

韓國產 유희목이(*Rhabdophis tigrina*) 2 亞種의 分類學的 研究

白南極・*梁瑞榮
(江陵大學 生物學科・*仁荷大學校 生物學科)

Taxonomic Study on Two Subspecies of European Grass Snake
(*Rhabdophis tigrina*) in Korea.

Paik, Nam-Keuk and *Yang, Suh-Yung
(Dept. of Biology, Gangreung College, Gangreung 210,
*Dept. of Biology, Inha University, Incheon, 160 Republic of Korea)

ABSTRACT

Electrophoretic methods and morphometric analysis were used to examine genetic and phenetic variation among 16 populations of *Rhabdophis tigrina* and to clarify the subspecific status of *R. t. tigrina* and *R. t. lateralis* in Korea.

The degree of genic variation based on 23 presumed loci was moderate and was similar to those found for other vertebrates. Interpopulation levels of genic differentiation were slight for all populations studied and overall genetic similarities were $\bar{S}=0.970$.

The number of ventral and subcaudal scales showed clinal variation with increasing tendency in numbers toward south. Discriminant function analysis based on six morphometric characters revealed that there were no morphometric differentiation between two subspecies. therefore it was concluded that they were same taxon and *R. t. lateralis* (Berthold, 1859) should be treated as synonym of *R. t. tigrina*(Boie, 1826).

Key words: Reptilia, *Rhabdophis tigrina*, electrophoresis, morphology

縮 論

韓國產 유희목이(*Rhabdophis tigrina lateralis*)는 Berthold(1859)에 의하여 처음 記述된 이래 學者들 間에 同亞種・誤定 如否에 關하여 많은 논란이 되어왔다.

Berthold(1859)는 *R. t. lateralis*는 基亞種이 日本産인 *R. t. lateralis*와 특징이 비슷하나 尾卜板數가 적다는 點을 지적 별 아종으로 명명하였다.

한편 Stejneger(1907)는 尾卜板數를 기준으로 韓國에 *R. t. tigrina*와 *R. t. lateralis* 두 亞種이 분포한다고 보고한 바 있다. Maki(1931), 姜 및 卞(1975)은 韓國産 *R. t. lateralis*는

모두 中國産 *R. t. lateralis* 와 동일한 種으로 분류하였고 日本産 *R. t. tigrina* 와는 別 亞種으로 발표하였다.

今泉(1957)는 腹板과 尾下板의 總數를 기준으로 中國産과 北韓産을 비교 분석한 결과 *R. t. lateralis* 로 同定하였고 韓國南部産을 *R. t. tigrina* 로 동정하여 한국에는 2亞種이 분포적이라고 보고하였다.

그러나, 中村 및 上野(1963)는 尾下板數의 地理的 變異에 대하여 조사한 결과 北部地方에서 南部地方으로 내려올 수록 尾下板數가 連續的으로 증가하는 勾配現象을 나타내고 있어 *R. t. lateralis* 를 認定하지않고 *R. t. tigrina* 의 同種異名으로 정리하였다.

蛇類의 분류에서는 몇개의 형태적 특징만을 선택하여 분류하였기 때문에 어느 형질을 중요시하느냐에 따라 分類群이 달라지고 또한 비교 재료의 결여로 亞種의 분류에도 논란이 있다.

近年에 이르러 分子生物學의 급속한 발달은 분류학 분야에도 크게 공헌한 바 있어 생물의 분류를 분자수준에서 再 檢討하게 되었으며 특히 Hunter & Markert(1957)에 의하여 개발된 電氣泳動法은 近緣種사이의 系統을 究明함에 있어서 큰 도움을 주었고 전기영동법을 이용하여 종전까지의 분류체계를 재 검토하기에 이르렀다(Avise, 1974; Paik *et al.*, 1979; Yang & Patton, 1981; Yang & Park, 1982; 김 등, 1986).

本 研究의 目的은 南韓에서 本 亞種의 地理的 隔離에 의한 유전적 변이를 전기영동실험을 통하여 집단간 유전적 변이정도 및 근연관계를 밝히고 형태 형질의 분석 결과를 종합하여 분류학적 위치를 재 검토하고자 한 것이다.

材料 및 方法

1. 採集

실험 재료는 Table 1에서와 같이 1981年 5月 부터 1981年 9月 까지 16회에 걸쳐 채집하였으며 채집지역은 Fig. 1과 같다.

2. 遺傳子 分析

南韓의 16個 지역에서 總 302個體를 채집하여 生體로 실험실내에서 전기 영동에 사용할 조직(심장 간장 및 신장)을 各 個體別로 취하여 -75°C 에 냉동시켰다. 상기 조직은 4°C 에서 glass-homogenizer 로 마쇄한 후 Sorvall RC-5B(Rotor SS-34) 원심분리기를 사용하여 49,000 g 로 30분간 低溫 遠心分離하여 上層液을 얻어 전기영동 試料로 사용하였다.

전기영동은 Selander *et al.*, (1971) 및 Paik *et al.*, (1979)의 방법을 이용하여 horizontal starch-gel electrophoresis 를 하였다. 전기영동에 사용한 buffer, 효소 및 단백질의 종류는 Table 2와 같다.

한편 전기영동에서 얻어진 결과는 각 개체별로 genotype allozyme frequency 를 산출하여 각 유전자에 따른 allele frequency(대립인자 빈도)를 구하고 각 집단의 다형성의 빈도(% polymorphism)와 이형접합자(heterozygosity) 값(Selander, 1976)을 구하여 유전적 변이 정도를 조사하였으며 allele frequency 를 토대로 하여 Rogers'(1972)의 방법으로 集團間의 유전적 근연관계를 산출 비교하였다.

3. 形態 形質 分析

各 個體를 集團間 性에 따라 구분하였고 胴長과 尾長의 比, 腹板數, 尾下板數, 腹板과 尾下板의 總數를 조사하여 집단간의 차이 유무를 비교하였다. 그리고 胴長, 尾長, 胴長과 尾長

Table 1. Collection localities, dates and sample sizes of *R. tigrina* populations in Korea.

Locality	Collection date	No. of specimens
1. Mt. Deogyu	1981. 5. 6~5. 16	22
2. Chuncheon	1981. 6. 17~6. 20	16
3. Goseong	1981. 6. 22~6. 26	20
4. Gangreung	1981. 9. 27~6. 30	24
5. Daegiri	1981. 6. 30~7. 1	18
6. Andong	1981. 7. 2~7. 3	20
7. Busan	1981. 7. 4~7. 6	20
8. Namhae Isl.	1981. 7. 7~7. 10	19
9. Yokji Isl.	1981. 9. 15~9. 18	20
10. Cheju Isl.	1981. 7. 26~8. 5	18
11. Mt. Jiri	1981. 8. 15~8. 19	14
12. Jin Isl.	1981. 9. 3~9. 10	20
13. Anmyeon Isl.	1981. 7. 12~7. 15	19
14. Mt. Sokri	1981. 8. 7~8. 12	19
15. Gangwha Isl.	1981. 9. 12~9. 14	16
16. Baikryeong Isl.	1981. 8. 20~8. 25	17

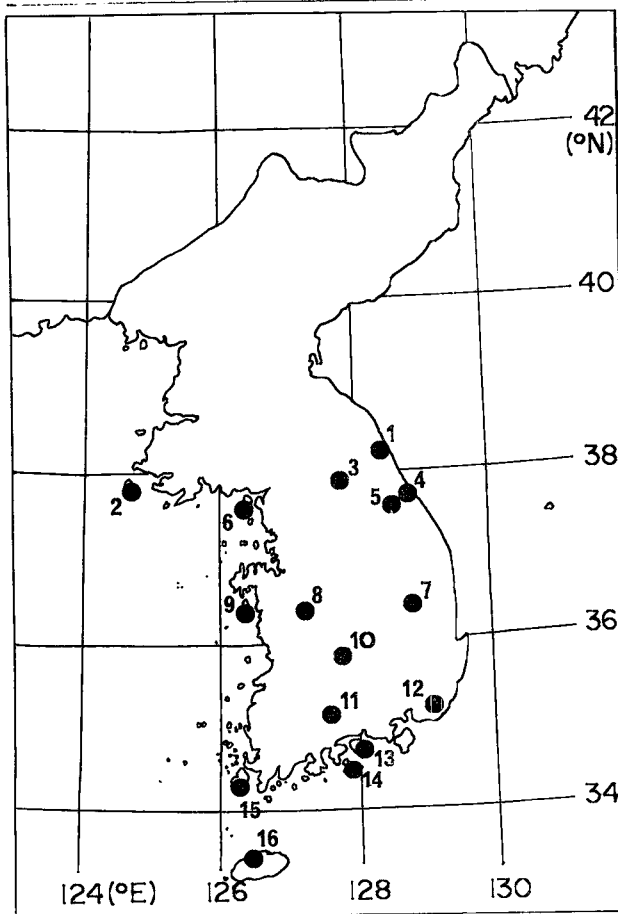


Fig. 1. The map showing the localities where the materials were collected in Korea.

- | | |
|---------------------|------------------|
| 1. Goseong, | 9. Anmyeon Isl., |
| 2. Baikryeong Isl., | 10. Mt. Deogyu, |
| 3. Chuncheon, | 11. Mt. Jiri, |
| 4. Gangreung, | 12. Busan, |
| 5. Daegiri, | 13. Namhae Isl., |
| 6. Gangwha Isl., | 14. Yokji Isl., |
| 7. Andong, | 15. Jin Isl., |
| 8. Mt. Sokri, | 16. Jeju Isl. |

Table 2. Buffer system and Enzyme for electrophoresis.

Butter	Enzyme	Volts	time
Continuous tris citrate II (T.C. II)	Fumerase (Fum)	110V	2 1/2 hrs
	Glutamate dehydrogenase (GDH)		
	Glutamic oxaloacetate trans-aminase (GOT)		
	Isocitrate dehydrogenase (IDH)		
	Malate dehydrogenase (MDH)		
	Phosphoglucose isomerase (PGI)		
	Phosphoglucomutase (PGM)		
	Sorbitol dehydrogenase (SDH)		
	α -glycerophosphate dehydrogenase (α -GPD)		
	Discontinuous tris citrate (Poulik)		
Lactate dehydrogenase (LDH)			
Mannose phosphate isomerase (MPI)			
Lithium hydroxide (LiOH)	General protein (AB)	300V	3 1/6 hrs.
	Aconitase (Aco)		
	Esterase (Est)		
Tris maleic EDTA (T.M)	Xanthine dehydrogenase (XDH)	100V	4 hrs.
	6-phosphogluconate dehydrogenase (6-PGD)		

의 比, 腹板數 尾下板數, 腹板 및 尾下板 總數의 6個 形質을 선정하여 discriminant function analysis (Sneath & Sokal, 1973)를 실시하였다.

結果 및 考察

1. 遺傳子 分析

남한의 16個지역에서 채집한 유혈목이의 집단간의 유전적 변이 정도를 조사하기 위하여 17 종류의 酵素 및 蛋白質에서 23個 유전자를 검출하여 이들의 遺傳子 頻度를 조사한 결과 *Idh-1*, *Idh-2*, *Mdh-1*, *Mdh-2*, *Pgm-1*, *Pgi-2*, *Got-1*, *Gp* 및 *Est* 의 10個 유전자(44%)는 변이가 없었고 16個 집단 共히 동일한 유전자 였으나 나머지 13個의 유전자는 유전적 변이가 있었으며 집단에 따라 차이가 있었다(Table 3).

이들의 유전적 변이 정도를 집단별로 조사하기 위하여 % polymorphism (P)과 heterozygosity(H) 값을 구한 결과는 Table 4와 같다.

평균 \bar{P} 의 값은 0.228로서 다른 爬蟲類의 유전적 변이 정도와 매우 유사하였으나 (Selander, 1976) 척추동물의 평균 $\bar{P}=0.300$ 보다는 낮은 값이었다. 俗離山집단의 P 값이 가장 낮아서 $P=0.1304$ 인데 반하여 島嶼集團인 南海集團은 $P=0.3478$ 로서 제일 높은 값이었다. 9個 本土集團(1, 3~5, 7, 8, 10~12)과 7個 島嶼集團(2, 6, 9, 13-16) 사이의 P 값을 비교해 볼때 本土의 경우 $P=0.251$ 였고 도서집단은 $P=0.242$ 로서 유사하였다.

Table 3. Allele frequencies of 16 populations of *R. tigrina*.

Loci	Alleles	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	
<i>Fum.</i>	a							.063	.026								.028	
	b	1.000	1.000	1.000	.974	1.000	1.000	.937	.974	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	.972	1.000
<i>α-GPD</i>	a	.958	.975	1.000	.974	1.000	1.000	1.000	.921	1.000	.893	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	.950
	b	.042	.025		.026				.079		.107							
<i>IDH-1</i>	a	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000
<i>IDH-2</i>	a	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000
<i>MDH-1</i>	a	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000
<i>MDH-2</i>	a	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000
<i>SDH</i>	a		.025	.015	.052													
	b	1.000	.925	.925	.947	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000
<i>PGM-1</i>	a	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000
<i>PGM-2</i>	a	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000
<i>PGL-1</i>	a	1.000	.950	1.000	1.000	1.000	.972	.969	1.000	.950	1.000	.975	1.000	1.000	.917	.944	.975	
	b		.050				.028	.031		.050		.025			.083	.056	.025	
<i>PGL-2</i>	a	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000
<i>GDH</i>	a	.167		.175	.132	.026	.083	.063	.132		.071							.075
	b	.791	1.000	.825	.868	.974	.917	.937	.868	1.000	.929	.972	1.000	1.000	.917	1.000	.925	
	c											.028			.083			
	d	.042																
<i>IPO-1</i>	a	1.000	.950	.975	.895	.947	.889	1.000	.947	1.000	.964	.975	1.000	1.000	1.000	1.000	.972	1.000
	b		.050	.025	.105	.053	.111		.026		.036	.025					.028	
<i>MPI</i>	a	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	.975	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000
	b												.025					
<i>LDH-1</i>	a					.026												
	b	1.000	1.000	1.000	1.000	.974	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000
<i>LDH-2</i>	a	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	.974	1.000	1.000	1.000	1.000	.974	1.000	1.000	1.000	1.000
	b								.026					.026				
<i>GOT-1</i>	a	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000
<i>GOT-2</i>	a					.079	.111	.125										
	b	1.000	1.000	1.000	1.000	.921	.889	.875	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	.972	.950
<i>ACO</i>	a	.167	.050	.150		.105								.026				
	b	.833	.925	.850	1.000	.895	.944	.875	.789	.950	.929	.850	.925	.921	.806	.917	.975	
	c			.025			.056	.125	.211	.050	.071	.150	.075	.053	.194	.083	.025	
<i>GP</i>	a	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000
<i>Est-1</i> 6 PGD	a	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000
	a	.125			.079			.031	.105		.143		.025					.050
	b	.167	.050	.150	.132	.132	.139	.313	.158	.025	.107	.100	.100		.083			.025
	c	.708	.900	.850	.789	.868	.861	.656	.711	.975	.760	.900	.810	1.000	.889	1.000	.900	
	d		.050						.026					.075		.028		
	e																	.025
<i>XDH</i>	a																	
	b	.917	.745	.900	.921	1.000	1.000	1.000	.763	.475	.679	.475	.875	.737	.833	.639	1.000	
	c	.083	.255	.100	.079				.237	.525	.321	.525	.125	.263	.167	.361		

* Locality explanation, see table 1.

Table 4. Polymorphism and heterozygosity for the 16 populatios of *R. tigrina*.

Locality	% polymorphism	heterozygosity	
		direct. count	by frequency
Mt. Deogyu	21.73	.047	.057
Chuncheon	30.43	.041	.043
Goseong	26.08	.039	.051
Gangreung	30.43	.043	.048
Daegiri	26.08	.032	.033
Andong	26.08	.038	.040
Busan	26.08	.043	.052
Namhae	34.78	.070	.073
Yokji Isl.	17.39	.030	.032
Mt. Jiri	26.08	.049	.058
Jin Isl.	26.08	.043	.047
Anmyeon Isl.	17.39	.036	.032
Mt. Sokri	13.04	.027	.025
Baikryeong Isl.	21.73	.041	.047
Gangwha Isl.	26.08	.054	.034
Cheju Isl.	26.08	.013	.026
Mean	22.85	.0404	.0436

Heterozygosity (H)는 직접 관찰된 異型接合子의 頻度(H_D)와 유전자 빈도에 의한 異型接合子의 豫測頻度(H_C) (Selander, 1976)를 산출하였다. Table 4에서와 같이 이를 두 방법에 의한 평균 Heterozygosity 값은 $\bar{H}_D=0.0404$ 및 $\bar{H}_C=0.0436$ 으로서 차이가 없었으며 16個 집단 중에서 도서집단인 남해집단이 $H_D=0.070$ 으로 가장 높은 率의 유전적 변이를 나타내었다. 9個 본토집단과 7個 도서집단의 H_D 값을 비교해보면 $\bar{H}_D=0.039$, $\bar{H}_D=0.041$ 로서 도서집단이 높게 나타나 McArthur & Wilson(1967)의 보고와는 달리 例外라 할 수 있겠다.

한편 allele frequency를 이용하여 16個 집단간 유전적 近緣值(Rogers, 1972)를 구한 결과는 Table 5와 같다.

Table 5에서와 같이 16個 집단 평균 近緣值 $\bar{S}=0.970 \pm 0.009(0.935 \sim 0.989)$ 로서 다른 生物群의 種內 집단간 유전적 근연치와 차이가 없었다(Avise, 1976).

2. 形態 形質 分析

韓國産 유혈목이의 분류학적 위치를 재 검토하기 위하여 남한의 16個 집단에서 302개체를 채집하여 집단별로 性을 구분하고 胴長과 尾長의 比 腹板數 尾下板數 腹板과 尾下板의 總數를 比較한 결과는 Table 6과 같다.

即, 性에 따라 腹板數 尾下板數에 뚜렷한 차이가 있었으며 수컷의 腹板數는 암컷에 比하여 그 數가 적었으나 尾下板數 및 尾長 比가 크게 나타나는 性的異型 현상을 발견 할 수 있었다. 이 같은 현상은 濟州道 集團에서도 동일하였으며 濟州道 集團의 평균 측정치는 他 集團에 比하여 腹板數 및 尾下板數가 현저히 많은 반면 尾長比는 他 集團에 比하여 약간 낮았다.

Table 5. Rogers' genetic similarity coefficients(S) of *Rhabdophis tigrina* populations in Korea.

Locality	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16
Mt. Deogyu		.953	.985	.978	.971	.970	.967	.979	.951	.971	.954	.971	.965	.963	.966	.973
Chunchcheon			.965	.972	.974	.968	.958	.970	.979	.978	.976	.982	.987	.976	.987	.951
Goseong				.980	.978	.972	.963	.969	.956	.971	.964	.977	.969	.969	.961	.975
Gangreung					.974	.972	.961	.965	.958	.967	.953	.970	.960	.964	.959	.976
Daegi-ri						.987	.976	.960	.958	.964	.660	.978	.971	.970	.964	.976
Andong							.980	.961	.958	.965	.963	.974	.960	.968	.963	.981
Busan								.965	.935	.962	.951	.971	.959	.966	.957	.974
Nambae Isl.									.956	.981	.966	.971	.970	.974	.964	.954
Yokji Isl.										.970	.989	.972	.983	.970	.986	.965
Mt. Jiri											.973	.977	.978	.968	.976	.971
Jin Isl.												.971	.983	.975	.980	.966
Anmyeon Isl.													.983	.983	.975	.978
Mt. Sokri														.981	.987	.973
Baikryeong Isl.															.978	.972
Kangwha																.968
Cheju Isl.																

* Locality explanation, see table 1.

Table 6. Comparison of the number of tail/body(ratio), ventrals, subcaudals, and total number of ventral+subcaudal scals among 16 populations of *R. tigrina* in Korea.

Locality	Sex	N.	tail/body			Ventrals			Subcaudals			Ventral+Subcaudal		
			Range	Mean	S.D	Range	Mean	S.D	Range	Mean	S.D	Range	Mean	S.D
Mt. Deogyu	♀	14	12.0~20.1	15.9	2.22	161~168	164.2	1.68	45~64	59.5	4.59	212~229	224.4	4.84
	♂	18	11.0~19.4	16.4	2.56	155~164	160.6	2.33	62~70	66.4	2.72	218~234	227.1	4.00
Chuncheon	♀	7	17.4~21.9	18.5	1.58	160~170	164.4	3.46	56~61	59.3	1.58	217~230	223.7	4.39
	♂	9	19.3~22.5	21.1	0.91	157~164	161.3	2.49	61~73	66.9	3.07	223~236	228.2	4.05
Goseong	♀	9	16.2~18.9	18.0	0.82	160~169	166.2	2.57	58~66	61.2	2.44	225~232	227.4	3.50
	♂	11	20.5~22.7	21.8	0.38	159~166	161.2	1.85	60~70	67.5	1.85	222~234	228.6	3.23
Gangreung	♀	12	16.5~19.4	18.3	0.66	159~169	163.4	2.69	59~67	62.4	1.98	220~232	225.8	3.76
	♂	12	20.0~23.1	21.7	1.02	156~164	160.3	2.21	64~71	68.7	1.89	228~236	229.9	2.12
Daegiri	♀	15	16.0~19.5	18.3	1.90	160~168	163.8	2.19	55~67	60.0	3.61	217~234	223.8	4.75
	♂	3	18.7~22.0	20.7		157~162	159.6		66~71	68.0		223~231	229.6	
Andong	♀	9	16.7~18.9	18.0	0.75	163~170	165.4	2.36	54~67	58.8	3.97	217~232	224.2	4.42
	♂	11	20.4~22.1	21.0	1.56	158~167	162.1	2.44	61~70	66.6	2.84	221~236	228.8	4.26
Busan	♀	14	16.6~22.8	18.6	1.44	162~172	166.7	2.92	56~69	61.2	3.89	222~238	227.8	5.93
	♂	6	17.4~24.4	21.6	2.08	158~171	162.2	4.71	65~75	69.6	3.64	225~245	231.8	6.12
Namhae Isl.	♀	13	17.1~19.4	18.1	0.54	162~171	166.0	2.73	54~64	60.3	3.09	220~230	226.4	2.79
	♂	6	19.0~23.5	21.0	1.65	160~166	162.3	1.89	59~76	69.5	5.44	222~237	231.8	4.88
Yokji Isl.	♀	2	19.4~19.9			159~161			61~64			222~223		
	♂	18	18.8~25.7	22.0	1.08	155~163	159.5	3.08	66~75	68.4	2.03	223~235	228.0	2.96
Cheju Isl.	♀	8	18.3~20.7	19.6	0.70	169~176	171.4	2.63	61~71	67.5	3.24	244~231	239.1	4.07
	♂	10	21.2~23.6	22.4	0.66	162~174	167.4	4.27	73~79	75.5	3.96	257~251	242.9	4.91
Mt. Jiri	♀	4	14.9~19.9	17.3		163~170	167.0		60~62	61.0		224~230		
	♂	10	20.3~23.7	21.5	1.11	158~163	160.4	2.01	68~72	69.1	1.45	225~233	229.5	2.40
Jin Isl.	♀	6	16.9~20.8	19.1	1.05	161~168	164.5	2.87	54~65	59.6	3.54	220~229	224.1	3.18
	♂	14	21.1~23.5	22.4	0.91	155~175	160.6	4.70	60~78	67.9	3.88	221~238	228.6	4.37
Anmyeon Isl.	♀	9	17.9~20.2	18.6	0.71	164~170	166.1	1.79	58~66	62.3	2.27	224~231	228.4	2.79
	♂	10	20.4~22.1	21.3	0.40	161~166	161.1	2.80	64~70	67.7	1.92	223~235	228.4	3.34
Mt. Sokri	♀	10	17.1~22.2	18.2	1.50	160~172	165.0	3.74	55~66	61.6	2.88	220~232	226.3	3.29
	♂	9	20.5~22.1	21.6	0.67	154~164	160.0	2.94	63~72	68.2	2.48	222~236	228.5	4.17
Gangwha Isl.	♀	9	16.2~20.8	18.3	1.16	160~169	165.3	2.67	56~62	59.7	1.93	221~229	225.1	3.07
	♂	9	20.2~23.0	21.3	0.69	159~165	161.4	1.79	63~70	68.0	2.31	227~233	229.4	2.84
Baikryeong Isl.	♀	9	17.0~22.8	18.6	1.79	163~170	166.0	1.97	57~63	69.0	2.03	222~230	224.8	2.52
	♂	8	20.0~22.3	21.7	0.57	159~166	162.6	2.12	63~76	69.3	3.64	227~238	231.8	3.72

Table 6의 16개 集團, 4個 형태 型질의 측정 자료를 토대로 하여 緯度別 集團에 따른 腹板數, 尾下板數, 腹板과 尾下板數의 總數를 비교한 결과는 Fig. 2, Fig. 3 및 Fig. 4와 같다.

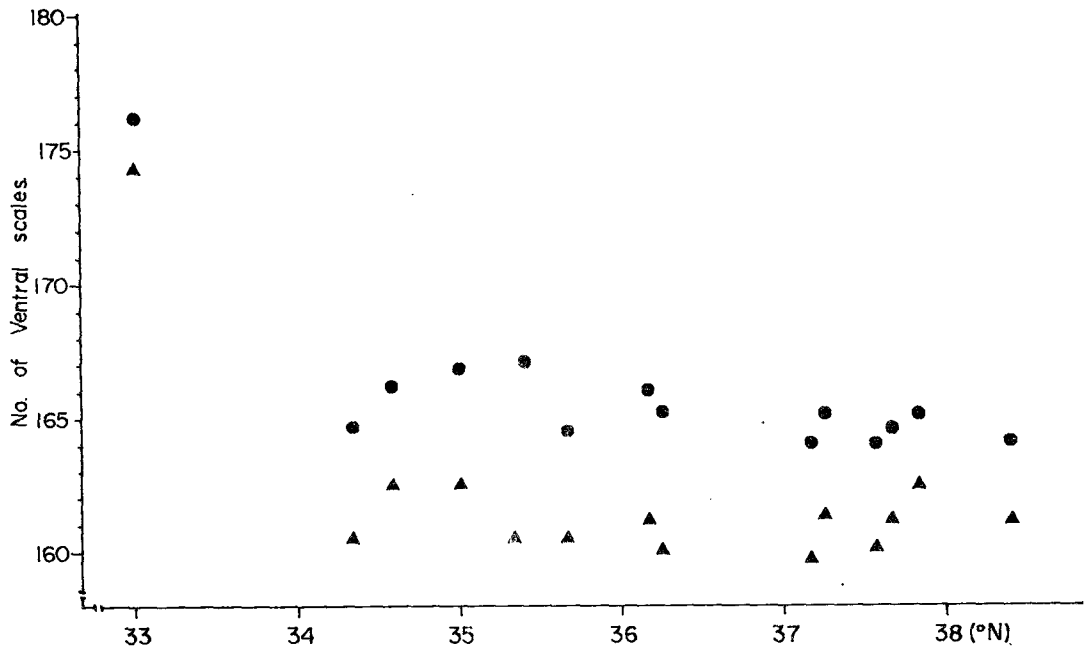


Fig. 2. Plots of the number of ventral scales with latitude.

▲ : MALE
● : FEMALE

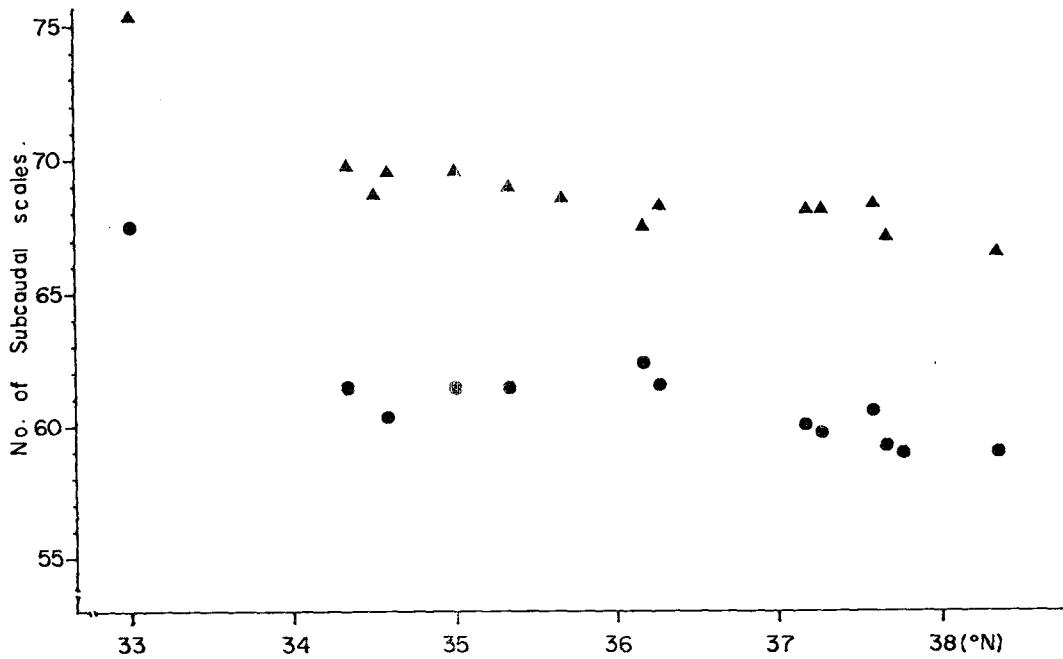


Fig. 3. Plots of the number of subcaudal scales with latitude.

▲ : MALE
● : FEMALE

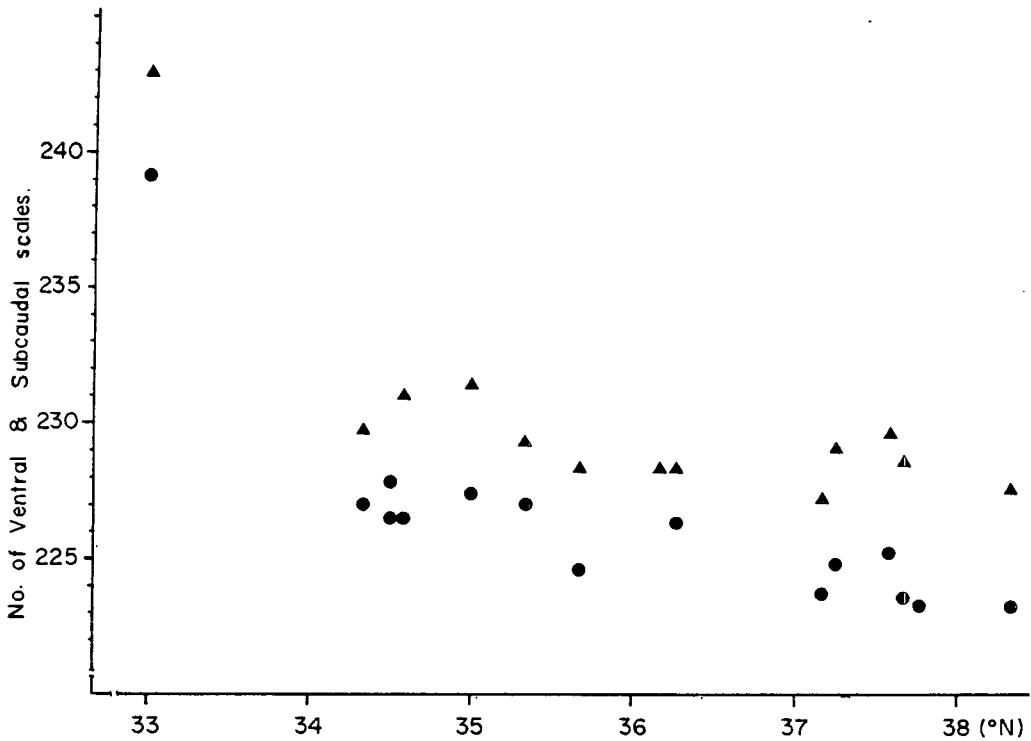


Fig. 4. Plots of the number of ventral and subcaudal scales with latitude.

▲ : MALE

● : FEMALE

Fig. 2 에서와 같이 腹板數는 암컷이 수컷보다 약간 많고 緯度에 따른 地理的인 변이는 濟州道를 제외하고는 큰 변이를 발견할 수 없었다. Fig. 3의 尾下板數에 있어서는 수컷이 암컷보다 현저히 많으며 緯度에 따른 변이는 北部地方에서 南部地方으로 내려올 수록 그 數가 증가하는 경향을 알 수 있었다. 한편 腹板과 尾下板數의 總數 비교에 있어서도 수컷이 암컷보다 약간 많은 편이었으며 緯度에 따른 변이 관계는 尾下板數와 같이 남부지방으로 내려올 수록 점차 증가하는 勾配現象을 볼 수 있었다(Fig. 4).

今泉(1957)에 의하여 韓國産 유혈목이의 분류를 腹板數와 尾下板數를 합한 수치를 기준으로 하여 地理적 변이를 조사한 결과는 Table 7, Table 8과 같다.

Table 7. Comparison of the total number of ventral and subcaudal scales among China, North and South Korean populations of *R. tigrina* (Imaizumi, 1957).

Locality	N	Rnage	Mean
China	14	206—224	214.93
North Korea	12	213—230	221.25
South Korea	12	224—235	231.0

Table 8. Comparison of the total number of ventral and subcaudal scales among Japanese populations of *R. tigrina* (Imaizumi, 1957).

Locality	N	Range	Mean
Do-hoku	104	210—236	218.31
Hon-syu (Western P.)	30	220—241	228.83
Gyu-syu	27	230—257	240.30

Table 9. Comparison of the total number of ventral and subcaudal scales among Korean populations of *R. tigrina*.

Locality	N	Range	Mean
Central Korea*	170	217—239	227.71
Southern Korea*	120	217—245	229.54
Jeju Isl.	20	231—251	241.0

* Central Korea; Goseong, Chuncheon, Mt. Deog-yu, Gangreung, Daegi-ri Andong, Mt. Sokri, Gangwha Is. Anmyeon, Is. Baik ryeong.

Southern Korea; Mt. Jiri, Busan, Namhae, Is. Yokji, Is. Jin Is.

Table 7, Table 8에서와 같이 大陸產은 중국 북부집단에서 北韓집단, 南韓집단, 濟州道집단으로 내려올 수록 그 數가 점차 증가하고 있었으며 日本產도 大陸產과 같이 東北地方에서 本州南部, 九州로 내려오면서 그 數가 점차 증가하고 있으며, 더우기 日本과 본 연구 결과에서 나타난 (Table 9) 韓國집단을 비교하면 한국의 중부지방집단과 일본의 동부지방집단이 비슷하며 한국의 남부지방집단은 本州집단과 濟州道집단과 九州집단이 비슷한 數值를 나타내는 것으로 보아 이들은 동일한 勾配現象을 나타내어 *R. t. tigrina* 를 두 亞種으로 분류하는 것은 타당치 않다고 본다.

6個 形態 形質을 선정하여 discriminant function analysis (Sneath & Sokal, 1973)를 실시한 결과는 Table 10과 같다.

Table 10. Standardized discriminant function coefficients for *Rhabdophis tigrina*.

Discriminating variable	Func. 1	Func. 2	Func. 3	Func. 4	Func. 5	Func. 6
Body Length	-0.01	0.62	-0.14	0.71	-2.30	0.50
Tail Length	0.34	-0.60	1.43	-0.35	2.80	-0.20
Tail/Body	-0.22	1.31	-1.13	-0.14	-0.58	-0.13
Ventrales	-0.80	0.04	-0.34	-2.03	0.59	3.60
Subcaudals	-0.63	-0.62	-0.91	-1.33	-0.14	5.80
V. ets. total	-0.29	0.22	0.72	2.01	-0.55	-5.02
Eigenvalue	0.72	0.35	0.32	0.09	0.06	0.02
% Variance	45.29	22.24	20.45	6.03	4.32	1.67

* Func = Function

Function 1과 function 2의 eigenvalue 및 % variance 값이 각기 0.72, 0.35 및 45.29% 22.24%였다. 따라서 이들 function 1과 function 2의 값을 이용하여 集團間 差異有無를 조사한 결과(Fig. 5), 전체 16個 집단에서 濟州道 집단을 제외한 나머지 15個 집단은 같은 정도의 형태적 변이를 갖는 것을 알 수 있었으며 특히 中心點을 통하여 볼 때 전 집단에서 유의한 차이를 볼 수 없는 동일한 分類群임을 알 수 있었다.

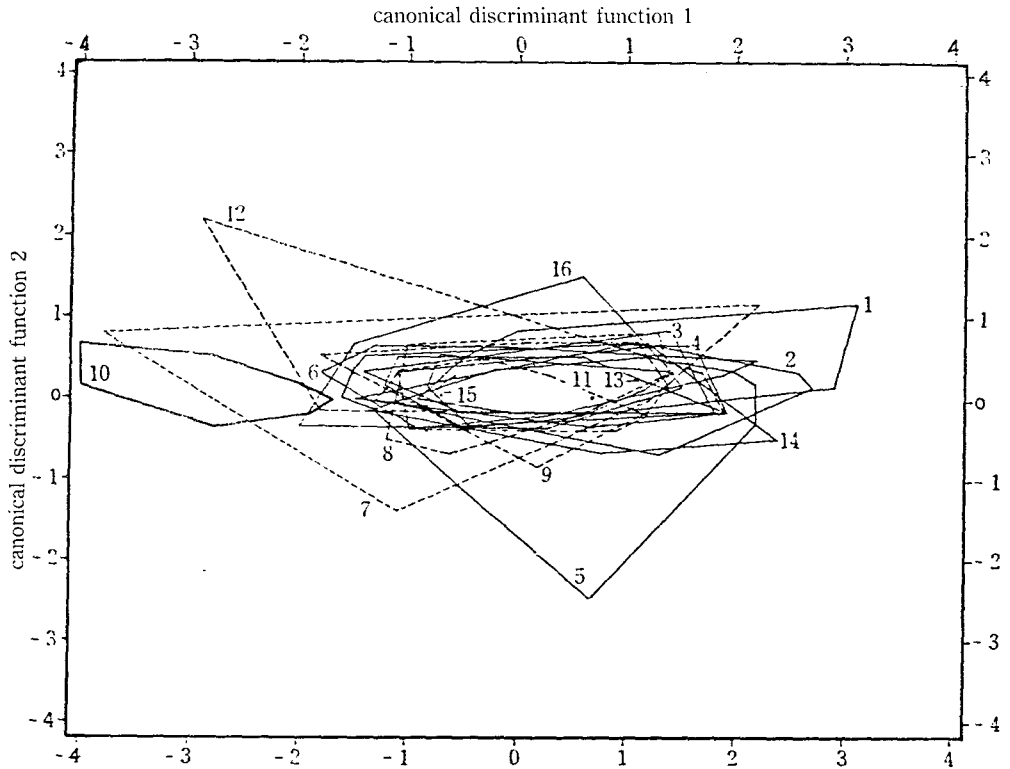


Fig. 5. Plot of discriminant function analysis for 16 populations of *Rhabdophis tigrina*. Each polygon surrounds the individual points for one population.

1. Mt. Daegy 2. Chuncheon 3. Goseong 4. Gangreung 5. Daegiri 6. Andong 7. Busan 8. Namhae Isl. 9. Yokji Isl. 10. Cheju Isl. 11. Mt. Jiri 12. Jin Isl. 13. Anmyeon Isl. 14. Mt Sokri 15. Gangwha Isl. 16. Baikryeong Isl.

* Locality explanation, see table 1.

이상과 같이 전체 평균 유전적 근연치 $\bar{S}=0.970$ 과 형태 형질의 분석 결과를 종합하여 볼 때 한국산 유혈목이는 中村・上野(1963)의 보고와 같이 *Rhabdophis tigrina lateralis* (Berthold, 1859)는 基亞種인 *Rhabdophis tigrina tigrina* (Boie, 1826)의 同種異名으로 정리하는 것이 타당하다고 思料된다.

要 約

韓國產 유혈목이(*Rhabdophis tigrina*)의 유전 및 형태적 변이를 조사한 결과 각 집단간의 유전적 近緣値는 $\bar{S}=0.970\pm 0.009$ 로서 他 生物群의 同種內 집단간 近緣치와 동일하였으며 *Rhabdophis tigrina lateralis* 와 *Rhabdophis tigrina tigrina* 두 亞種의 형태 변이에 관해서는 尾下板數, 腹板數와 尾下板數의 總數가 大陸產과 日本產 共히 북부지방에서 남부지방으로 내려올 수록 그 數가 증가하는 勾配現象을 나타내고 있어 別亞種으로 분류할 수 없으며 6個 형태 形질에 대한 discriminant function analysis 결과 韓國產 유혈목이는 동일종임이 확인되었다. 그러므로 *Rhabdophis tigrina lateralis* (Berthold, 1859)은 *Rhabdophis tigrina tigrina* (Boie, 1826)의 同種異名으로 분류함이 타당하다고 思料된다.

謝 辭

본 연구를 위하여 전기영동실험을 협조해준 李 双淑嬢과 電算處理를 도와준 梁基烈氏에게 深甚한 謝意를 表하며 아울러 원고작성에 많은 노력을 아끼지 않은 沈 在漢君에게 감사를 드린다.

參考文獻

- Avise, J.C., 1974. Systematic value of electrophoretic data. *Syst. Zool.*, 23: 465-481.
- Avise, J. C., 1976. Genetic differentiation during speciation. In: *Molecular Evolution* (F. J. Ayala, editor). Sunderland, Massachusetts, Sinauer Assoc. Inc., 106-122.
- Berthold, A. A., 1859. Einige neue Reptilien des akad. Zoology Museums in Gottingen, Nachrichten Ges. Wiss. Gottingen, 1: 179-181.
- Boie, H., 1826. Characters de quelques Reptiles du Japan Feruss. *Bull. Sci. Nat.*, 10: 160-162.
- Hunter, R. L. and C. L. Markert, 1957. Histochemical demonstration of enzymes separated by zone electrophoresis in starch gels. *Science*, 125: 1294-1295.
- 今泉吉典, 1957. 腹板と尾下板の變異にまよづくヤマカガシの分類と自然科学 博物館, 35: 146-154.
- 姜永善·尹一炳, 1975. 한국동식물도감, 동물편, 양서파충류, 17권. 분교부.
- 김상욱, 심재한, 양서영, 1986. 한국산 참새목 2종의 아종에 대한 분류학적 연구. 인하대학교 기초과학연구소 논문집, 7: 123-131.
- 牧茂市郎, 1931. 日本 蛇類圖說. 第1書房(東京).
- 中村, 上野, 1963. 原色日本兩生爬蟲類圖鑑, 保育社.
- McArthur, R. and E. O. Wilson, 1967. *The theory of island biogeography*. Princeton Univ. Press, Princeton, N. J.
- Paik, N.K., Y.J. Kim, and S.Y. Yang, 1979. Biochemical variation and systematic status of the genus *Agkistrodon* (crotalidae) in Korea. *Kor. J. Zool.*, 22(4): 153-163.
- Rogers, J.S., 1972. Measure of genetic similarity and genetic distance. *Studies in Genetics VII*. Univ. Texas Publ., 7213:145-153.
- Selander, R.K., 1976. Genetic variation in natural populations. In: *Molecular Evolution* (F. J. Ayala, editor). Sunderland, Massachusetts, Sinauer Assoc. Inc., 21-45.
- Selander, R.K., M.H. Smith, S.Y. Yang W.E. Johnson, and J.B. Gentry, 1971. Biochemical polymorphism

and systematics in the genus *Peromyscus*. I. Variation in the old field mouse (*Peromyscus polionotus*).
Studies in Genetics VII. Univ. Texas Publ., **7103**: 49-90.

Sneath, P.H.A. and R.R. Sokal, 1973. Numerical taxonomy. W.H. Freeman Co., San Francisco,

Stejneger, L., 1907. Herpetology of Japan and adjacent territory. U.S. Nat. Mus., **58**: 1-577.

Yang, S.Y. and B.S. Park, 1982. Genic variation and systematics of the subfamily Acheilognatinae (Cyprinidae)
in Korea. Annual Report of Biological Research, Jeonbug Univ., **3**:25-32.

Yang, S.Y. and J.L. Patton, 1981. Genic variability and differentiation in the Galapagos finches. Auk., **98**:230-242.

수령 : 1986. 4. 10.

채택 : 1986. 4. 30.