10월 27일, 안강망; PKU 59407-59418 (어체 및 근육표본), 7개체, 제주시(33°41'24.24"N 127°52'45.29"E), 2016년 10월 12일, 저층 트롤; PKU 59547-59548 (어체 및 근육표본), 1개체, 제주시(33°46'39.91"N 129°45'9.99"E), 2016년 10월 12일, 저층 트롤; MABIK-PI00049039 (어체 및 근육표본) 1개체, 여수(34°61'99.75"N 127°83'31.42"E), 2018년 9월 17일, 외끌이 대형저인망.

2) 한국산 대주동치 B-type

PKU 8600 (어체 및 근육표본), 1개체, 남해 미조항 (34°42'35.0"N 128°02'49.3"E), 2013년 4월 18일, 선망; PKU 14054 (어체 및 근육표본), 1개체, 부산시 (35°02'23.4"N 129°03'08.2"E), 2017년 05월 26일, 선망; MABIK-PI00049040 (어체 및 근육 표본), 1개체, 제주 (33°43'81.77"N 126°22'60.93"E) 2018년 9월 19일, 저인망.

3) 일본산 대주동치 *M. sagifue*

NSMT-P 102719 (근육표본), 1개체, Fukusima Pref (36°59.76' N 141°17.4'E), 2006년 8월 26일, otter trawl; NSMT-P 103048 (근육표본), 1개체, Minamiise town, Mie Pref, 2010년 6월 10일; NSMT-P 107513-107515 (어체표본), 3개체, East China Sea, Nagasaki Pref (31°34.8'N 27°50.8'E), 2011년 4월 22일; NSMT-P 112121-112122,112125 (어체표본), 12개체, East China Sea, Kyushu (31°45.07'N 127°45.792'E), 2011년 8월 30일, otter trawl; NSMT-P 108300,108252 (어체표본), 2개체, East China Sea, Kyushu (31°43.3'N 127°50'E), 2011년 8월 22일; NSMT-P 112123-112124 (어체표본), 10개체, East China Sea, Kyushu (31°45.81'N 127°44.582'E), 2012년 4월 24일, otter trawl.

4) 일본산 대주동치 *M. japonicus*

NSMT-P 118398 (어체표본), 1개체, Kuroshio Town, Kochi Pref, 2014년 2월 17일; NSMT-P 78225 (어체표본) 4개체, Suruga bay, Shizuoka Pref, 1986년 4월 1일, trawl; NSMT-P 90913 (어체 및 근육표본), 1개체, Tosa bay, Shikoku; NSMT-P 101610 (근육표본), 1개체, Tosa bay, Kochi Pref, 2010년 3월 8일.

5) 대만산 대주동치 B-type

ASIZP080069-0800072, 3개체, Daxi, Yilan, Taiwan, 2004년 7월 19일, 저층트롤.

결 과

1. 분자 분석

한국산 대주동치 A-type, B-type을 일본에서 대어한 대주동치 *M. sagifue*, *M. japonicus*의 염기서열과 비교한 결과, CR (282 bp)에서 유전거리 0.0~3.3%로 거의 차이가 없으나, 북서대서양 *M. scolopax*와는 유전거리 9.9~11.5%로 현저한 차이를 보였다 (Fig. 2). 또한 *cyt b* (404 bp)에서는 한국 및 일본산 대주동치 두

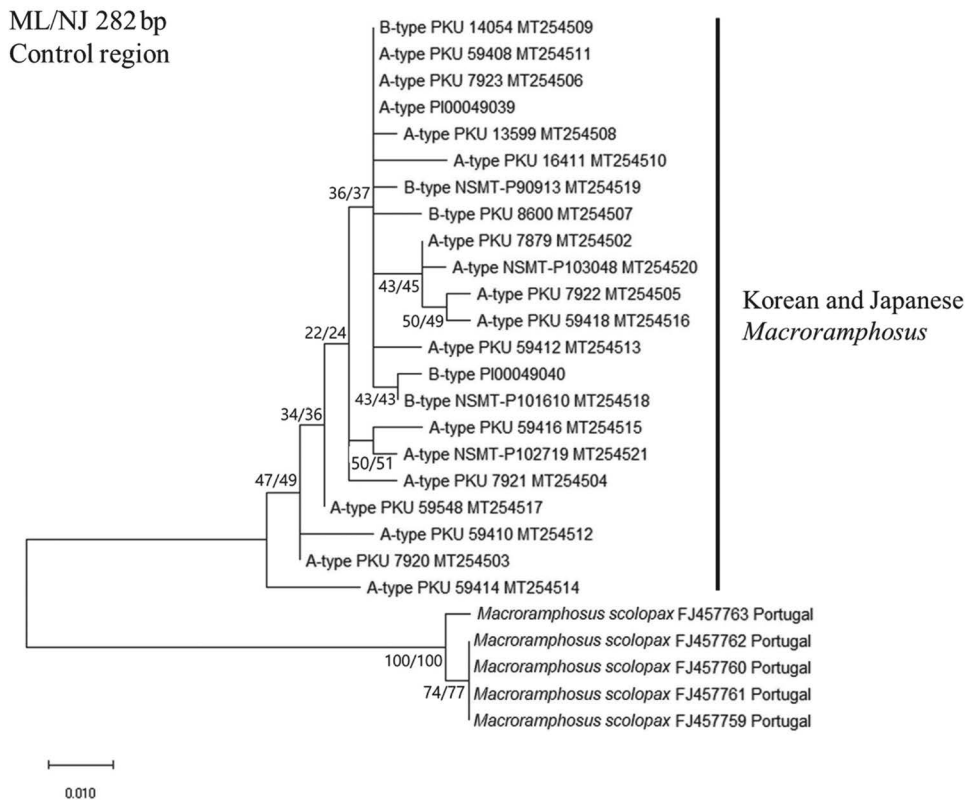


Fig. 2. ML/NJ tree based on mtDNA CR sequences showing the relationship between A-type (considered as *M. sagifue* of Senou, 2013), B-type (considered as *M. japonicus* of Senou, 2013) and *M. scolopax*.

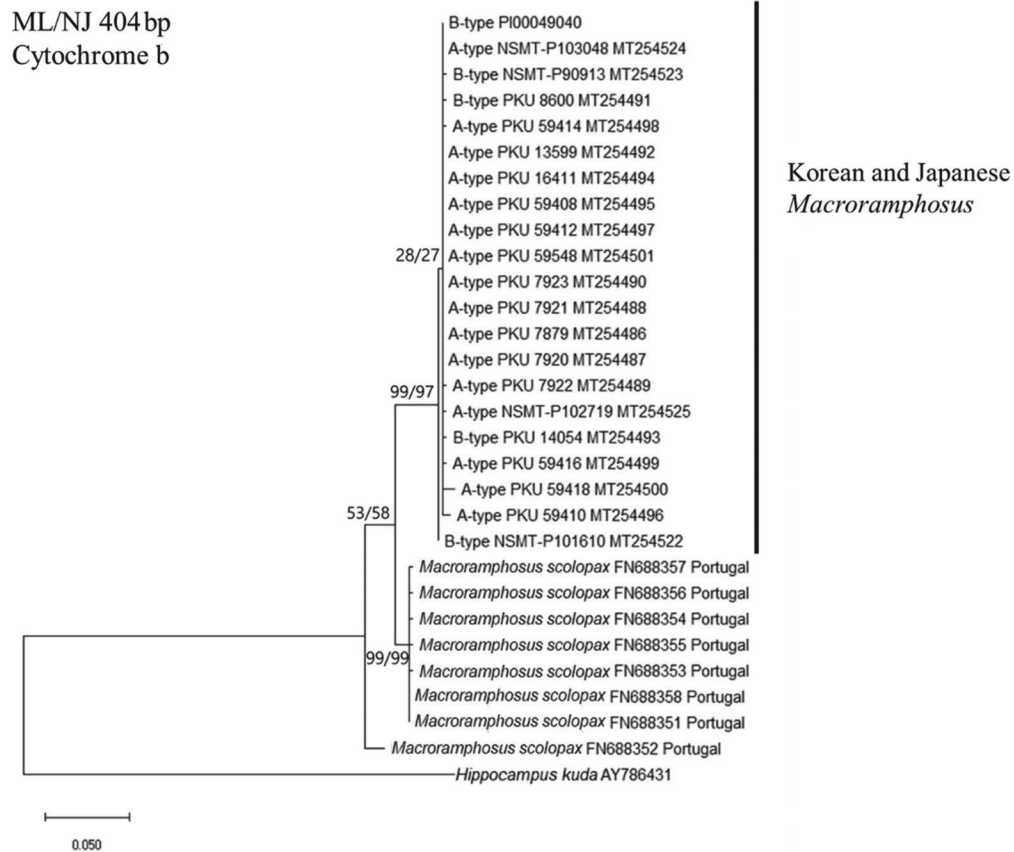


Fig. 3. ML/NJ tree based on mtDNA *cyt b* sequences showing the relationship between A-type (considered as *M. sagifue* of Senou, 2013), B-type (considered as *M. japonicus* of Senou, 2013) and *M. scolopax*.

형태형 사이의 유전거리는 0.0~1.3%로 차이가 없으나, 북서대서양 *M. scolopax*와는 3.8~4.6%로 명확히 구분되었다(Fig. 3). COI (508bp)에서는 한국 및 일본산 대주동치 두 type 사이의 유전거리는 0.0~0.5%로 차이가 없으나, 북서대서양 및 지중해에 서식하는 *M. scolopax*와는 1.2~3.6%로 잘 구분되었다(Fig. 4). 이처럼 한국산 대주동치 두 type (A-type, B-type)은 CR, *cyt b*, COI 영역에서 유전적 차이를 확인할 수 없었으나, 이와는 달리 북서대서양에 서식하는 *M. scolopax*와는 명확히 구분되었다.

2. 형태 분석

한국산 대주동치의 A-type, B-type과 일본에서 대여한 *M. sagifue*, *M. japonicus*의 22개의 계측형질 분석 결과, 두 type은 제1등지느러미 극조의 길이(A-type은 22.8~32.1%, B-type은 15.6~21.4%), 제1등지느러미와 제2등지느러미 사이 길이(A-type은 6.4~9.7%, B-type은 8.6~13.3%), 체고(A-type은 20.0~28.0%, B-type은 17.3~22.6%)에서 잘 구별되었으나(Table 2, Fig. 5), 계수형질에서는 두 type이 중복된 계수범위를 나타내었다(Table 3).

고 찰

대주동치속 어류는 제1등지느러미 제2극조의 길이와 형태에 따라 대서양에는 *M. scolopax* 및 *M. gracilis* 두 종이(Carneiro *et al.*, 2019) 일본에는 *M. sagifue*, *M. japonicus* 두 종이(Senou, 2013), 우리나라에도 과거 *M. sagifue*, *M. japonicus*의 두 종이 인정받았으나(Chyung, 1954, 1961, 1977) 최근 *M. scolopax* 한 종만이 인정받고 있다(Yoon, 2002; NIBR, 2011; MABIK, 2018). 그러나 대주동치속의 극조의 형태 및 길이에 따라 종을 분류하는 데 있어 학자들 간에 이견이 많아(Miyazaki *et al.*, 2004; Noguchi *et al.*, 2014; Senou, 2013), 본 연구를 통해 한국산 대주동치속의 학명을 재조명하고자 하였다.

계측형질에서 한국 및 일본산 대주동치속 어류는 제1등지느러미 제2극조가 긴 A-type과 짧은 B-type으로 구분되었다(Fig. 5). 한국에 서식하는 대주동치속 어류 두 type의 계측형질을 대서양에 서식하는 *M. scolopax*, *M. gracilis* 및 일본에 서식하는 *M. sagifue*, *M. japonicus*와 비교하였을 때, A-type은 *M. scolopax*, *M. sagifue*, B-type은 *M. gracilis*, *M. japonicus*와 잘 일치하는 경향을 보였다(Table 2). 한편, 두 type의 계수형질은

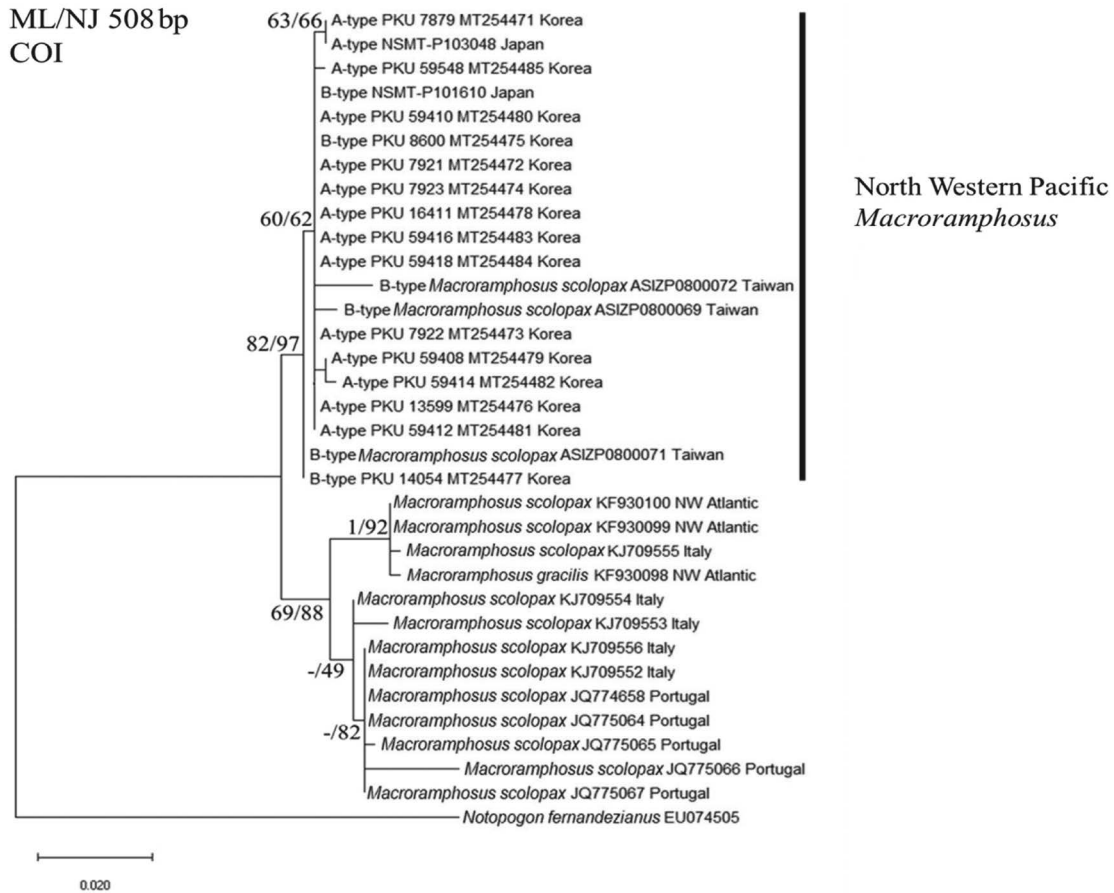


Fig. 4. ML/NJ tree based on mtDNA COI sequences showing the relationship between A-type (considered as *M. sagifue* of Senou, 2013), B-type (considered as *M. japonicus* of Senou, 2013) and *M. scolopax*, *M. gracilis*.

유의미한 차이를 확인할 수 없었으며, 나아가 지중해에 서식하는 *M. scolopax* 및 *M. gracilis*와 태평양에서 보고된 *M. sagifue* 및 *M. japonicus*의 원기재와 비교하였을 때 대부분 중복되었다 (Table 3). 일반적으로 종을 분류하는 데 있어 계수형질이 중요하게 적용되지만, 대주동치속 어류는 종에 관계없이 중복된 범위를 보여 분류형질로 사용하기 어려웠다.

대서양에 서식하는 대주동치속 어류에는 등지느러미 극조가 길고, 뒤에 소극이 존재하는 *M. scolopax*와 등지느러미 극조가 짧고 소극이 존재하지 않는 *M. gracilis* 두 종이 알려져 있다 (Bilecenoglu, 2006; Carneiro *et al.*, 2019). 북서태평양에 서식하는 대주동치속 어류 또한 등지느러미 극조의 길이 및 형태로 *M. sagifue*, *M. japonicus*로 구분된다 (Senou, 2013). 본 연구에서 나타난 대주동치속 극조의 두 type (A-type, B-type)은 분포지역에서 멀리 떨어진 지역임에도 불구하고 북서태평양과 대서양에서 모두 보고된 바 있으며 (Miyazaki *et al.*, 2004; Robalo *et al.*, 2009), 이와 관련으로 Clark (1984)와 Miyazaki *et al.* (2004)은 등지느러미 극조가 길고, 체고가 높은 형태를 바닥에서 저서동물을 섭이하는데 적응된 형태, 등지느러미 극조가 짧고, 체

고가 낮은 형태를 중층에서 플랑크톤을 섭이하는 데 적응된 형태로 간주하였다. 또한 Kuranga and Sasaki (2000)는 두 대양의 대주동치속 어류가 자어의 꼬리지느러미 길이 (일본산은 척색장 2.48 mm에서 전장의 44.4%, 지중해산은 척색장 2.68 mm에서 전장의 33.6%) 및 체측 표면의 극의 발달시기에서 차이가 있음을 보고하였다. 즉, 일본에 서식하는 대주동치속 어류는 *M. scolopax* (모식산지: 지중해)와 별종임을 암시한다. 분포 지역에서 멀리 떨어진 지역임에도 불구하고 두 종간 유사한 계수 범위와 외부형태를 보이는 것은 그들 사이의 비슷한 먹이 선택에서 비롯된 진화의 결과로 사료된다 (Matthiessen *et al.*, 2003; Miyazaki *et al.*, 2004).

한국산 대주동치속 두 type을 지중해산 *M. scolopax*와 염기서열을 비교한 결과, COI에서 1.2~3.6%, cyt b에서 3.8~4.6%, CR에서 9.9~11.5%의 차이로 확인되었다. Robalo *et al.* (2009)은 북대서양 및 지중해에 서식하는 두 종 (*M. scolopax*, *M. gracilis*)의 mtDNA CR과 nDNA S7 영역의 염기서열을 분석한 결과, 형태와 상관없이 두 종이 모두 유집되는 결과를 나타내었다. Robalo *et al.* (2009)과 유사하게, 일본산 대주동치속 어

Table 2. Comparison of morphometric characters of longspine snipefish between northwestern Pacific and Mediterranean Sea

Measurements	Present study				Bilecenoglu (2006)	
	A-type	<i>M. sagifue</i>	B-type	<i>M. japonicus</i>	<i>M. scolopax</i>	<i>M. gracilis</i>
	Korea	Japan	Korea	Japan	Mediterranean	
Number of specimens	15	14	3	17	9	16
Standard length (mm)	91.0~101.0	77.0~168.0	51.0~117.0	83.0~186.0	56.0~106.0	43.0~106.0
In % of standard length						
Head length	45.1~46.9	44.1~49.6	42.8~45.6	44.4~48.0	44.8~49.1	42.2~50.2
Snout length	29.1~31.4	29.0~33.6	27.8~30.6	29.7~33.3	28.0~34.6	27.7~34.5
Postopercular body length	51.3~54.1	50.5~58.3	53.5~54.4	51.4~55.7	50.6~58.0	50.1~56.2
Body depth	23.3~25.9	20.0~28.0	17.3~20.9	19.3~22.6	21.7~26.9	18.5~22.1
Second dorsal spine of the first dorsal fin	24.8~29.7	22.8~32.1	15.6~20.1	16.4~21.4	21.4~32.1	13.1~23.7
Length before dorsal spine	68.6~72.2	66.9~73.5	62.5~67.6	66.0~69.8	21.9~29.4	16.4~24.2
Length after dorsal spine	26.5~29.4	24.~31.5	31.5~33.7	29.1~33.0	22.0~29.2	25.7~37.3
Preanus length	73.3~76.4	73.3~77.3	71.2~74.0	72.7~78.0	—	—
Preanal fin length	75.5~79.1	76.8~80.4	75.3~78.0	74.6~80.2	—	—
Pectoral fin length	11.7~15.4	12.0~15.2	11.9~12.8	11.6~14.7	—	—
Pectoral fin base length	3.3~3.7	3.0~3.9	3.1~4.3	3.3~4.1	—	—
Pelvic fin length	5.2~7.9	3.4~6.5	4.5~7.0	4.1~6.4	—	—
Caudal peduncle depth	3.2~3.9	3.1~4.2	3.5~3.6	3.2~4.0	—	—
Caudal peduncle length	7.9~9.5	6.3~8.0	8.0~9.8	6.3~9.0	—	—
Distance between two dorsal fin	7.2~9.7	6.4~9.1	11.5~13.3	8.6~12.2	—	—
Eye diameter	7.8~8.8	6.4~9.0	6.4~8.3	5.8~7.6	—	—
First dorsal fin base length	6.8~8.1	5.6~7.5	5.1~6.6	5.5~7.8	—	—
Second dorsal fin base length	5.5~7.5	4.7~6.6	4.1~5.7	3.9~6.2	—	—
In % of head length						
Eye diameter	17.0~19.5	13.3~19.0	14.4~18.1	12.6~16.5	16.7~21.4	14.5~18.0
Snout length	64.2~67.9	62.6~70.3	62.7~68.4	65.9~73.6	62.5~70.3	61.8~68.8
Postocular head length	16.0~18.3	14.6~18.4	18.4~21.3	16.8~21.7	14.2~17.3	14.7~21.9
In % of distance between the two dorsal fins						
Eye diameter	82.8~110.7	82.4~132.6	51.3~72.0	54.8~87.7	165.3~249.1	58.2~99.1
In % of postocular head length						
Eye diameter	93.7~107.7	88.7~112.7	78.6~85.0	67.4~92.2	103.1~135.5	79.1~99.5
In % of postopercular body length						
Length of dorsal spine	46.0~55.8	44.5~61.8	29.2~37.6	30.0~39.6	39.7~59.1	26.1~42.7
Body depth	44.1~48.5	41.0~53.3	32.3~39.1	35.8~43.8	42.5~50.9	33.3~43.7
In % of length before the dorsal spine						
Body depth	33.2~36.9	30.0~40.0	27.6~30.9	28.3~33.8	86.3~103.6	78.7~118.1
In % of length after the dorsal spine						
Body depth	79.9~90.0	76.9~112.0	51.3~66.2	58.6~72.0	76.1~118.7	52.0~85.2

류에서는 유전적으로 구분되지 않았으나, 두 대양 사이에는 의미 있는 유전적 차이가 보고된 바 있다(Noguchi *et al.*, 2014). 이후 Noguchi *et al.* (2016)은 유전적 차이와 함께 형태적 차이를 보고하면서, 두 대양의 대주둥치속 어류는 명확히 구분되어야 한다고 주장하였고, 이에 따라 Senou (2013)는 유전적인 차이는 없지만, 명확한 형태적 및 생태적으로 구별되는 두 종으로 인정하였다. 따라서 본 연구결과, 두 type 간 mtDNA 염기

서열에서 의미있는 차이는 발견하지 못했으나, 형태 및 생태에서 구분되고(Miyazaki *et al.*, 2004; Noguchi *et al.*, 2014; 본 연구), 나아가 지중해산 *M. scolopax*와 형태(Kuranga and Sasaki, 2000; Noguchi *et al.*, 2016) 및 유전(Noguchi *et al.*, 2014; 본 연구)에서 구분되는 점에 근거하여, 한국산 대주둥치의 학명을 Yoon (2002)이 제시한 *M. scolopax*에서 *M. japonicus* (및/또는 *M. sagifue*)로 변경함이 타당해 보인다. 최근 mtDNA에서 정확

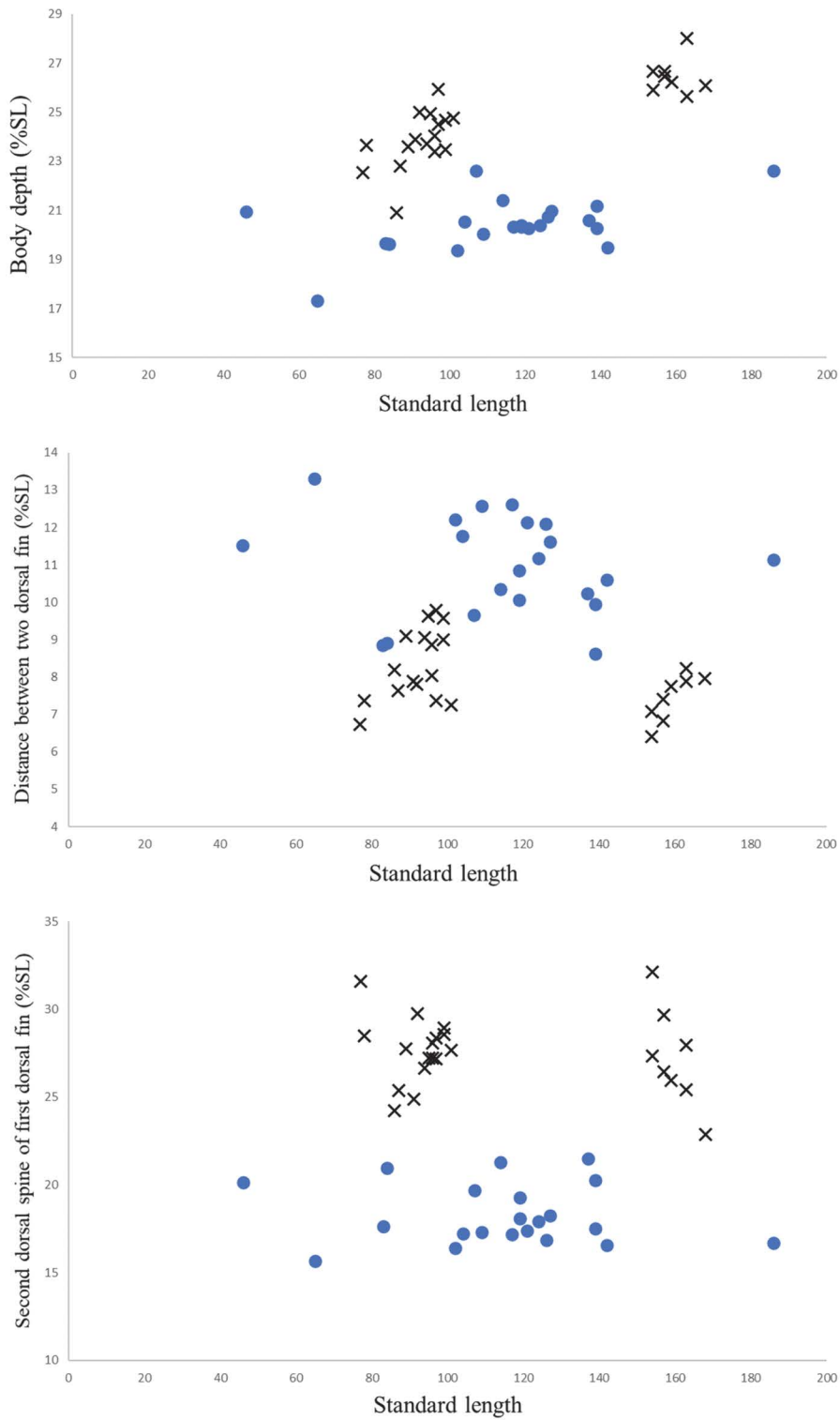


Fig. 5. Percentage (% SL) of three morphometric characters with growth, showing clear separation between type-A (cross) and type-B (circle).

한 종의 식별이 불가능한 경우, AFLP, microsatellite와 같은 방법을 사용하여 종을 식별한 연구결과가 있다(Kai *et al.*, 2002; Kai and Nakabo, 2008; Hsu and Lin, 2008; Muto *et al.*, 2011,

2019). 따라서 대주둥치속에서 나타나는 유의한 형태적, 생태적 두 type 간 유전적 교류의 정도를 파악하기 위해서는 보다 민감한 마커를 사용한 후속연구가 필요할 것이다.

Table 3. Comparison of meristic characters of longspine snipefish between present study and original description

Counts	Present study		Jordan & Starks, 1902	Günther, 1861	Linnaeus, 1758	Lowe, 1839
	A-type	B-type	<i>M. sagifue</i>	<i>M. japonicus</i>	<i>M. scolopax</i>	<i>M. gracilis</i>
	Korea	Korea				
Number of specimens	15	3	4	2	1	—
Standard length (mm)	91.0~101.0	51.0~117.0	—	—	—	—
Character						
Total vertebrae	22~24	23~24	—	—	—	—
Total gill raker	15~20	18~23	—	—	—	—
1 st dorsal spine	IV~V	IV~V	V	IV~V	V	IV~V
2 nd dorsal ray	10~12	8~12	12	11	12	11
Pectoral fin	14~17	13~16	—	16	14	15
Anal fin	17~19	17~18	18 or 19	18~19	18	17
Pelvic fin	I,4	I,4	—	5	—	I,4

요 약

본 연구는 예전부터 혼란스러웠던 한국산 대주동치속, *Macroramphosus* 어류의 분류학적 위치를 명확히 하기 위해, 한국산 18개체를 일본/대만산 35개체 및 지중해산 *M. scolopax*와 형태 및 분자 변이를 비교 분석하였다. 한국, 일본 및 대만산 대주동치속 어류는 제1등지느러미 극조 길이(A-type은 22.8~32.1%, B-type은 15.6~21.4%), 제1등지느러미와 제2등지느러미 사이 길이(A-type은 6.4~9.7%, B-type은 8.6~13.3%), 체고(A-type은 20.0~28.0%, B-type은 17.3~22.6%)에서 두 type으로 명확히 구분되었으나, 유전적으로는 구분되지 않았다(CR에서 0.0~3.3%, cyt b에서 0.0~1.3%, COI에서 0.0~0.5%). 한편, 한국산 대주동치는 지중해산 *M. scolopax*와 유전적으로 명확히 구분되어(CR에서 9.9~11.5%, cyt b에서 3.8~4.6%, COI에서 1.2~3.6%), 최근 사용하고 있는 학명 *M. scolopax*를 *M. japonicus* (및/또는 *M. sagifue*)로 변경해야 할 것이다. 그러나, 본 연구에서 두 type 간 형태변이와 분자변이 간 일치성을 찾지 못했으며, 이는 아마도 그들간에 분화가 상당히 최근에 일어났음을 시사한다. 두 type 간 유전자 교류 정도를 파악하려면 향후 microsatellite와 같은 보다 민감한 마커를 이용한 후속 연구가 필요할 것이다.

사 사

이 논문은 2019학년도 부경대학교 연구[III] 교원 지원사업에 의하여 연구되었습니다. 또한 이 논문의 완성도를 높여 주신 심사위원회 감사드립니다.

REFERENCES

Bilecenoglu, M. 2006. Status of the genus *Macroramphosus* (Syn-gnathiformes: Centriscidae) in the eastern Mediterranean Sea. *Zootaxa*, 1273: 55-64.

Brown, W.M., M. George and A.C. Wilson. 1979. Rapid evolution of animal mitochondrial DNA. *Proc. Natl. Acad. Sci., U.S.A.*, 76: 1967-1971. <https://doi.org/10.1073/pnas.76.4.1967>.

Carneiro, M., R. Martins, F. Reiner and I. Bastista. 2019. Ichthyofauna of Portugal: Taxonomic diversity, common and scientific names of marine fishes. Vol. I. I.P.M.A., I.P., Lisbon, Portugal, 376pp.

Cheng, Y.Z., T.J. Xu, X.X. Jin, D. Tang, T. Wei, Y.Y. Sun and R.X. Wang. 2012. Universal primers for amplification of the complete mitochondrial control region in marine fish species. *Mol. Biol.*, 46: 727-730. <https://doi.org/10.1134/S0026893312040024>.

Chyung, M.K. 1954. Korean fishes. Ministry of Trade, Seoul, Korea, p. 207.

Chyung, M.K. 1961. Illustrated encyclopedia the fauna of Korea (2) fishes. The ministry of Education, Seoul, Korea, pp. 298-299.

Chyung, M.K. 1977. The fishes of Korea. Iljisa, Seoul, Korea, pp. 269-270.

Clarke, T.A. 1984. Diet and morphological variation in snipefishes, presently recognized as *Macrorhamphosus scolopax*, from southeast Australia: evidence for two sexually dimorphic species. *Copeia*, 1984: 595-608. <https://doi.org/10.2307/1445140>.

Ehrlich, S. 1976. On the taxonomy, ecology and growth of *Macroramphosus scolopax* (Linnaeus, 1758) (Pisces, Syngnathiformes) from the subtropical northeast Atlantic. *Ber. Dt. Wiss. Kommn. Meeresforsch.*, 24: 251-266.

Hall, T.A. 1999. BioEdit: a user-friendly biological sequence align-

- ment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. Nucleic. Acids. Symp. Ser., 41: 95-98.
- Hsu, T.H. and K.H. Lin. 2008. Genetic relationship among four subspecies of cherry salmon (*Oncorhynchus masou*) inferred using AFLP. Mol. Phylogenet. Evol., 48: 776-781.
- Kai, Y. and T. Nakabo. 2008. Taxonomic review of the *Sebastes inermis* species complex (Scorpaeniformes: Scorpaenidae). Ichthyol. Res., 55: 238-259. <https://doi.org/10.1007/s10228-007-0029-7>.
- Kai, Y., K. Nakayama and T. Nakabo. 2002. Genetic differences among three colour morphotypes of black rockfish, *Sebastes inermis*, inferred from mtDNA and AFLP analysis. Mol. Ecol., 11: 2591-2598. <https://doi.org/10.1046/j.1365-294X.2002.01628.x>.
- Kim, I.S., Y. Choi, C.L. Lee, Y.J. Lee, B.J. Kim and J.H. Kim. 2005. Illustrated book of Korean fishes. Kyohak Publishing Co. Ltd., Seoul, Korea, 615pp.
- Kim, J.K., J.H. Ryu, H.J. Kwon, H.S. Ji, J.H. Park, S.H. Myoung, Y.S. Song, S.J. Lee, H.J. YU, S.E. Bae, S.H. Jang and W.J. Lee. 2019. Distribution map of sea fishes in Korean Peninsula. Maple design, Busan, Korea, 541pp.
- Kimura, M. 1980. A simple method for estimating evolutionary rates of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences. J. Mol. Evol., 16: 111-120.
- Kochzius, M., C. Seidel, A. Antoniou, S.K. Botla, D. Campo, A. Cariani and G. Hreggvidsson. 2010. Identifying fishes through DNA barcodes and microarrays. PLoS One, 5: e12620. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0012620>.
- Kumar, S., G. Stecher, M. Li, C. Knyaz and K. Tamura. 2018. MEGA X: Molecular evolutionary genetics analysis across computing platforms. Mol. Biol. Evol., 35: 1547-1549. <https://doi.org/10.1093/molbev/msy096>.
- Kuranaga, I. and K. Sasaki. 2000. Larval development in a snipefish (*Macroramphosus scoplopax*) from Japan with notes on eastern Pacific and Mediterranean *Macroramphosus* larvae (Gasterosteiformes, Macroramphosidae). Ichthyol. Res., 47: 101-106.
- Lindberg, G.U. and M.I. Legeza. 1959. Fishes of the Sea of Japan and the adjacent areas of the Sea of Okhotsk and the Yellow Sea, part 2, Teleostomi, xii. Israel Program for Scientific Translations, Jerusalem.
- MABIK (Marine Biodiversity Institute of Korea). 2018. National list of marine species. Namu Press, Seochon, Korea, p. 33.
- Matthiessen, B., H.O. Fock and H. von. Westernhagen. 2003. Evidence for two sympatric species of snipefishes *Macroramphosus* spp. (Syngnathiformes, Centriscidae) on Great Meteor Seamount. Helgol. Mar. Res., 57: 63. <https://doi.org/10.1007/s10152-002-0133-z>.
- Miyazaki, E., K. Sasaki, T. Mitani, M. Ishida and S. Uehara. 2004. The occurrence of two species of *Macroramphosus* (Gasterosteiformes: Macroramphosidae) in Japan: morphological and ecological observations on larvae, juveniles, and adults. Ichthyol. Res., 51: 256-262. <https://doi.org/10.1007/s10228-004-0227-5>.
- Mohr, E. 1937. Revision der Centriscidae (Acanthopterygii, Centrisciformes). Dana Rep., 13: 1-69.
- Muto, N., Y. Kai and T. Nakabo. 2011. Genetic and morphological differences between *Sebastes vulpes* and *S. zonatus* (Teleostei: Scorpaeniformes: Scorpaenidae). Fish. Bull., 109: 429-439.
- Muto, N., Y. Kai and T. Nakabo. 2019. Taxonomic review of the *Sebastes vulpes* complex (Scorpaenoidei: Sebastidae). Ichthyol. Res., 66: 9-29. <https://doi.org/10.1007/s10228-018-0641-8>.
- Nelson, J.S., T.C. Grande and M.V.H. Wilson. 2016. Fishes of the world, 5th ed. John Wiley & Sons Inc., New Jersey, U.S.A., 410pp.
- NIBR (National Institute of Biological Resources). 2011. National list of species of Korea (Vertebrates). NIBR, Incheon, Korea, p. 69.
- Noguchi, T., K. Sakuma, T. Kitahashi, H. Itoh, Y. Kano, G. Shinohara and S. Kojima. 2014. No genetic deviation between two morphotypes of the snipefishes (Macroramphosidae: *Macroramphosus*) in Japanese waters. Ichthyol. Res., 62: 368-373. <https://doi.org/10.1007/s10228-014-0443-6>.
- Noguchi, T., T. Kitahashi, G. Shinohara, J. Hashimoto and S. Kojima. 2016. Morphological differences among snipefishes (Macroramphosidae: *Macroramphosus*) from the Pacific and Atlantic oceans. Plankton Benthos Res., 11: 147-150. <https://doi.org/10.3800/pbr.11.147>.
- Okada, Y. and K. Suzuki. 1951. A review on the *Macroramphosus* fishes of Japan. Rep. Fac. Fish. Pref. Univ. Mie, 1: 7-11.
- Robalo, J.I., C. Sousa-Santos, H. Cabral, R. Castilho and V.C. Almada. 2009. Genetic evidence fails to discriminate between *Macroramphosus gracilis* Lowe 1839 and *Macroramphosus scolopax* (Linnaeus 1758) in Portuguese waters. Mar. Biol., 156: 1733-1737. <https://doi.org/10.1007/s00227-009-1197-y>.
- Senou, H. 2013. Macroramphosidae. In: Nakabo, T. (ed.), Fishes of Japan with pictorial keys to the species, 3rd ed. Tokai Univ. Press, Kanagawa, Japan, p. 611.
- Shao, K.T., H.C. Ho, P.L. Lin, P.F. Lee, M.Y. Lee, C.Y. Tsai, Y.C. Liao and Y.C. Lin. 2008. A checklist of the fishes of southern Taiwan, northern South China Sea. Raffles. Bull. Zool., 19: 233-271.
- Tavare, S. 1986. Some probabilistic and statistical problems in the analysis of DNA sequences. Lectures Math. Life Sci., 17: 57-86.
- Tompson, J.D., D.G. Higgins and T.J. Gibson. 1994. CLUSTAL W: Improving the sensitivity of progressive multiple sequence weighing, position-specific gap penalties, and weight matrix choice. Nucleic Acids Res., 22: 4673-4680.
- Wang, J., P. Sun and F. Yin. 2014. Low mtDNA Cytb diversity and shallow population structure of *Eleutheronema tetradactylum* in the East China Sea and the South China Sea. Biochem. Syst. Ecol., 55: 268-274. <https://doi.org/10.1016/j.bse.2014.03.026>.

- Ward, R.D., T.S. Zemlak, B.H. Innes, P.R. Last and P.D. Hebert. 2005. DNA barcoding Australia's fish species. *Philos. Trans. R. Soc. Lond. B. Biol. Sci.*, 360: 1847-1857. <https://doi.org/10.1098/rstb.2005.1716>.
- Youn, C.H. 2002. Fishes of Korea with pictorial key and systematic list. Academic Seojeok, Seoul, Korea, 694pp.
- Zheng, W., L. Zou and Z. Han. 2015. Genetic analysis of the populations of Japanese anchovy *Engraulis japonicus* from the Yellow Sea and East China Sea based on mitochondrial cytochrome b sequence. *Biochem. Syst. Ecol.*, 58: 169-177. <https://doi.org/10.1016/j.bse.2014.12.007>.