# 한국 서해 남부해역에서 채집된 도화뱅어. Neosalanx anderssoni (뱅어과) 자치어의 분자 동정 및 첫 형태기재

*구서연 • 명세후*<sup>1</sup> • *김진구*<sup>∗</sup>

국립부경대학교 수산생명과학부 자원생물학전공, '국립수산과학원 수산자원연구센터

Molecular Identification and First Morphological Description of Larvae and Juveniles of Neosalanx anderssoni (Salangidae) Collected from the Southwestern Sea of Korea by Seo-Yeon Koo, Se-Hun Myoung<sup>1</sup> and Jin-Koo Kim\* (Department of Marine Biology, Pukyong National University, Busan 48513, Republic of Korea; <sup>1</sup>Fisheries Resources Research Center, National Institute of Fisheries Science, Tongyeong 53064, Republic of Korea)

ABSTRACT During ichthyoplankton survey in the southwestern sea of Korea, we collected six individuals of noodlefish larvae and juveniles between April and May 2023. They were identified as Neosalanx anderssoni by mitochondrial DNA cytochrome c oxidase subunit I or 16S ribosomal RNA sequences, and their external morphological traits were described for the first time. All six individuals have a slender and elongated body. When preflexion and flexion larval stages (10.24 mm notochord length, NL and 15.47 mm total length, TL, respectively), oval-shaped black melanophores were distributed in a row along the ventral side of the gut. However, when postflexion larval and juvenile stages (23.58~25.90 mm TL, and 29.20~31.26 mm TL, respectively), melanophores on the ventral side of the gut were disappeared, and dark spot-shaped melanophores appeared along the dorsal side of the gut in a single row. Also, from the postflexion larval stage (23.58 mm TL), two large black spots began to appear symmetrically on the caudal fin. Our results suggest that N. anderssoni may use coastal area as spawning and/or nursery ground unlike previous study (Kim and Park, 2002).

Key words: COI, juveniles, Korea, larvae, morphological description, Neosalanx and erssoni, 16S

#### 서 론

뱅어과(Salangidae) 어류는 전 세계적으로 7속 18종(Fu et al., 2012), 국내에는 4속 7종(MABIK, 2023)이 보고되어 있 다. 그중 도화뱅어속(Neosalanx) 어류에는 도화뱅어(Neosalanx anderssoni), 실뱅어 (Neosalanx hubbsi), 젓뱅어 (Neosalanx jordani) 3종이 알려져 있다(MABIK, 2023). 뱅어과 어류는 주 로 강 하구에 서식하며, 뱅어(Salangichthys microdon)를 제외하 면 대부분 황해로 유입되는 강이나 하천 주위에서 발견된다(Fu et al., 2005; Kim et al., 2005; Fu et al., 2012). 도화뱅어는 목포, 영광, 군산 등 서해 남부~중부해역에 걸쳐 분포하며(Kim et al.,

2005; Jeong et al., 2015), 연안에서 성장한 후 산란기가 되면 하 구를 지나 강으로 거슬러 올라가는 소하성 어류로 알려져 있다 (Kim and Park, 2002; Fu et al., 2005). 하지만, 최근에 와서 이석 의 미량원소 분석을 통해 뱅어과 어류가 연안에서 산란하는 종 으로 새롭게 제시되어(Shiao et al., 2016) 이에 대한 추가 연구가 필요한 실정이다.

뱅어과 어류는 식용으로 이용되는 상업종으로, 집단유전 (Kim et al., 2006, 2007a), 분자계통(Zhang et al., 2007; Fu et al., 2012), 자치어 4종의 형태(Okiyama, 2014), 서식지와 이동패턴 (Shiao et al., 2016) 등 다양한 연구가 수행되었으나 국내외적으 로 도화뱅어 자치어에 관한 연구는 전무하다. 자치어 시기에는 성장에 따라 형태 변화가 극적으로 나타나기 때문에, 발달단계 별 형태적 특징을 상세히 기술하여 정확한 종 동정에 이용할 필 요가 있다. 따라서 본 연구는 2023년 4~5월에 한국의 서해 남부

저자 직위: 구서연 (학부생), 명세훈 (연구사), 김진구 (교수)

<sup>\*</sup>Corresponding author: Jin-Koo Kim Tel: 82-51-629-5927.

Fax: 82-51-629-5931, E-mail: taengko@hanmail.net

해역에서 채집된 도화뱅어 자치어를 대상으로 분자 특징 및 발 달단계별 형태 특징을 제공하고, 나아가 유사종 자치어와의 형태 식별 key를 제공하고자 한다.

## 재료 및 방법

#### 1. 시료 채집

자치어 조사는 2023년 4~5월에 전라남도 영광군 수심 3.5~13.0 m 범위의 칠산도 주변 해역(Fig. 1)에서 어선(8t)을 용 선하여 수행하였다. 본 연구에 사용된 시료는 RN80 네트(망구 직경 80 cm, 망목 0.333 mm)에 유량계를 부착하여 1~2 knots 속 도로 정점별 수심을 고려해 수평 또는 경사인망 방식으로 채집 되었다. 채집된 자치어 중 가늘고 긴 체형의 자치어를 1차 선별 한 후 보존상태가 양호한 전기자어 1개체, 중기자어 1개체, 후 기자어 2개체, 치어 2개체를 대상으로 분석에 이용하였다. 확보 된 시료는 부경대학교 어류플랑크톤 실험실(Pukyong National University, Ichthyoplankton Laboratory, PKUI)에 등록(PKUI 1143-1148) 및 94% 에틸알코올(EtOH)에 수용, 보관하였다. 칠 산도 주변 해역의 수온 및 염분은 수질측정기(YSI, YSI Inc.)를 이용하여 측정하였다.

#### 2. 분자 동정

Total DNA는 Chelex 100 resin (Bio-rad, U.S.A) 또는 DNA extraction kit (AccuPrep Genomic DNA Extraction Kit, Bioneer, Dajeon, Korea)를 이용하여 자치어의 왼쪽 눈알에서 추출하였 다. 10% Chelex resin 용액 150 μL에 알코올을 제거한 눈알 조



Fig. 1. Map showing the sampling area of larvae and juveniles of *Neosalanx anderssoni* from Chilsan-do Island, southwestern sea of Korea.

직을 넣고, Thermal cycler (Bio-Rad T-100, Hercules, California, USA)를 사용하여 60°C에서 20분, 99°C에서 25분 동안 두었 다. DNA extraction kit는 제조업자의 프로토콜을 따라 Total DNA를 추출하였다. 중합효소연쇄반응(PCR)은 Mitochondrial DNA cytochrome c oxidase subunit I (COI) 영역, Mitochondrial DNA 16s ribosomal RNA(16s rRNA) 영역을 대상으로 진행하 였다. 추출한 Total DNA는 Ward et al. (2005) 연구진의 FishF1 (5'-TCA ACC AAC CAC AAA GAC ATT GGC AC-3')과 FishR1 (5'-TAG-ACT-TCT-GGG-TGG-CCA-AAG-AAT-CA3') primer 와 Palumbi (1996)의 16Sar (5'-CGC CTG TTT ATC AAA AAC AT-3'), 16Sbr (5'-CCG GTC TGA ACT CAG ATC AGG T-3') primer를 이용하여 증폭하였다. 10X PCR buffer 2 μL, 20 mM dNTP 1.6 µL, Forward and reverse primer 각 0.5 µL, TaKaRa EX-Taq polymerase 0.1 μL를 넣은 혼합물에 DNA 2 μL를 첨가 한 뒤, 3차 증류수로 총 부피를 20 µL로 맞추었다. 그 후, Thermal cycler (Bio-Rad T-100, Hercules, California, USA)를 사용하여 다음과 같은 조건의 PCR 프로토콜을 수행하였다.

- 1) COI: Initial denaturation 94°C에서 4분; PCR reaction 35 cycles (denaturation 94°C에서 30초, annealing 52°C에서 30 초, extension 72°C에서 30초); final extension 72°C에서 7분.
- 2) 16S rRNA: Initial denaturation 95°C에서 5분; PCR reaction 35 cycles (denaturation 94°C에서 30초, annealing 54°C에서 45초, extension 72°C에서 45초); final extension 72°C에서 7분.

분석된 염기서열은 BioEdit Ver.7 (Hall, 1999)의 Clustal W (Thompson et al., 1994)를 이용하여 정렬하였다. 유전거리는 MEGA XI (Tamura et al., 2021) 프로그램의 Kimura-2-parameter 모델 (Kimura, 1980)을 이용하여 Pairwise distance를 계산하 였다. 근린결합수(Neighbor joining tree, NJ tree)는 MEGA XI (Tamura et al., 2021)를 이용하여 작성되었으며, 이때 Bootstrap 은 1,000번 수행되었다. 뱅어과 자치어 6개체의 COI 염기서 열은 National Center for Biotechnology Information (NCBI)에 등록하였으며, accession number (PKUI1143: PP355528; PKU I1144: PP355518; PKUI1145: PP359448; PKUI1146: PP359449; PKUI1147: PP359450; PKUI1148: PP359560)를 부여받았다. 이후 염기서열 비교를 위해 NCBI에 등록되어 있는 도화뱅어 성어(HM151560, HM151507)의 염기서열과 뱅어과 어류 2종 (젓뱅어, Neosalanx jordani, HM151574, HM151526; 뱅어, Salangichthys microdon, FJ205609, AB246185)의 염기서열을 이용 하였다.

#### 3. 형태관찰

자치어의 각 부위별 용어는 Okiyama (2014)를 참고하였다. 자치어의 외부형태는 입체해부현미경(SZH-16, Olympus, Japan) 을 이용하여 관찰하였으며, 전장(total length, TL), 체장(stand-



**Fig. 2.** Neighbor-joining (NJ) tree showing the phylogenetic relationships among the species of the Family Salangidae including *Neosalanx anders*soni and one outgroup (*Plecoglossus altivelis*) based on mitochondrial DNA cytochrome oxidase subunit I (COI; A) and 16S ribosomal RNA (16S rRNA; B) sequences. The NJ tree was constructed using the Kimura-2-parameter model and 1,000 bootstrap replications. Scale bar indicates genetic distance of 0.02 and 0.01. Parenthesis and superscript indicate voucher number and NCBI registration number, respectively.

ard length, SL), 척색장(notochord length, NL), 항문전장(preanus length), 체고(body depth), 두장(head length), 안경(eye diameter) 은 현미경용 사진촬영장치(Mosaic 2.0; Fuzhou Tucsen photonics, China)를 이용하여 0.01 mm 단위까지 측정하였다. 측정된 값은 체장(standard length, SL), 척색장(notochord length, NL) 또는 두장(head length, HL)에 대한 백분비(%)로 환산하여 나타 냈다. 계측이 끝난 자치어는 발달단계별 형태 특징을 상세하게 묘사하기 위해 각 단계별로 한 개체씩 스케치하였다.

## 결 과

### 1. 해양환경

도화뱅어 자치어가 채집된 전남 영광 칠산도 주변 해역은 수

심이 3.5~13.0 m 범위로 매우 얕고 조류가 강한 곳으로 채집시 기(4~5월)의 표층수온은 11.9~19.4°C, 표층염분은 29.8~31.0 psu 범위로 짧은 기간임에도 불구하고 표층수온의 변동폭 이 매우 컸다. 4월의 표층수온 범위는 11.9~14.8°C, 5월은 16.6~19.4°C로 나타나 한 달 사이에 비교적 큰 폭으로 상승하였 다. 표층염분은 조사기간 동안 변동폭이 크지 않았다.

#### 2. 분자 동정

채집된 뱅어과 자치어의 분자 수준의 종 검증을 위하여 미토 콘드리아 DNA COI 영역을 대상으로 진행된 PCR 결과, 자치어 총 2개체의 약 570 base pair 영역이 증폭되어 NCBI에 등록된 도 화뱅어 성어의 염기서열(HM151560)과 비교하였다. 그 결과, 도 화뱅어 성어와 가장 가깝게 유집되었다(K2P genetic distance, *d*=0.000; Fig. 2A). 반면, 다른 뱅어과 어류 2종과는 뚜렷한 유



Fig. 3. Illustration of larvae and juvenile of *Neosalanx anderssoni*. A. Preflexion larva (10.24 mm NL). B. Flexion larva (15.37 mm SL). C. Postflexion larva (22.12 mm SL). D. Juvenile (28.43 mm SL). Scale bars indicate 1.00 mm.

전거리를 보였는데 젓뱅어(*Neosalanx jordani*)와는 유전거리 *d*=0.119, 뱅어(*Salangichthys microdon*)와는 유전거리 *d*=0.188 로 명확히 구분되었다.

미토콘드리아 DNA 16S rRNA 영역을 대상으로 진행된 PCR 결과, 자치어 총 4개체의 약 520 base pair 영역이 증폭되어 NCBI 에 등록된 도화뱅어 성어의 염기서열(HM151507)과 비교하였 다. 그 결과, 도화뱅어 성어의 염기서열과 종내 수준(*d*=0.002) 에서 잘 일치하였다(Fig. 2B). 한편, 젓뱅어(*N. jordani*)와는 유전 거리 *d*=0.031, 뱅어(*S. microdon*)와는 유전거리 *d*=0.045로 뚜 렷한 차이를 보이며 잘 구별되었다.

#### 3. 형태기재

## 1) 전기자어(Preflexion larva) (Fig. 3A)

척색장 10.24 mm의 전기자어는 체형은 길고 가늘며, 측편형으 로 꼬리 쪽으로 갈수록 가늘어졌다. 항문전장은 척색장의 76.5% 로 항문이 몸의 중앙보다 뒤에 위치하였다. 두장은 척색장의 12.7%로 머리는 작은 편이었다. 눈은 원형으로 크기는 보통이며 안경은 두장의 27.4%였다. 머리는 종편되어 있고, 두정부는 약 간 솟아 있었다. 입은 위를 향하고 있으며 위턱의 앞끝은 눈과 거 의 수평선 상에 위치하고 있었다. 위턱과 아래턱의 크기는 거의 비슷했고 위턱의 뒤끝은 눈의 중앙부보다 조금 앞에 위치했다. 모든 지느러미는 얇은 막 형태로 가슴지느러미를 제외하면 모두 하나로 연결된 것처럼 보였다. 척색은 굴곡되기 전으로 말단부가 곧게 뻗어 있었다. 흑색소포는 복강의 배쪽에 긴 타원 모양으로 7개 있었다. 또한 복강의 등쪽에는 배쪽의 흑색소포보다 옅은 작 은 점 모양의 흑색소포가 열을 이루며, 항문에 미치지 못하고 몸 통의 3분의 2 지점에서 끊겼다.

### 2) 중기자어 (Flexion larva) (Fig. 3B)

체장 13.37 mm의 중기자어는 꼬리 쪽으로 갈수록 가늘어지고, 측편형의 긴 체형을 가졌다. 항문전장은 체장의 78.3%로, 항문은 몸의 중앙보다 뒤로 치우쳐 있었다. 두장은 체장의 14.3%로 머 리는 작은 편이었고, 눈은 원형이고 안경은 두장의 18.1%로 보 통 크기였다. 위턱과 아래턱 길이는 비슷하며, 위턱의 뒤끝은 눈 의 중심부보다 조금 앞에 위치하였다. 가슴지느러미를 제외한 모 든 지느러미는 아직 뚜렷한 경계 없이 얇은 막 형태로 연결되어 있고, 등지느러미 일부에서 담기골이 관찰된 점이 전기자어(Fig. 3A)와 크게 달랐다. 척색은 끝부분이 약간 휘어 척색말단의 굴곡 이 진행 중이었다. 복강 배쪽에 가로로 긴 타원형의 진한 흑색소 포가 일렬로 배열되어 있는데, 개수가 늘어 몸의 약 3분의 2 지점 에 달하였다. 복강 등쪽의 흑색소포는 배쪽보다 다소 옅고 작은 점 모양으로 항문을 조금 넘는 지점까지 나타났다.

#### 3) 후기자어 (Postflexion larvae) (Fig. 3C)

체장 22.12~24.49 mm의 후기자어 2개체는 가늘고 긴 체형을

가졌으며, 꼬리 쪽으로 갈수록 가늘어졌다. 항문전장은 체장의 77.9~78.5%로 항문은 몸의 중앙보다 뒤에 위치하였다. 두장은 체장의 15.3~17.3%로 머리는 작은 편이었다. 눈은 원형에 가깝 고 안경은 두장의 14.5~22.0%로 보통 크기이다. 두정부는 약간 솟아 있고 위턱과 아래턱의 길이는 비슷했으며, 위턱 뒤끝은 눈 의 중앙부에 조금 못 미쳤다. 이 시기에 배지느러미를 제외한 모 든 지느러미의 분화가 시작되는데, 등지느러미는 15~16개, 뒷지 느러미는 28개, 가슴지느러미는 22개의 연조를 가졌다. 또한 배 지느러미는 원기(bud)만 관찰되었다. 흑색소포는 원형으로 복강 의 등쪽에 일정한 간격으로 1열로 나타났다. 중기자어(Fig. 3B) 시기에 존재하던 복강 배쪽의 타원형 흑색소포는 후기자어에 사 라졌다. 전기자어는 복강 등쪽의 흑색소포가 항문까지 못 미쳤으 나 후기자어는 항문까지 미치는 점에서 차이를 보였다. 이전 시 기에 관찰되지 않았으나 후기자어부터 꼬리지느러미 상엽과 하 엽에 큰 1개씩의 검은 반점이 대칭적으로 나타났다.

#### 4) 치어(Juvenile) (Fig. 3D)

체장 26.70~28.43 mm 치어 2개체는 가늘고 긴 체형을 가졌 으며, 꼬리 쪽으로 갈수록 가늘어졌다. 항문은 몸통의 중앙부 보다 뒤에 있고 뒷지느러미 기부와 가까운데, 항문전장은 체장 의 76.1~78.2%였다. 두정부는 약간 솟아 있고, 두장은 체장의 15.2~15.4%로 머리 크기는 작은 편이었다. 눈은 둥글고, 안경 은 두장의 18.8~19.8%로 보통 크기였다. 아래턱이 위턱보다 약 간 돌출되어 있으며, 위턱 뒤끝은 눈의 앞가장자리에 달하였다. 둥지느러미는 17개, 뒷지느러미는 30개, 가슴지느러미는 27개, 배지느러미는 8개로 정수에 도달하였다. 뒷지느러미 기점은 둥 지느러미 기저 말단부 아래에서 시작되고, 꼬리자루 등쪽으로 1 개의 기름지느러미가 나타났다. 흑색소포는 새개부의 전반부부 터 시작되며 가슴지느러미 부근에서는 관찰되지 않았으나 가슴 지느러미 후단부부터 다시 나타났다. 복강의 등쪽에 위치한 흑색 소포는 원형이고 등간격으로 나 있었다. 복강 등쪽의 흑색소포 는 항문까지 이어지는데, 배지느러미 이후부터는 후기자어 시기 와는 다르게 다소 옅어졌다. 꼬리지느러미의 검은 반점 2개는 더 뚜렷해졌다.

## 고 찰

2023년 4~5월 전남 영광군 수심 3.5~13.0 m의 칠산도 주변 해역에서 채집된 뱅어과 자치어 6개체를 대상으로 부자 동정 을 수행한 결과 도화뱅어로 확인되었으며, 발달단계에 따른 형 태 특징을 처음으로 상세히 제공하였다. 뱅어류 자치어 6개체 는 NCBI에 등록된 도화뱅어와 COI에서는 100%, 16S에서는 99.8% 일치하여 최종적으로 도화뱅어로 동정되었다. 서해 남부 해역에서 채집된 도화뱅어 자치어는 이미 알려진 뱅어과 자치 어를 비롯하여 청어과(Clupeidae), 멸치과(Engraulidae) 자치어 와 체형이 유사하여(Okiyama, 2014) 체형만으로 3개 과를 구 분하기란 쉽지 않다. 특히, 도화뱅어 자치어는 청어과의 전어 (Konosirus punctatus) 자치어와 가늘고 긴 체형, 복강 등쪽 및 배 쪽에 타원형의 흑색소포가 등간격으로 분포하는 점 등에서 매우 유사하지만, 중기자어 시기에 체장에 대한 항문전장(도화뱅어는 78.3% vs. 전어는 83.9%), 뒷지느러미 기점의 위치(등지느러미 후단부에 위치 vs. 등지느러미 후단부보다 약간 뒤에 위치), 후 기자어 및 치어 시기에 꼬리지느러미 체색(2개의 큰 반점이 있 다 vs. 없다), 복면의 흑색소포 형태(점 모양 vs. 파도 모양) 등에 서 잘 구분된다(Fig. 4A) (Okiyama, 2014). 또한, 도화뱅어 자치



Fig. 4. Illustration of larvae of (A) *Konosirus punctatus* (13.9 mm TL), (B) *Engraulis japonicus* (14. 3 mm TL) and (C) *Neosalanx reganius* (5.1 mm NL) (cited from Okiyama, 2014).

	Preflexion larva	Flexion larva	Postflexion larva 2		Juvenile 2	
Number of specimens						
Counts						
Dorsal-fin rays	-	-	16	15	17	17
Anal-fin rays	-	-	28	28	30	30
Pectoral-fin rays	-	-	22	22	27	27
Pelvic-fin rays	-	-	-	-	8	8
Measurements						
Notochord length (mm)	10.24	-	-	-		
Total length (mm)	-	15.47	23.58	25.90	31.26	29.20
Standard length (mm)	-	15.37	22.12	24.49	28.43	26.70
Head length (mm)	1.31	2.20	3.40	4.25	4.38	4.07
% in NL						
Preanus length	76.5	-	-	-	-	-
Body depth	4.0	-	-	-	-	-
Head length	12.7	-	-	-	-	_
% in SL						
Preanus length	-	78.3	78.5	77.9	78.2	76.1
Body depth	-	5.0	6.3	6.3	6.3	7.3
Head length	-	14.3	15.3	17.3	15.4	15.2
% in HL						
Eye diameter	27.4	18.1	22.0	14.5	19.8	18.8

Table 1. Measurements and counts of larvae and juveniles of Neosalanx anderssoni

어는 멸치과의 멸치(Engraulis japonicus) 자어와 가늘고 긴 체 형을 가지는 점에서 매우 닮았지만 흑색소포의 모양(도화뱅어 는 타원형 vs. 멸치는 별 모양), 위턱 뒤끝의 위치(눈의 중앙을 넘 지 못한다. vs. 눈의 중앙을 넘는다) 등에서 잘 구분된다(Fig. 4B) (Okiyama, 2014). 도화뱅어 자치어는 멸치 자치어와 항문의 위 치에서도 구분되는데, 도화뱅어 자치어는 체장에 대한 항문전장 이 76.5~78.5%를 유지하는 반면(Table 1), 멸치 자치어는 체장 이 10 mm일 때 80%였다가 체장이 20 mm를 넘으면 70%로 줄 어드는 경향을 보여 잘 구분된다(Fukuhara, 1983).

한편, 도화뱅어 자치어는 같은 속의 Neosalanx reganius와 가 늘고 긴 체형을 가지는 점에서 매우 유사하지만 도화뱅어 자치 어는 등간격의 타원형 또는 원형의 흑색소포를 가지는 반면, N. reganius 자치어는 성상의 흑색소포를 복강과 새개부, 미병부에 불규칙적으로 가져 잘 구분된다(Fig. 4C) (Okiyama, 2014). 또한, 도화뱅어 자치어는 위턱 뒷끝이 눈의 앞가장자리를 지나지만, N. reganius 자치어는 위턱 뒤끝이 눈의 앞가장자리에 도달하지 못 하는 점에서 잘 구분된다(Fig. 4C) (Okiyama, 2014).

도화뱅어 자치어가 채집된 4~5월의 전라남도 영광군 칠산도 주변 해역은 채집수온이 11.9~19.4°C로 겨울~봄에 걸쳐 산란하 는 어종임을 알 수 있다. 도화뱅어 산란기는 4~5월로 알려져 있 으며(Kim et al., 2005), 이번 연구에서 잘 일치하는 결과를 보였 다. 도화뱅어 자치어와 형태적으로 유사한 전어의 산란기는 3~6 월(Kim et al., 2007b), 멸치는 3~10월로(Moon et al., 2022), 같 은 장소에서 함께 채집될 경우 오동정 가능성이 높다. 하지만 이 번 연구에서 새롭게 밝혀진 도화뱅어 후기자어~치어에서 볼 수 있는 꼬리지느러미의 뚜렷한 검은 반점 2개는 전어와 멸치에서 는 볼 수 없기 때문에 유용한 식별형질로 사료된다.

도화뱅어는 연안에서 부화 및 성장 후 강 하구역으로 회유하 여 산란하는 소하성 어류로 알려져 있지만(Kim and Park, 2002), 최근 뱅어과 어류를 대상으로 수행된 이석 내 미량원소 분석 결 과에서는 담수역으로 회유하지 않고 해수 환경에서 서식하는 것 으로 새롭게 보고된 바 있다(Shiao *et al.*, 2016). 실제로 본 연구 에서도 전기자어가 강 하구가 아닌 칠산도 연안에서 출현한 것 으로 보아 해수 환경에서 산란한 것으로 보인다. 향후 국내 도화 뱅어의 정확한 산란 생태와 회유 경로를 파악하기 위해 생식소 조사, 이석의 미량원소 분석 등 추가적인 생태 조사가 수행될 필 요가 있다.

#### 요 약

본 연구는 2023년 4~5월 전라남도 영광군 칠산도 주변 해역 에서 채집된 뱅어과(Salangidae) 자치어 총 6개체를 대상으로 분 자 동정과 발달단계별 형태특징을 상세히 기재하였다. MtDNA COI 또는 16S 영역을 대상으로 분자 분석을 진행한 결과, 자치 어 6개체는 도화뱅어(*Neosalanx anderssoni*) 성어와 유전거리 0~0.2%의 차이를 보여 도화뱅어로 동정되었다. 도화뱅어 자치 어 6개체는 모두 측편형의 가늘고 긴 체형을 보였다. 전기자어~ 중기자어(10.24 mm NL, 13.37 mm SL) 시기에는 복강의 배쪽에 타원형의 흑색소포가, 복강 등쪽에는 옅은 점 모양의 흑색소포가 열을 이루었다. 반면 후기자어~치어 시기(22.12 mm SL, 28.43 mm SL)에는 복강 배쪽의 흑색소포가 사라지고 복강 등쪽의 흑 색소포가 수적으로 증가하여 1열로 나타났다. 또한, 후기자어 시 기부터는 꼬리지느러미에 크고 짙은 검은 반점 2개가 대칭적으 로 나타났다. 본 연구 결과는 이전의 연구 결과(Kim and Park, 2002)와 달리 도화뱅어가 연안을 산란 또는 성육장으로 이용할 수 있음을 시사한다.

## 사 사

시료 채집에 도움을 주신 부경대학교 해양생물학과 이유진, 정 시영, 장재훈, 김수빈, 진주원 대학원생과 본 논문을 세심하게 검 토해 주신 두 분 심사위원께 감사드립니다. 본 연구는 국립수산 과학원 근해어업자원조사(R2024001) 및 국립해양생물자원관 '해양생명자원 기탁등록보존기관 운영(2024)' 사업의 지원을 받 아 수행되었습니다.

## REFERENCES

- Fu, C., J. Luo, J. Wu, J.A. Lopez, Y. Zhong, G. Lei and J. Chen. 2005. Phylogenetic relationships of salangid fishes (Osmeridae, Salanginae) with comments on phylogenetic placement of the salangids based on mitochondrial DNA sequences. Mol. Phylogenet. Evol., 35: 76-84. https://doi.org/10.1016/j.ympev.2004. 11.024.
- Fu, C., L. Guo, R. Xia, J. Li and G. Lei. 2012. A multilocus phylogeny of Asian noodlefishes Salangidae (Teleostei: Osmeriformes) with a revised classification of the family. Mol. Phylogenet. Evol., 62: 848-855. https://doi.org/10.1016/j.ympev.2011. 11.031.
- Fukuhara, O. 1983. Development and growth of laboratory reared *Engraulis japonica* (Houttuyn) larvae. J. Fish Biol., 23: 641-652. https://doi.org/10.1111/j.1095-8649.1983.tb02943.x.
- Hall, T.A. 1999. BioEdit: A user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. Nucleic Acids Symp. Ser., 41: 95-98.
- Jeong, J.M., J.T. Yoo, H. Kim, S.K. Lee, W.J. Go and Y.H. Kim. 2015. Species composition of fish collected by a gape net with wings in the coastal waters of Jindo, Korea. Korean J. Fish. Aquat. Sci., 48: 783-788. https://doi.org/10.5657/KFAS.2015. 0783.
- Kim, I.S. and J.Y. Park. 2002. Freshwater Fishes of Korea. Kyo-Hak Pub. Co., Ltd., Seoul, Korea, 465pp.

- Kim, I.S., Y. Choi, C.L. Lee, YJ. Lee, B.J. Kim and J.H. Kim. 2005. Illustrated Book of Korean Fishes. Kyo-Hak Pub. Co., Ltd., Seoul, Korea, 615pp.
- Kim, J.K., R. Doiuchi and T. Nakabo. 2006. Molecular and morphological differences between two geographic populations of *Salanx ariakensis* (Salangidae) from Korea and Japan. Ichthyol. Res., 53: 52-62. https://doi.org/10.1007/s10228-005-0315-1.
- Kim, J.K., Y. Kai and T. Nakabo. 2007a. Genetic diversity of Salanx ariakensis (Salangidae) from Korea and Japan inferred from AFLP. Ichthyol. Res., 54: 416-419. https://doi.org/10.1007/ s10228-007-0418-y.
- Kim, K.S., K.H. Han, J.H. Lee, S.H. Lee, C.C. Kim, H.J. Ko and K.S. Jeong. 2007b. Egg development and morphology of larva and juvenile of the konoshiro gizzard shad, *Konosirus punctatus*. Develop. & Reprod., 11: 127-135.
- Kimura, M. 1980. A simple method for estimating evolutionary rate of base substitution through comparative studies of nucleotide sequences. J. Mol. Evol., 16: 111-120. https://doi.org/10. 1007/BF01731581.
- MABIK (Marine Biodiversity Institute of Korea). 2023. National List of Marine Species. Namu Press, Seocheon, Korea, 147pp.
- Moon, S.Y., G.W. Baeck, M.H. Lee, H. Kim and K.M. Jung. 2022. Reproductive characteristics of Pacific anchovy *Engraulis japonicus* from the southern waters of Korea. Korean J. Fish. Aquat. Sci., 55: 927-937. https://doi.org/10.5657/KFAS.2022. 0927.
- Okiyama, M. 2014. An Atlas of the Early Stage Fishes in Japan. Tokai Univ Press, Tokyo, Japan, 1639pp.
- Palumbi, S.R. 1996. Nucleic acids II: the polymerase chain reaction. In: Hillis, D.M., C. Moritz and B.K. Mable (eds.), Molecular Systematics. Sinauer Associates, Massachusetts, pp. 205-247.
- Shiao, J.C., C.Y. Chen, J. Zhang and Y. Iizuka. 2016. Habitat use and migratory life history of salangid icefish (Salangidae) revealed by otolith Sr/Ca ratios. Zool. Studies, 55: e3. https://doi.org/ 10.6620/zs.2016.55-03.
- Tamura, K., G. Stecher and S. Kumar. 2021. MEGA11: Molecular evolutionary genetics analysis version 11. Mol. Biol. Evol., 38: 3022-3027. https://doi.org/10.1093/molbev/msab120.
- Thompson, J.D., D.G. Higgins and T.J. Gibson. 1994. Clustal W: improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, position-specific gap penalties and weight matrix choice. Nucleic Acids Res., 22: 4673-4680. https://doi.org/10.1093/nar/22.22.4673.
- Ward, R.D., T.C. Zemlac, B.H. Innes, P.R. Last and P.D.N. Hebert. 2005. DNA barcoding Australia's fish species. Phil. Trans. Biol. Sci., 360: 1847-1857. https://doi.org/10.1098/rstb.2005. 1716.
- Zhang, J., M. Li, M. Xu, T. Takita and F. Wei. 2007. Molecular phylogeny of icefish Salangidae based on complete mtDNA cytochrome b sequences, with comments on estuarine fish evolution. Biol. J. Linnean Soc., 91: 325-340. https://doi.org/ 10.1111/j.1095-8312.2007.00785.x.