

한국 제주도 남부 해역에서 출현한 참서대과(Cynoglossidae) 어류 1미기록종, *Symphurus longirostris* 치어의 분자동정 및 형태기재

서연주 · 김진구* · 유효재¹ · 명세훈¹

국립부경대학교 해양생물학과, ¹국립수산과학원 수산자원연구센터

Molecular Identification and Morphological Description of Juvenile of the Previously Unrecorded Species Long-snout Tonguefish, *Symphurus longirostris* (Cynoglossidae) from the Southern Sea of Jeju Island, Korea by Yeon-Ju Seo, Jin-Koo Kim*, Hyo-Jae Yu¹ and Se Hun Myoung¹ (Department of Marine Biology, Pukyong National University, Busan 48513, Republic of Korea; ¹Fisheries Resources Research Center, National Institute of Fisheries Science, Tongyeong 53064, Republic of Korea)

ABSTRACT A juvenile of long-snout tonguefish, *Symphurus longirostris* belonging to the family Cynoglossidae, was collected from the waters around Jeju Island, Korea in August 2023. Molecular analysis revealed that our juvenile specimen was identical to *S. longirostris* adult from Japan (Kimura-2-parameter distance, $d=0.002$) based on mitochondrial DNA 16S ribosomal RNA region sequences 475 base pairs, and differed from its congeneric *S. orientalis* ($d=0.199$). The juvenile of *S. longirostris* has the following morphological traits: obvious dermal spots on both sides of the bases of the dorsal and anal fins; and peritoneum bluish black on its dorsalmost aspect. The juvenile of *S. longirostris* is also distinguished from *S. orientalis* in that they do not have a patch of melanophores above the abdominal cavity on the ocular-side. This is the first record of *S. longirostris* in Korea, and we propose a new Korean name “Gin-ko-bo-seop-seo-dae” for this species.

Key words: *Symphurus longirostris*, first record, Cynoglossidae, Jeju Island, Korea

서 론

가자미목(Pleuronectiformes) 참서대과(Cynoglossidae) 어류는 열대 및 아열대 해역에 서식하는 저서성 어류로, 몸이 심하게 측편되어 있으며 눈이 몸의 왼쪽에 위치하고 등지느러미 및 뒷지느러미가 꼬리지느러미와 연결되어 있는 것이 특징이다(Menon, 1977; Nelson, 2006). 참서대과 어류에는 전 세계적으로 3속 167종(Fricke *et al.*, 2024), 일본에는 3속 23종(Motomura, 2020; Lee and Munroe, 2021), 국내에는 3속 8종 [용서대(*Cynoglossus abbreviatus*), 물서대(*Cynoglossus gracilis*), 칠서대(*Cynoglossus interruptus*), 참서대(*Cynoglossus joyneri*), 개서대(*Cynoglossus robustus*), 박대(*Cynoglossus semilaevis*), 흑

대기(*Paraplagusia japonica*), 보섭서대(*Symphurus orientalis*)] 이 보고되어 있다(MABIK, 2023).

참서대과 어류는 주둥이의 형태와 입의 위치 및 유안측의 측선 유무에 따라 참서대아과(Cynoglossinae)와 보섭서대아과(Symphurinae)로 구분된다(Menon, 1977). 참서대아과는 주둥이가 갈고리 모양으로 휘어진 입이 머리의 아래쪽에 위치하고, 측선이 존재하며, 개서대속(*Cynoglossus*)과 흑대기속(*Paraplagusia*)이 여기에 속한다. 반면, 보섭서대아과는 주둥이가 갈고리 모양이 아니며 직선형의 입이 머리의 앞쪽에 위치하고 유안측에 측선이 존재하지 않는 것이 특징으로 보섭서대속(*Symphurus*)만이 여기에 속한다(Chyung, 1977; Menon, 1977; Nelson, 2006).

보섭서대속 어류는 온대 및 열대 해양의 모래와 진흙으로 된 기질에 서식하며, 얕은 하구지역에서 외대륙붕과 대륙사면의 깊은 수심까지 넓은 수심대에 걸쳐 분포한다(Munroe, 1992). 측

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

선과 오른쪽 배지느러미가 존재하지 않고 성어의 경우 몸통 양쪽에 가슴지느러미가 존재하지 않는 것이 특징이다(Munroe, 1992). 이들은 전통적으로 종을 진단하는 데 사용되는 지느러미 기조 수, 척추골 수 등의 계수형질이 유사한 경우가 많아 종을 식별하는 데에 어려움이 많으나, 등쪽 담기골 끝부분이 신경극 사이에 삽입된 형태 등 일부 골격 형질과 분자 분석을 함께 이용하여 종을 식별하고 있다(Munroe, 1992; Munroe and Marsh, 1997; Lee *et al.*, 2013, 2016; Kwun and Kim, 2016; Lee and Munroe, 2021).

2023년 8월 우리나라 제주도 남부 해역에서 처음 채집된 참서대과 치어 1개체의 정확한 종 동정을 위해 mitochondrial DNA 16S ribosomal RNA (16s rRNA) 영역의 염기서열을 비교한 결과, 일본의 *Symphurus longirostris*의 완모식표본과 일치하여, *S. longirostris*로 확인되었다. *S. longirostris*는 보섭서대속 어류 중 동해와 태평양쪽을 포함한 일본 주변의 비교적 얕은 수심대에서 채집되는 종이지만(Lee *et al.*, 2016; Lee and Munroe, 2021), 아직 국내에서는 보고된 바가 없다. 따라서, 본 연구는 우리나라에서 처음 보고되는 이 종의 치어기의 상세한 형태 특징 및 분자분석 결과와 근연종과의 형태 차이를 자세히 기술하고 새로운 국명을 제안하고자 한다.

재료 및 방법

1. 채집

본 연구에서 사용된 참서대과 치어 1개체는 2023년 8월에 제주도 남부 해역(32°19'53.2"N 126°18'52.7"E)에서 국립수산물학원 시험조사선에 의해 붓고네트(망구 80 cm, 망목 550 μm)로 채집되었다(Fig. 1). 채집된 표본은 즉시 선상에서 5% 중성 해수-포르말린 수용액으로 30분간 고정 후 세척하여 99% 에틸 알코올 용액으로 치환하였다. 이후, 표본은 부경대학교 어류학실험실 어류플랑크톤표본실(Pukyong National University, Ichthyoplankton Laboratory, PKUI)에 등록 및 보관하였다.

2. 형태분석

치어의 각 부위별 용어, 계수형질 5개 및 계측형질 24개는 Munroe (1998)를 참고하여 측정하였다. 이때 유안측의 Upper head lobe는 몸의 등쪽 가장자리에서 아가미뚜껑의 등쪽 시작 지점까지의 거리를 뜻하며, 유안측의 Lower head lobe는 아가미뚜껑의 등쪽 시작 지점에서 아가미뚜껑의 배쪽 시작 지점까지의 거리를 뜻한다. 또한, 유안측의 Lower opercular lobe는 아가미뚜껑의 등쪽 시작 지점에서 아가미뚜껑의 만입된 부분의 중간 지점까지의 수직 거리를 뜻하며, 유안측의 Upper opercular lobe는 아가미뚜껑의 만입된 부분의 중간 지점에서 아가미뚜껑의 배쪽 가장

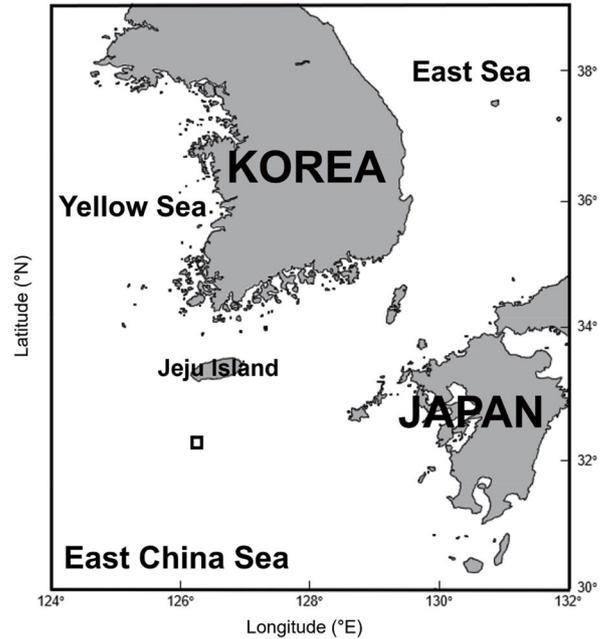


Fig. 1. Map showing the sampling area of *Symphurus longirostris* juvenile in the southern Jeju Island.

자리까지의 수직 거리를 뜻한다. 외부형태는 광학현미경(BX53 microscope; Olympus, Tokyo, Japan)의 이미지 분석 프로그램(TCapture, Version 4.3.0.701; Xintu Photonics Co. Ltd., Fuzhou, China), 입체 해부현미경(SZH16; Olympus, Tokyo, Japan)을 이용하여 관찰하고, 현미경용 사진 촬영장치(Active measure program, Mosaic 2.0; Fuzhou Tucsen Photonics, Fuzhou, China)를 이용하여 0.01 mm까지 측정된 뒤 스케치하였다. 각 부위별 측정값은 체장(Standard length)과 두장(Head length) 및 안경(Eye diameter)에 대한 비율(%)로 변환하여 나타내었다.

3. 분자분석

참서대과 치어 1개체의 우측 눈알을 떼어 Chelex 100 Resin (Bio-Rad, USA) 150 μL를 사용하여 제조사의 protocol에 의거 total DNA를 추출하였다. 중합효소 연쇄반응(Polymerase chain reaction, PCR)은 mitochondrial (mt) DNA 16S rRNA 영역을 대상으로 수행하였다. MtDNA의 16S rRNA 영역을 증폭시키기 위해 16Sar-5' (5'-CGC CTG TTT ATC AAA AAC AT-3')와 16Sbr-3' (5'-CCG GTC TGA ACT CAG ATC AGG T-3') primer (Ivanova *et al.*, 2007)를 이용하였다. Polymerase chain reaction (PCR)은 10X PCR buffer 2 μL, 2.5 mM dNTP 1.6 μL, 16Sar-L primer 1 μL, 16Sbr-H primer 1 μL 각각 0.5 μL, Taq polymerase 0.1 μL, 3차 증류수 13.3 μL를 섞은 PCR mixture에 total DNA 2 μL를 분주하여 20 μL volume으로 맞춘 후, Thermal cycler (Bio-rad MJ mini PCT-1148; Biorad, Hercules, CA, USA)를 이용하여 다음

과 같은 조건에서 수행하였다[Initial denaturation 95°C에서 5분; PCR reaction 31 cycles (denaturation 95°C에서 30초, annealing 54°C에서 30초, extension 72°C에서 45초); final extension 72°C에서 7분; infinite hold 4°C].

증폭이 완료된 PCR 산물로부터 염기서열은 ABI 3730XL sequencer (96 capillary type, Applied Biosystems Inc., Waltham, MA, USA)에서 BigDye (R) Terminator v3.1 cycle sequencing kits (Applied Biosystems, Foster City, CA, USA)를 이용하여 얻었다. 얻어진 참조대과 치어 1개체의 mtDNA 16S rRNA 염기서열은 National Center for Biotechnology Information (NCBI)에 등록하여 accession number (PP434468)를 부여받았다. 또한, mtDNA 16S rRNA 염기서열은 Bioedit v. 7.2.5 (Hall, 1999)에서 Clustal W multiple alignment (Thompson *et al.*, 1994)를 이용하여 정렬하였다. 유전거리는 MEGA 11 프로그램 (Tamura *et al.*, 2021)의 Kimura 2-parameter model (Kimura, 1980)을 이용하여 계산하였고, 근린결합수 (neighbor-joining tree)는 bootstrap 1,000번을 수행하여 작성하였다. 염기서열을 비교하기 위하여 NCBI에 등록된 *Symphurus longirostris* (KU170682), 보첩서대 (*S. orientalis*) (JN678763), *Symphurus brachycephalus* (KF646780), *Symphurus hongae* (KC900865) 및 외집단으로 용가자미 (*Cleisthenes pine-torum*, KU936352)의 mtDNA 16S rRNA 염기서열을 사용하였다.

결 과

Symphurus longirostris Lee, Munroe & Kai, 2016

(New Korean Name: Gin-ko-bo-seop-seo-dae)

(Fig. 2, Table 1)

Symphurus longirostris Lee, Munroe and Kai, 2017 (2016 online): 71 (Type locality: off Kyoto, Wakasa Bay, Japan); Lee and Munroe, 2021: 20.

1. 관찰표본

표본번호 PKUI 1262, 1개체, 전장 16.9 mm, 체장 14.8 mm, 제주도 남부 해역 (32°19'53.2"N 126°18'52.7"E), 2023년 8월, 봉고네트.

2. 기재

계수 및 계측형질 값은 Table 1에 나타내었다. 몸은 심하게 측편되어 있으며 약간 길다. 체고 (body depth)는 뒷지느러미 3~4번째 기초에서 가장 높고, 중간 이후부터 서서히 낮아진다. 항문전장 (preanus length)은 체고보다 길다. 입은 머리의 선단부에 위치한다. 턱은 짧고 약간 휘어져 있으며, 위턱 길이 (upper jaw length)는 주둥이 길이 (snout length)보다 약간 길다. 위턱의 뒷끝은 위쪽 눈 동공의 앞 가장자리와 아래쪽 눈의 뒷 가장자리 사이에 위치한다. 이빨은 유안측 및 무안측의 양턱에 모두 나타나지만, 무안측의 아래턱에 더 잘 발달한다. 유안측의 위턱에는 여러 개의 이빨이 존재하지만 아래턱에는 1개의 이빨만 존재한다. 무안측의 위턱에는 날카롭고 뒤쪽으로 약간 휘어진 2열의 이빨이 존재하지만 아래턱에는 3열의 발달된 이빨이 존재한다. 주둥이는 비교적 길고, 약간 둥글다. 주둥이 길이는 안경보다 훨씬 길다. 눈은 적당히 크고 약간 타원형이며 두 눈 사이의 간격은 좁다. 아래쪽 눈보다 위쪽 눈이 약간 앞쪽에 위치한다. 동공 덮개 (Pupillary operculum)는 없다. 뺨 높이 (chin depth)는 주둥이 길이보다 약간 길다. 두폭 (head width)은 두장 (head length)보다 약간 짧다. 유안측의 Upper head lobe는 유안측의 Lower head lobe보다 좁다. 유안측의 Upper head lobe는 안후장 (postorbital length)보다 짧다. 유안측의 Lower opercular lobe는 유안측의 Upper opercular lobe보다 길다. 유안측의 Lower opercular lobe의 뒷가장자리는 유안측의 Upper opercular lobe의 뒷가장자리보다 약간 뒤쪽으로 돌출되어 있다. 등지느러미는 위턱 뒷끝의 수직선상에서 시작된다. 등지느러미 1~6번째 기초는 분리되어 있지만, 뒤쪽 기초는 막으로

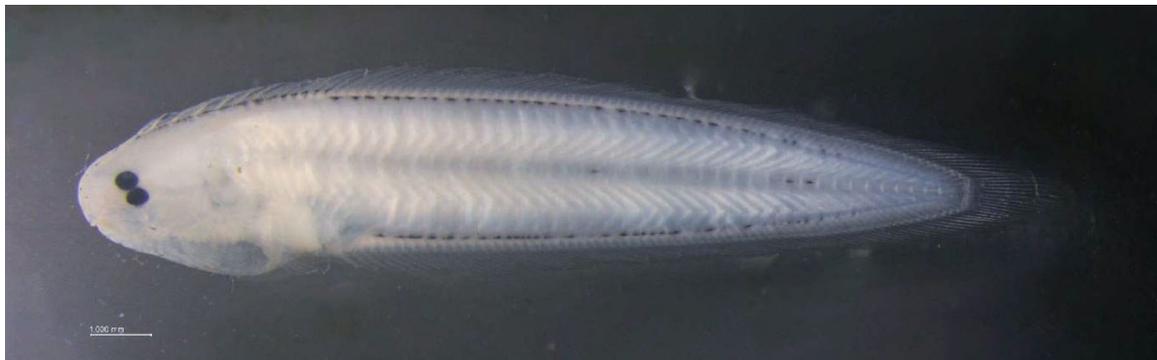


Fig. 2. Photo of juvenile of *Symphurus longirostris* (PKUI 1262, 14.80 mm SL). Scale bar indicate 1.0 mm.

Table 1. Meristic and morphometric characters of two *Symphurus* species, *Symphurus longirostris*, *S. orientalis*.

Characters	<i>Symphurus longirostris</i>		<i>S. orientalis</i>	
	Presnt study	Lee <i>et al.</i> (2016)	Lee <i>et al.</i> (2013)	Kwun and Kim (2016)
Number of specimens	1	37	94	4
Standard length (mm)	14.8	26.6~65.5	54.7~109.9	95.2~112.4
Counts				
Dorsal fin rays	87	81~88	96~101	97~100
Anal fin rays	73	68~74	82~89	83~89
Caudal fin rays	12	12	12	12
Branchiostegal rays	6	–	–	–
Total vertebrae	46	45~48	52~55	52~55
Mesurements				
In standard length (%)				
Body depth	17.7	22.1~26.3	24.2~28.8	25.6~28.2
Trunk length	80.0	78.6~82.5	80.3~85.1	–
Predorsal length	4.3	5.2~6.9	2.4~4.5	–
Preanus length	25.6	24.6~27.3	21.0~25.6	23.8~28.5
Dorsal-fin length	93.6	93.1~94.8	94.8~97.6	–
Anal-fin length	71.9	72.7~75.4	74.5~79.2	–
Pelvic-fin length	5.6	7.6~12.1	5.8~9.2	–
Pelvic to anal-fin length	5.4	2.5~5.8	1.5~4.8	–
Caudal-fin length	13.0	10.7~14.4	10.2~12.7	–
Head length	19.5	20.5~22.6	17.4~21.6	17.1~19.6
Head width	19.4	19.3~22.0	19.0~25.2	–
Postorbital length	11.5	13.0~14.9	11.4~14.7	–
Upper head lobe width	7.5	10.1~12.2	10.2~14.1	–
Lower head lobe width	12.1	9.3~11.5	8.6~12.4	–
In head length (%)				
Predorsal length	22.2	23.8~32.7	12.9~21.9	–
Postorbital length	59.0	62.8~7.5	64.0~71.4	–
Snout length	22.2	18.7~24.4	17.2~22.1	21.6~29.4
Upper jaw length	26.5	21.0~25.9	17.2~22.8	–
Eye diameter	13.4	9.3~12.1	9.7~12.6	6.6~14.1
Chin depth	24.6	13.6~21.3	13.9~22.4	–
Lower opercular lobe	37.9	23.2~31.8	21.8~32.7	–
Upper opercular lobe	22.4	14.9~24.8	21.0~31.4	–
Head width/Head length	0.99	0.92~0.99	1.05~1.28	–
Pupil/Eye diameter	39.1	33.0~47.4	51.1~77.1	–

연결되어 있다. 등지느러미와 뒷지느러미 기초의 양쪽 면에는 비늘이 없고, 기저부에는 2열의 빗비늘이 존재한다. 가장 긴 배지느러미 기초는 1~2번째 뒷지느러미 기초에 도달한다. 배지느러미 마지막 기초는 뒷지느러미와 부드러운 막으로 연결되어 있다. 등지느러미와 뒷지느러미의 후단부는 꼬리지느러미와 연결되어 있다. 꼬리지느러미는 비교적 길고, 기저에 2열의 빗비늘이 존재한다. 측선은 없다. 유안측과 무안측에 강한 빗비늘이 존재한다.

3. 채색

알코올에 고정하였을 때, 유안측은 머리와 몸이 전체적으로 희고, 복강은 옅은 청흑색을 띤다. 위턱의 위쪽부터 등지느러미 기초의 앞까지 일렬로 6개의 작은 흑색소포가 존재하며, 아래턱의 아래쪽에는 흑색소포가 존재하지 않는다. 등지느러미 1번째 기초에서 13~14번째 기초의 기저까지 1열로 별 모양의 흑색소포가 존재하며, 그 뒤의 흑색소포는 끊어져 등지느러미 13~14번째 기초의 기저부 아래 담기골 영역에서 몸의 후방까지 존재하는데

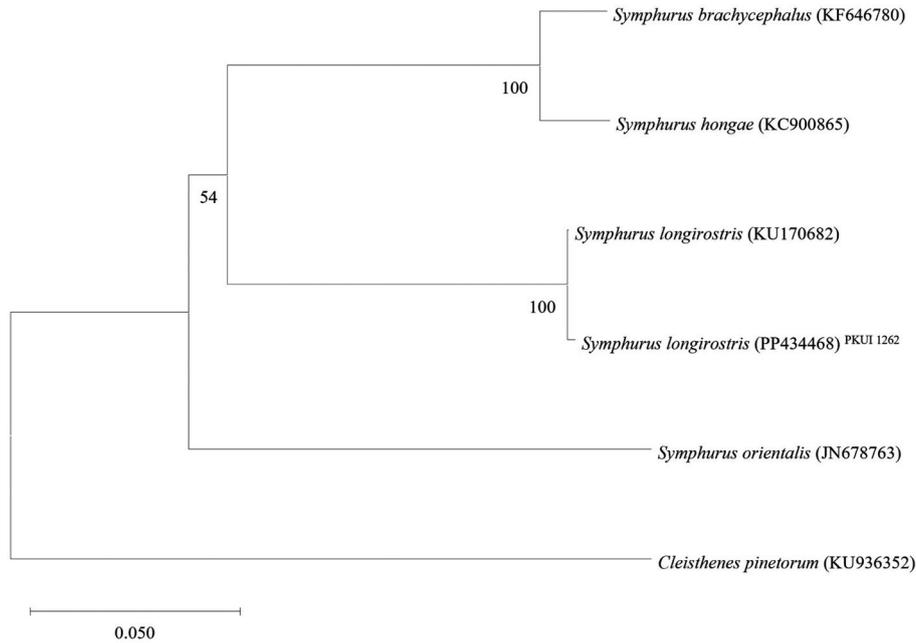


Fig. 3. Neighbor-joining (NJ) tree based on mitochondrial DNA 16S rRNA sequences, showing the relationships among four *Symphurus* species (*Symphurus longirostris*, PKUI 1262, PP434468; KU170682; *Symphurus brachycephalus*, KF646780; *Symphurus hongae*, KC900865; *Symphurus orientalis*, JN678763) and one outgroup (*Cleisthenes pinetorum*, KU936352). The NJ tree was constructed using the kimura 2-parameter model and bootstrap values from 1,000 replications. The letters in parentheses and superscripts indicate NCBI (National Center of Biotechnology Information) accession number and voucher specimen number, respectively. Scale bar indicates a genetic distance of 0.05.

전방의 것은 별 모양이나 뒤쪽으로 갈수록 흑색소포가 열어진다. 뒷지느러미의 담기골 영역을 따라 몸의 후방까지 흑색소포가 존재하나, 뒤쪽으로 갈수록 희미해진다. 꼬리자루에는 흑색소포가 없다. 몸의 척추골을 따라 몸의 중앙에 하나, 후방에 2개의 흑색소포가 있다. 모든 지느러미에는 흑색소포가 존재하지 않아 반투명하다. 무안측 또한 머리와 몸이 전체적으로 희고, 복강은 옅은 청흑색을 띠며 머리에는 흑색소포가 존재하지 않는다. 무안측은 유안측과 동일하게 등지느러미 1번째 기조에서 13~14번째 기조의 기저까지 1열의 별 모양의 흑색소포가 존재하며, 그 뒤의 흑색소포는 끊어져 등지느러미 13~14번째 기조의 기저부 아래 담기골 영역에서 몸의 후방까지는 막대형의 흑색소포가 있다. 뒷지느러미의 담기골 영역을 따라 몸의 후방까지 1열의 흑색소포가 있고 꼬리자루에는 흑색소포가 없다. 체측 중앙을 따라 1열의 흑색소포가 나 있다.

4. 분포

제주도 남부 해역(본 연구), 일본 Wakasa Bay 및 Tosa Bay에 분포하며, 수심 45~100 m (주로 60~90 m) 사이의 진흙이나 모래가 섞인 기질에 서식한다(Lee *et al.*, 2016).

5. 분자동정

참서대과 치어 1개체의 mtDNA 16S rRNA 영역의 염기서열

과 비교한 결과, *S. longirostris* (KU170682)와 유전거리 0.002로 가장 가깝게 유집되었으며, 그 다음으로 *S. brachycephalus* (KF646780)와 유전거리 0.172, *S. hongae* (KC900865)와 유전거리 0.175, 보섭서대(*S. orientalis*, JN678763)와 0.199로 유집되었다. 외집단인 용가자미(*Cleisthenes pinetorum*, KU936352)와는 유전거리 0.293으로 가장 멀리 유집되었다(Fig. 3).

고찰

2023년 8월 제주도 남부 해역에서 채집한 가자미목(Pleuronectiformes) 치어 1개체를 대상으로 형태 및 분자 분석을 수행하였다. 본 종은 몸이 심하게 측편되어 있고, 눈이 몸의 왼쪽에 위치하며, 등지느러미와 뒷지느러미가 꼬리지느러미와 연결되어 있어 참서대과(Cynoglossidae)로 분류되었다. 또한, 본 종은 주둥이가 갈고리형이 아니며, 직선형의 입이 머리의 앞쪽에 위치하고, 측선이 유안측에 존재하지 않아 보섭서대속(*Symphurus*)으로 분류되었다. 본 종의 mtDNA 16S rRNA 염기서열 475 bp를 분석한 결과 *S. longirostris* 성어와 유전거리 0.002로 잘 일치하여 우리나라에서는 아직 보고된 바 없는 미기록종인 것으로 확인되었다. 본 종은 Lee *et al.* (2016)에 의해 일본 Wakasa bay의 수심 90~100 m에서 채집된 개체를 근거로 최

초 보고되었으며, 자치어 형태에 관한 보고는 전 세계적으로 전무한 실정이었다.

본 연구의 *S. longirostris* 치어는 Lee et al. (2016)의 *S. longirostris* 성어와 대부분 잘 일치하였으나, 1) 유안측의 Upper head lobe와 Lower head lobe의 상대크기(성어가 작다), 2) 뺨 길이와 주둥이 길이의 상대크기(성어가 크다), 3) 유안측 아래턱에 육질의 용기연의 유무(성어는 있다), 4) 유안측 위턱과 아래턱에 이빨의 유무(성어는 있다), 5) 무안측 위턱에 휘어진 이빨의 유무(성어는 있다), 6) 무안측 아래턱에 이빨의 열 수(성어는 3~6열)에서 차이를 보였다. MtDNA 16S rRNA 염기서열 분석에서 치어 1개체는 *S. longirostris* 성어와 잘 일치하였기 때문에 이러한 형태적 차이는 성장하면서 변하는 형질인 것으로 사료되나, 향후 성장에 따른 형태변이에 관한 후속 연구가 필요하다.

채집된 *S. longirostris* 치어는 보섭서대(*S. orientalis*) 성어의 계수형질과 비교하면 꼬리지느러미 기조 수만 12개로 일치하였을 뿐, 등지느러미 기조 수(87 vs. 97~100), 뒷지느러미 기조 수(73 vs. 83~89), 척추골 수(46 vs. 52~55) 등에서 잘 구분되었다(Table 1). 한편, *S. longirostris* 치어는 일본산 보섭서대 치어(체장 14.4 mm)와 매우 유사하지만, 유안측의 복강에 흑색소포가 없는 점, 체측 중앙을 따라 3개의 흑색소포를 가지는 점, 꼬리자루 아래쪽 가장자리에 흑색소포가 없는 점 등에서 잘 구분되었다(Okiyama, 2014). 본 종의 새로운 국명으로 영명인 Long-snout tonguefish를 따라 “긴코보섭서대”를 제안한다.

요 약

2023년 8월 한국 제주도 남부 해역에서 참서대과에 속하는 *Symphurus longirostris*의 치어 1개체가 채집되었다. Mitochondrial DNA 16S rRNA 영역의 염기서열 475 base pairs를 분석한 결과, 이 표본은 일본의 *S. longirostris* 완모식표본과 일치하였으며(Kimura-2-parameter distance, $d=0.002$), 동속의 보섭서대, *S. orientalis* ($d=0.199$)와는 잘 구분되었다. 이 종의 치어는 등지느러미와 뒷지느러미 기저부에 1열의 흑색소포를 가지며, 등지느러미 기저의 흑색소포는 등지느러미 13~14번째 기조 부근에서 끊어져 있다. 또한, 복강의 가장 등쪽은 청흑색을 띤다. 국내 분포하는 보섭서대와는 지느러미 기조 수, 척추골 수 등의 계수형질과 유안측 복강 위쪽의 흑색소포군의 유무에서 잘 구분된다. 본 종은 일본의 Wakasa Bay 및 Tosa Bay에서 보고되었으며, 이번 연구를 통해 한국 제주 남부 해역에서도 출현하는 것을 확인할 수 있었다. 본 연구는 우리나라에서 처음으로 확인된 *S. longirostris*의 기록이며, 본 종에 대한 새로운 국명으로 “긴코보섭서대”를 제안한다.

사 사

이 논문은 국립수산물학원 근해어업자원조사(R2024001)와 국립해양생물자원관 ‘해양생명자원 기탁등록보존기관 운영(2024)’ 사업의 지원을 받아 수행되었습니다. 논문의 질적 향상을 위해 도움 주신 두 분 심사위원께 감사드립니다.

REFERENCES

- Chyung, M.K. 1977. The Fishes of Korea. Ilji Publishing, Seoul, Korea, pp. 579-583.
- Fricke, R., W.N. Eschmeyer and R. Van der Laan (eds). 2024. Eschmeyer's Catalog of Fishes: Genera, Species, References. (<http://researcharchive.calacademy.org/research/ichthyology/catalog/fishcatmain.asp>). Electronic version accessed on Jan 25, 2024.
- 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.
- Ivanova, N.V., T.S. Zemlak, R.H. Hanner and P.D.N. Hebert. 2007. Universal primer cocktails for fish DNA barcoding. Mol. Ecol. Notes, 7: 544-548.
- 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. <https://doi.org/10.1007/BF01731581>.
- Kwon, H.J. and J.K. Kim. 2016. Re-identification of two tonguefishes (Pleuronectiformes) from Korea using morphological and molecular analyses. Korean J. Fish. Aquat. Sci., 2016: 49: 208-213. <https://doi.org/10.5657/KFAS.2016.0208>.
- Lee, M.-Y., T.A. Munroe and K.-T. Shao. 2013. *Symphurus orientalis* (Bleeker) redefined based on morphological and molecular characters (Pleuronectiformes; Cynoglossidae). Zootaxa, 3620: 379-403. <https://doi.org/10.11646/zootaxa.3620.3.3>.
- Lee, M.-Y., T.A. Munroe and Y. Kai. 2016. Description of a new cryptic species of tonguefish (Pleuronectiformes: Cynoglossidae: *Symphurus*) from shallow waters off Japan. Ichthyol. Res., 64: 71-83. <https://doi.org/10.1007/s10228-016-0541-8>.
- Lee, M.-Y. and T.A. Munroe. 2021. Unraveling cryptic diversity among shallow-water tonguefishes (Pleuronectiformes: Cynoglossidae: *Symphurus*) from the Indo-West Pacific region, with descriptions of five new species. Zootaxa, 5039: 1-55. <https://doi.org/10.11646/zootaxa.5039.1.1>.
- MABIK (Marine Biodiversity Institute of Korea). 2023. National List of Marine Species. Namu Press, Seocheon, Korea, pp. 53-54.
- Menon, A.G.K. 1977. A systematic monograph of the tongue soles of the genus *Cynoglossus* Hamilton-Buchanan (Pisces: Cynoglossidae). Smithsonian. Contr. Zool., 238: 1-129. <https://doi.org/10.5479/si.00810282.238>.
- Motomura, H. 2020. Current standard Japanese and scientific names

- of all fish species recorded from Japanese waters. In: List of Japan's All Fish Species. Kagoshima Univ. Mus., Kagoshima, Japan, pp. 1-560.
- Munroe, T.A. 1992. Interdigitation pattern of dorsal-fin pterygiophores and neural spines, an important diagnostic character for symphurine tonguefishes (*Symphurus*: Cynoglossidae: Pleuronectiformes). Bull. Mar. Sci., 50: 357-403.
- Munroe, T.A. 1998. Systematics and ecology of tonguefishes of the genus *Symphurus* (Cynoglossidae: Pleuronectiformes) from the western Atlantic Ocean. Fishery Bull., 96: 1-182.
- Munroe, T.A. and B.N. Marsh. 1997. Taxonomic status of three nominal species of Indo-Pacific symphurine tonguefishes (*Symphurus*: Cynoglossidae: Pleuronectiformes). Ichthyol. Res., 44: 189-200. <https://doi.org/10.1007/BF02678697>.
- Nelson, J.S. 2006. Fishes of the World. 4th ed. John Wiley and Sons Inc., Hoboken, New Jersey, U.S.A.
- Okiyama, M. 2014. An Atlas of the Early Stage Fishes in Japan. Tokai Univ. Press, Tokyo, Japan, 1493pp.
- Tamura, K., G. Stecher and S. Kumar. 2021. MEGA 11: 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>.