

피라미속(genus *Zacco*) 어류의 분자계통분류학적 위치와 유전적 다형에 관한 연구

김맹진 · 송춘복

제주대학교 해양과학대학 해양생물공학과

서론

피라미속(*Zacco*)은 피라미아과(Danioninae)에 속하는 어류로서 전세계적으로 *Z. platypus*, *Z. temminckii*, *Z. pachycephalus*, *Z. spilurus*, *Z. barbatus*, *Z. chengtui*, *Z. macrophthalmus*, *Z. macrolepis* (Ashiwa and Hosoya, 1998), *Z. koreanus* (Kim et al., 2005) 및 *Z. sieboldii* (Hosoya et al., 2003) 등을 포함하여 10종 이상으로 이루어졌고 대부분 중국, 한국, 대만 및 일본 등의 담수역에 분포한다. 우리나라의 경우는 피라미 속 중 피라미(*Z. platypus*), 갈겨니(*Z. temminckii*) 및 참갈겨니(*Z. koreanus*)가 담수역에 넓게 서식한다. 이들 3종 중 참갈겨니는 이전에는 갈겨니와 동일종으로 알려져 있었지만 최근 들어 갈겨니와 형태학적 차이로 인하여 신종으로 보고된 종이다(Kim et al., 2005). 그러나 isozyme 분석법을 통해 참갈겨니와 갈겨니 간의 유전자 차이는 우리나라의 여러 지역에서 모아진 피라미 개체간의 유전자 차이보다 적은 값의 결과를 나타내고 있어(Yang and Min, 1989) 이들 3종간의 계통분류학적인 관계성이 불명확하다.

미토콘드리아 DNA는 어류의 분자계통분류학적 연구에 널리 이용되는 유전자로, 특히 미토콘드리아 DNA 중 cytochrome b 유전자 서열은 효과적인 분자마커로 이용된다. 그러나 미토콘드리아 cytochrome b 서열을 이용하여 우리나라에 서식하는 피라미속 어류의 분자계통학적 관계에 대한 연구는 없는 실정이다. 따라서, 이 연구는 우리나라에 서식하는 피라미속 어류 3종간의 계통분류학적 위치, 종 간 및 종 내의 유전자 차이를 조사하였으며, 더 나아가 일본의 갈겨니와 피라미를 추가하여 우리나라와 일본 사이에 이들 어류의 분자계통분류학적 위치와 유전자 차이를 비교하였다.

재료 및 방법

피라미속의 분자계통분류학적 관계성을 조사하기 위해 이 연구에 사용된 어류인 피라미(7 지역), 갈겨니(4 지역) 및 참갈겨니(4 지역)은 우리나라의 15 지역에서부터 채집되었다. 일본산 갈겨니와 피라미 및 *Z. sieboldii*, *Z. macrolepis*, *Z. pachycephalus* 등의 유전자 서열은 NCBI database에서 획득한 후 이용하였다. 추가적으로, 참조분류군은 왜물개(*Aphyocypris chinensis*)와 눈볼개(*Squaliobarbus curriculus*)를 이용하였다.

Genomic DNA는 Genomic isolation kit를 이용하여 분리한 후 Glu-F3와 Pro-R primer를 이용하여 PCR (Polymerase Chain Reaction) 반응을 통해 cytochrome b gene를 증폭하였

다. 유전자서열은 DNAsist 프로그램을 통해서 다중 정렬하였다. 염기서열차이(p-distances)와 염기조성은 MEGA 3.0 그림을 이용하여 계산하였다. 분자계통분류학적 관계성은 MEGA 3.0과 PAUP 4.0d54 프로그램을 이용하여 MJ tree와 MP tree를 작성하였다.

결과와 토의

피라미속과 참조분류군의 cytochrome *b* 유전자 서열은 742 개의 conservative site, 399 variable site 및 325 potentially informative sites를 포함되어진 1141 bp로 구성되었다. 이들 사이의 cytochrome *b* 유전자 서열 평균 염기조성에 있어서 G 함량 (16.0%)은 낮은 값을 보였고 A(29.9%), T(27.2%), 및 C(27.0%)함량은 거의 동등한 값을 나타내어 이전에 보고된 척추동물의 염기조성과 유사하였다. Transition은 transversion보다 빈번하게 나타났으며, 전체적으로 transversion에 대한 transition의 비는 3.1이다.

피라미속 어류의 분류학적 계통수는 단진화군(monophyletic group)을 형성하였고 크게 두 개의 clade로 나뉘어 졌다. 하나의 clade는 피라미, *Z. macrolepis*, *Z. pachycephalus*, 및 *Opsariichthys bidens*를 포함하였고 두 번째 clade는 *Z. sieboldii*. 갈겨니, 참갈겨니를 포함하였다. 중국산 피라미를 제외한 한국산과 일본산 피라미는 단진화군을 형성하였고 중국산 피라미는 *Z. pachycephalus*와 가장 가깝게 묶였다. 한국산 피라미 개체군은 크게 우리나라의 서쪽 지역(임진강, 만경강, 금강, 탐진강, 및 섬진강)과 동쪽 지역(낙동강 수계인 산청과 인월)으로 나뉘어졌으며 서쪽 지역의 피라미 개체군은 일본산 피라미 개체와 계통학적으로 가장 가깝게 묶였다. 우리나라의 서식하는 참갈겨니는 갈겨니와 명확하게 구분이 가능하였지만 일본산 갈겨니와 가장 가깝게 묶인 결과를 얻었다.

p-distance 자료를 기초로 하여 *Zacco* 속 어류의 유전적 차이는 0.003-0.189보였으며 한국산, 중국산, 일본산 피라미 개체간에 유전적 차이는 0.003-0.171로 높은 변이를 나타내었다. 한국산 피라미의 지역간 변이는 0.002-0.095이며 산청개체와 순창개체 또는 인월개체와 순창개체 사이에 가장 큰 유전자 차이를 나타내었다. 지역간 참갈겨니의 유전적 차이는 0.005-0.045가 나타났으며 갈겨니와 유전적으로 명확하게 차이를 나타내었다. 참갈겨니와 갈겨니의 유전자 차이는 0.063-0.072를 보여 지역간 피라미 내의 유전자 차이보다 적은 값을 나타내었다.

참고문헌

- Ashiwa, H. and K. Hosoya. 1998. Osteology of *Zacco pachycephalus*, sensu Jordan & Evermann (1903), with special reference to its systematic position. Environ. Biol. Fishes, 52, 163~171.
- Hosoya, K., H. Ashiwa, M. Watanabe, K. Mizuguchi, and T. Okazaki. 2003. *Zacco sieboldii*, a species distinct from *Zacco temminckii* (Cyprinidae). Ichthyol. Res., 50, 1~8.
- Kim, I. S., M. K. Oh, and K. Hosoya. 2005. A new species of cyprinid fish, *Zacco koreanus* with redescription of *Z. temminckii*(Cyprinidae) from Korea. Korean J. Ichthyol., 17, 1~7.
- Yang, S. Y. and M. S. Min. 1989. Evolutionary study on the Dark Chub (*Zacco temmincki*) IX. Phylogeny of the Subfamily Danioninae (Pisces, Cyprinidae). Korea J. Zool., 32, 393~403.