

한국산 피라미속(*Zacco*) 어류의 미토콘드리아 cytochrome *b* gene 분석을 통한 분자계통

오민기 · 박종영*

전북대학교 자연과학대학 생물과학부 · 생물다양성연구소

A Molecular Systematics of Korean *Zacco* Species Inferred from Mitochondrial Cytochrome *b* Gene Sequence by Min-Ki Oh and Jong-Young Park* (Faculty of Biological Science and Institute for Biodiversity Research, College of Natural Sciences, Chonbuk National University, Jeonju 561-756, Korea)

ABSTRACT A molecular phylogenetic relationship inferred from mitochondrial cytochrome *b* gene sequence was developed based on analysis of *Zacco* species distributed in Korea as well as China, Japan and Taiwan. A maximum parsimony (MP) tree showed that Korean *Z. temminckii* and *Z. koreanus* formed a monophyletic clade, but the populations of *Z. temminckii* and *Z. koreanus* in the 'South Korean Subdistrict' region had genetic similarity with Japanese *Z. temminckii*. Korean *Z. platypus* had a closer relationship with Japanese members of the clade than with Chinese *Z. platypus*, which was more closely related to *Opsariichthys uncirostris amurensis*. The analysis of neighbor joining (NJ) tree may support a hypothesis that the clade of *Z. platypus* had genetically diverged from the common ancestor of *Zacco* species comprising *Z. koreanus*, *Z. temminckii*, *Z. sieboldii* and other species; thereafter a cladogenesis of *Z. koreanus* and *Z. temminckii* had occurred from the ancestor of *Z. sieboldii*. Moreover, the Chinese *Z. platypus* had diverged far from the Korean *Z. platypus* and formed a phylogenetic relationship with *O. uncirostris amurensis*. Therefore, a more detailed study of the taxonomy and systematics of *Zacco* species in regard to their zoogeographical distributions is needed.

Key words : Mitochondrial cytochrome *b* gene, maximum parsimony, clade, South Korean Subdistrict, neighbor joining, cladogenesis

서 론

잉어목(Cypriniformes) 피라미아과(Danioninae) 피라미속(*Zacco*) 어류는 전 세계적으로 한국, 중국, 일본 및 대만 등지의 동아시아에 지역에 분포하는 종으로써, *Zacco platypus*, *Z. temminckii*, *Z. sieboldii*, *Z. chengtui*, *Z. macrolepis*, *Z. barbatus* 6종(Hosoya *et al.*, 2003) 및 Kim *et al.*(2005)에 의해 *Z. koreanus* 1종이 추가되어 총 7종의 어류가 존재하는 것으로 알려져 있다. 그러나 *Z. macrolepis*는 *Z. platypus*(Temminck and Schlegel, 1846)의 synonym(Zheng, 1989)이며, *Z. barbatus* 역시 *Candidia barbata*의 synonym(Wu *et al.*, 2007)

이므로 동아시아에 분포하는 피라미속 어류는 총 5종이며, 그 중 한국에는 *Z. platypus*, *Z. temminckii*, *Z. koreanus* 3종의 어류가 서식하고 있다(Kim *et al.*, 2005).

한국산 피라미아과 어류는 Jordan and Starks(1905)에 의해 한국과 일본산 갈겨니 *Z. temminckii*의 형태적 차이에 대한 연구가 수행되었으며, Uchida(1939)는 낙동강에 서식하는 갈겨니 집단에 대한 형태학적 형질분석, 생태, 생활사 및 동물지리학적 분포를 기록하였다. 한편, 갈겨니의 진화에 대한 연구의 일환으로 malate dehydrogenase 동위효소 분석을 통해 갈겨니 집단 내 MS type과 MM type이 존재함을 확인하여 그에 대한 지리적 분포(양과 민, 1989a)와 핵형분석(이 등, 1986) 및 유전적 변이(양과 민, 1987)에 대해 논의하였다. 그 후 Kim *et al.*(2005)는 갈겨니의 형태학적 연

*교신저자: 박종영 Tel: 82-63-270-3344, Fax: 82-63-270-3362,
E-mail: park7877@chonbuk.ac.kr

구를 통해 갈겨니와 명확히 구분되는 집단을 참갈겨니 *Z. koreanus*로 기재하였으며, 오(2005)는 mitochondrial cytochrome *b* gene 분석을 통해 갈겨니와 참갈겨니 집단에 대한 분자계통학적 정보를 제공한 바 있다. 그러나 생물지리학적 분포구계의 남한아 수계에 서식하는 참갈겨니는 동한아 수계와 서한아 수계에 분포하는 참갈겨니 집단과는 다소 유전적 거리를 나타낸 반면, 일본산 갈겨니와 유전적 유사성을 보이고 있어 동물지리학적 분포와 분류학적 논의가 요구되었고, 최근 채와 윤(2006)은 참갈겨니 집단의 혼인색에 의한 3개의 지리적 변이집단을 구분하면서 분류학적 위치를 규명하기 위한 형태, 생태 및 분자유전학적 연구의 필요성을 제안한 바 있다.

특정 유전자 분석은 자매종(sibling species)과 같이 형태적으로 유사하거나 성인적상동(homoplasy)으로 인한 계통 연구의 문제점 등을 해결하는데 있어서 유용한 정보를 제공할 수 있다(Kocher *et al.*, 1993; Strickberger, 2000). 특히 모계유전체인 mitochondrial DNA는 염기서열이 비교적 보존적이므로 중간 분자계통연구뿐만 아니라 종내 변이연구에 활발히 이용되고 있다(Saccone *et al.*, 1999; Kim *et al.*, 2000; 김 등, 2003; Perdices *et al.*, 2004; Yanagimoto *et al.*, 2004).

따라서 본 연구에서는 우리나라에 서식하는 피라미속 어류 3종에 대한 mitochondrial cytochrome *b* gene 분석을 통하여 형태학적 차이와 동물지리학적 분포에 대한 유전적 분화와의 관계를 알아보고자 하였으며, 중국과 일본에 분포하는 피라미속 어류를 포함한 분자계통학적 유연관계를 동물지리학적 분포양상과 비교하여 논의하고자 한다.

재료 및 방법

1. 표본 채집

본 연구에 사용된 피라미속 어류는 2003년 7월부터 2004년 10월까지 우리나라의 동·서·남해로 유입되는 하천에서 투망(망목 10×10 mm)을 이용하여 채집하였고(Fig. 1, Table 1), 김 등(2005)과 Kim *et al.*(2005)에 따라 동정한 후 즉시 100% Ethyl Alcohol로 고정하였으며 DNA 분석을 위해 -40°C의 deep freezer에 보관하였다. 분자계통분석에 필요한 중국과 일본산 피라미속 어류 및 기타 어류는 NCBI GenBank (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>)에서 획득하였다.

2. Mitochondrial cytochrome *b* gene 분석

어체의 꼬리지느러미 약 25 mg을 절단한 후 DNeasy Tissue Kit(QIAGEN, Germany)을 사용하여 genomic DNA를 분리·정제하였으며 전기영동을 통해 DNA band를 확인하였다. Cytochrome *b* gene의 증폭을 위해 *cbup1* (tRNA-Glu: 5'-

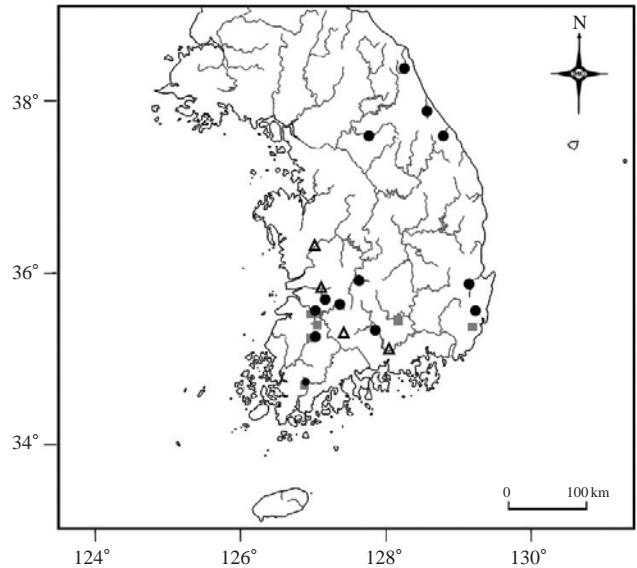


Fig. 1. Sampling sites of *Zacco koreanus* (circle), *Z. temminckii* (rectangle) and *Z. platypus* (triangle) from Korea.

GGATTACAAGACCGATGCTTT-3'), *cblo2* (tRNA-Thr: 5'-TGACTTGAAGAACCACCGTTG-3') primer를 사용하여 PCR을 실시하였으며, PCR의 50 μ L reaction volume은 50 ng의 정제된 genomic DNA 0.5 μ L, Tag \times 10 enzyme buffer 5 μ L (QIAGEN, Germany), Tag polymerase 0.2 unit (QIAGEN, Germany), 10 mM의 dNTP(각각 2.5 mM) 1 μ L, 10 nM *cbup1*, *cblo2* primer 각 2 μ L 및 3차 증류수 39.3 μ L로 구성하였다. PCR product를 전기영동을 통해 DNA band length를 확인한 후 QIAquick PCR Purification Kit(QIAGEN, Germany)을 이용하여 정제하였고, ABI3730XL Automatic sequencer (Applied Biosystems, USA)로 mitochondrial cytochrome *b* gene의 염기서열을 분석하였다.

3. 분자계통분석

분석된 cytochrome *b* gene 총 1,140 bp의 염기서열은 Sequencher 4.2 (Gene Codes Co., USA)로 1차 정렬한 후 Clustal X 1.83 (Thompson *et al.*, 1999)을 통해 모든 실험군의 염기서열을 정렬하였다. 계통분석은 PAUP v4.0b10 program (Swofford, 2001)의 Branch-and-bound furthest method를 이용한 Maximum parsimony (MP)와 Kimura-2-parameter model (Kimura, 1980)로 계산된 염기변이로부터 Neighbor joining (NJ)을 산출하여 각 계통간 유전적 차이를 비교·분석하였다. 피라미속 어류의 계통유연관계를 알아보기 위하여 피라미아과의 왜물개 *A. chinensis*와 잉어아과의 붕어 *C. auratus*를 outgroup으로 사용하였다(Table 1).

Table 1. Sampling localities of ingroup and outgroup for the analysis of mitochondrial cytochrome *b* gene sequence and its abbreviation for usage

Taxon	Locality	Abbreviation	Accession number
Ingroup			
Order Cypriniformes			
Family Cyprinidae			
Subfamily Danioninae			
<i>Zacco koreanus</i>	Han R./Korea	ZKH	-
<i>Zacco koreanus</i>	Geum R./Korea	ZKG	-
<i>Zacco koreanus</i>	Mangyeong R./Korea	ZKM	-
<i>Zacco koreanus</i>	Dongjin R./Korea	ZKD	-
<i>Zacco koreanus</i>	Yeongsan R./Korea	ZKY	-
<i>Zacco koreanus</i>	Tamjin R./Korea	ZKT	-
<i>Zacco koreanus</i>	Seomjin R./Korea	ZKS	-
<i>Zacco koreanus</i>	Nakdong R./Korea	ZKN	-
<i>Zacco koreanus</i>	Ulsan, Taehwa R./Korea	ZKU	-
<i>Zacco koreanus</i>	Pohang, Hyungsan R./Korea	ZKP	-
<i>Zacco koreanus</i>	Donghae, Sinheung S./Korea	ZKE1	-
<i>Zacco koreanus</i>	Gangneung, Namdae S./Korea	ZKE2	-
<i>Zacco koreanus</i>	Ganseong, Buk S./Korea	ZKE3	-
<i>Zacco temminckii</i>	Dongjin R./Korea	ZTD1, ZTD2	-
<i>Zacco temminckii</i>	Yeongsan R./Korea	ZTY	-
<i>Zacco temminckii</i>	Tamjin R./Korea	ZTT	-
<i>Zacco temminckii</i>	Seomjin R./Korea	ZTS	-
<i>Zacco temminckii</i>	Nakdong R./Korea	ZTN	-
<i>Zacco temminckii</i>	Hoiya R./Korea	ZTH	-
<i>Zacco temminckii</i>	Lake Biwa/Japan	ZTJ1	AF309084
<i>Zacco temminckii</i>	Shimane Pref./Japan	ZTJ2	EF452750
<i>Zacco platypus</i>	Geum R./Korea	ZPK	-
<i>Zacco platypus</i>	Mangyeong R./Korea	ZPM	-
<i>Zacco platypus</i>	Seomjin R./Korea	ZPS	-
<i>Zacco platypus</i>	Nakdong R./Korea	ZPN	-
<i>Zacco platypus</i>	Xiang-Jiang R./China	ZPC1	AY245089
<i>Zacco platypus</i>	Yongning-He R./China	ZPC2	AY245085
<i>Zacco platypus</i>	Japan	ZPJ	AF309085
<i>Zacco sieboldii</i>	Japan	ZSJ	AY958198
<i>O. uncirostris amurensis</i>	China	OUA	AF308437
Outgroup			
<i>Aphyocypris chinensis</i>	China	AC	AF307452
Subfamily Cyprininae			
<i>Carassius auratus</i>	Seomjin R./Korea	CA	-

결과 및 고찰

1. 한국산 피라미속 어류의 MP tree 분석

한국산 피라미속 어류에 대한 MP tree를 분석한 결과, 피라미속 어류는 9개의 공통파생형질과 99% bootstrap value로써 outgroup인 붕어(CA)와 왜물개(AC)에 대해 뚜렷이 구분되는 단계통군(Clade I~VI)을 형성하고 있었다(Fig. 2).

한국고유종인 참갈겨니 집단(ZKG, ZKD, ZKM, ZKT, ZKY, ZKE1, ZKE2, ZKE3, ZKH)은 15개의 공통파생형질과 99%의 bootstrap value로 단계통군(Clade I)을 형성하였고, 한국산 갈겨니 집단(ZTD1, ZTY, ZTT, ZTD2, ZTS)은 33개의 공통파생형질과 100%의 bootstrap value로 단계통군(CI-

ade III)을 형성하였다. 그러나 우리나라 생물분포구계(Kim, 2009)의 남한아 지역에 서식하는 참갈겨니의 섬진강(ZKS), 낙동강(ZKN), 울산(ZKU), 포항(ZKP) 집단은 갈겨니의 낙동강(ZTN)과 낙동강 인근수계인 회야강(ZTH) 및 일본산 갈겨니(ZTJ1, ZTJ2) 집단과 유전적으로 유사한 Clade II를 구성하였다. 이는 참갈겨니와 갈겨니의 형태학적 차이는 명확히 구분되나(Kim *et al.*, 2005), 동물지리학적 분포 및 종분화(Brown and Lomolino, 1998)를 고려할 때 참갈겨니와 갈겨니는 공동조상으로부터 분화되었으며, 특히 한국과 일본의 인접지역에 서식하고 있는 참갈겨니와 한국산 갈겨니 및 일본산 갈겨니는 최근까지도 유전적 형질을 공유하고 있기 때문인 것으로 추정된다. 또한 이러한 결과는 김과 송(2006)의 cytochrome *b* gene 분석에 의한 분자계통학적 연구에서도 참갈겨니와 일본산 갈겨니가 유전적으로 유사하다고 보고한

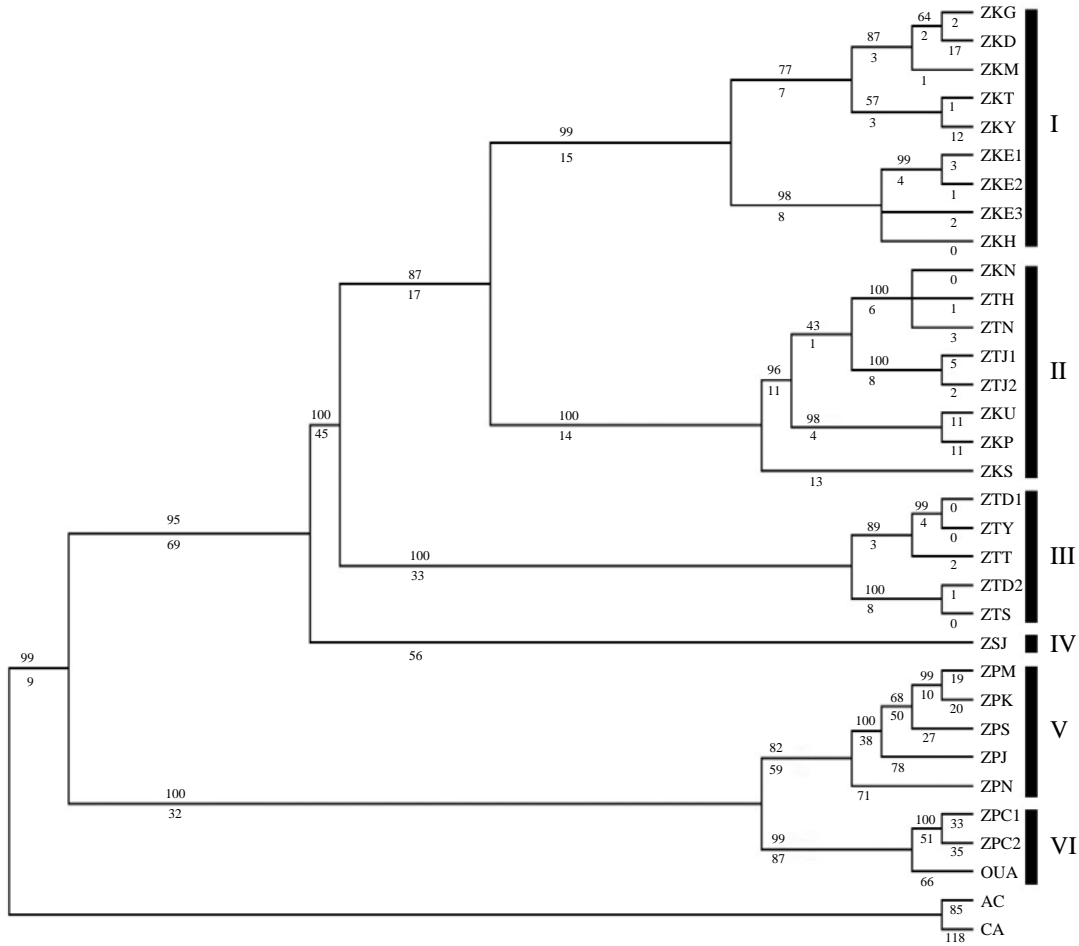


Fig. 2. Maximum parsimony (MP) tree inferred from the mitochondrial cytochrome *b* gene sequence of four ingroup and three outgroup taxa. Number of above branch indicates bootstrap value (100 replicates) and below branch indicates synapomorphy or autapomorphy. The roman alphabets mean the phylogenetic clades.

바 있으며, 채와 윤(2006)에 의해 혼인색으로 분류된 HK type (흰색의 등지느러미 상부), NS type (노란색의 등지느러미 상부, 붉은색의 등지느러미 중앙, 가슴지느러미 앞부분의 붉은 띠), NE type (노란색의 등지느러미 상부, 등지느러미 중앙부분과 가슴지느러미 앞부분에 붉은 띠 없는 경우) 중 낙동강과 섬진강을 중심으로 서식하고 있는 NS type 또는 낙동강과 동해안 유입천에 주로 서식하는 NE type일 가능성이 있으나, 본 연구에서는 type에 대한 구분이 이루어지지 않아 정확한 type은 알 수 없었다. 따라서 추후 참갈겨니의 수계별 type에 대한 정확한 형태분석 후 분자계통에 대한 연구가 요구된다.

한국, 중국 및 일본에 넓게 분포하고 있는 피라미에 대한 cytochrome *b* gene 분석 결과, 한국산 피라미(ZPM, ZPK, ZPS, ZPN)는 일본산 피라미(ZPJ)와 유사하였으며(Clade V), 중국산 피라미(ZPC1, ZPC2)는 끄리(OUA)와 분자계통학적 유연관계(Clade VI)를 형성하였다. 특히 끄리는 ingroup의 피

라미속 어류와 유전적으로 유사한 결과를 보였는데, He *et al.* (2004)의 분자생물학적 연구에서도 일본산 피라미는 일본산 끄리와 유전적으로 매우 유사하였고, Chen *et al.* (2008) 역시 일본산 피라미는 끄리속 4종의 어류인 *O. uncistrostris*, *O. bidens*, *O. evolans*, *O. pachycephalus* 중 일본산 끄리 *O. uncistrostris*와 가장 가까운 분자계통학적 유연관계를 형성한다고 보고하였다. 또한 피라미와 끄리속 어류와의 유전적 유연관계는 김과 송(2006)과 Wang *et al.* (2007)의 결과에서도 동일한 결과를 보이고 있었다. 한국, 중국 및 일본에 분포하는 피라미와 끄리속 어류의 동물지리학적 분포범위가 매우 넓고, 오랜 시간동안의 지리적 격리에 의한 독립과생형질의 분화, 즉 고유종 형성과정(endemism)의 가능성(Brown and Lomolino, 1998)을 고려할 때 추후 피라미속 어류와 끄리속 어류에 대한 분류학적 정립이 요구된다.

참갈겨니 집단(Clade I)은 서한아 수계집단의 금강(ZKG), 동진강(ZKD), 만경강(ZKM) 집단과 서한아-남한아 수계의

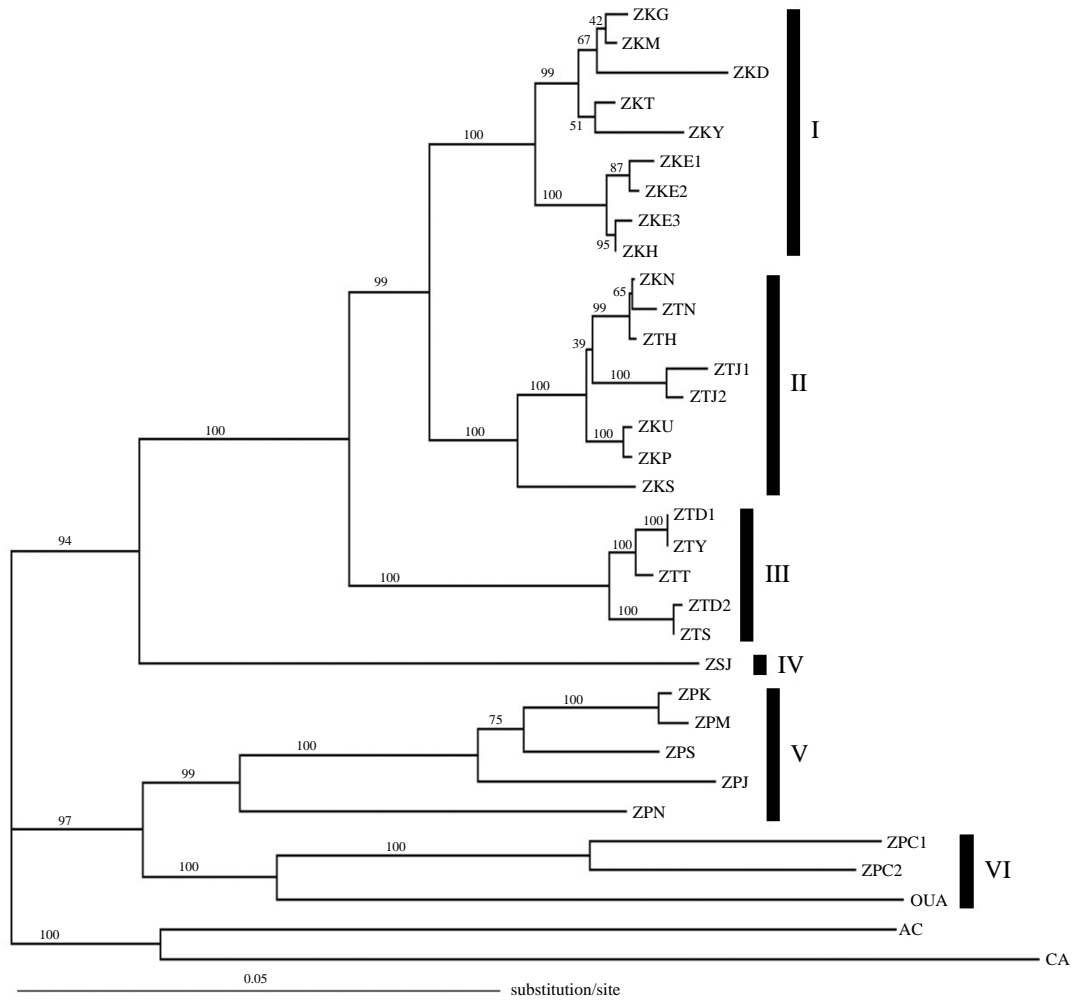


Fig. 3. Neighbor joining (NJ) tree derived from the pairwise Kimura-2-parameter distance matrix inferred from the mitochondrial cytochrome *b* gene sequence of four ingroup and three outgroup taxa. Number of above branch indicates bootstrap value (100 replicates) and the roman alphabets mean the phylogenetic clades.

경계에 해당하는 탐진강(ZKT), 영산강(ZKY) 집단으로 구성되었다. 특히 동해(ZKE1), 강릉(ZKE2), 간성(ZKE3) 집단은 한강(ZKH) 집단과 8개의 공통파생형질과 98%의 bootstrap value로써 유전적으로 매우 유사하였는데, 이는 채와 윤(2006)에 의해 보고된 참갈겨니 HK type의 지리적 분포가 한강수계와 동해 중북부의 강릉 남대천 및 간성 북천이라는 보고와 매우 일치하였으며, 이러한 현상은 이들의 동물지리학적 분포를 고려할 때 인접수계에서 나타나는 자연적 혹은 인위적 하천쟁탈(최, 1973; 김 등, 1985)에 의하여 분포지가 확대되거나 변경되어 나타난 결과라고 생각된다. 추후 한강수계와 동해안 중북부에 서식하는 참갈겨니 HK type에 대한 형태학적 특징과 동물지리학적 분포 및 유전적 유사성에 대한 세밀한 검토가 요구된다.

갈겨니 집단(Clade III)의 경우, 내장산국립공원의 동진강수계에 해당하는 내장계곡의 갈겨니 집단(ZTD1)은 영산강

수계의 백양계곡 갈겨니 집단(ZTY)과 100%의 유전적 상동관계를 형성하였는데, 동일지역에서 채집한 갈겨니에 대한 유전자 재분석에서도 역시 동일한 결과를 나타내었다. 금강과 만경강의 상류수역에 서식하는 멸종위기종 1급인 감돌고기 *Pseudopungtungia nigra*의 AFLP에 의한 유전다양성에 대한 분석(김 등, 2009)에서도 인접수계에 분포하는 감돌고기 집단의 유전적 거리가 매우 낮아 두 집단은 동일한 집단으로 여겨졌으며, 이는 모집단에 해당되는 금강 집단으로부터 만경강 집단이 분리되어 오랫동안 격리되어 왔기 때문인 것으로 추정된 바 있다. 본 연구의 동진강(ZTD1)과 영산강(ZTY)의 갈겨니 집단의 경우에서도 두 수계가 매우 인접해있고, 계곡의 상류에 서식하고 있으며 하천쟁탈의 가능성을 고려할 때 두 집단 역시 유전적 동일집단으로 추정되며, 두 수계에 서식하는 갈겨니 집단에 대한 세밀한 유전적 검토가 요구된다. 그러나 동진강 수계의 전복 정읍시 칠보

면에서 채집된 갈겨니 (ZTD2)는 섬진강 수계의 갈겨니 (ZTS)와 유전적 유사집단으로 분석되었는데, 이는 섬진강수력발전소(칠보발전소)를 통해 섬진강댐 물의 동진강 수계로의 유로변경(김과 이, 1984)으로 인한 결과인지 추후 각 수계집단에 대한 갈겨니 집단내 유전적 변이와 두 수계 집단간 유전적 차이에 대한 논의가 필요할 것으로 생각된다.

2. 한국산 피라미속 어류의 NJ tree 분석

Cytochrome *b* gene의 유전적 차이로 계산된 NJ tree는 MP tree와 동일한 결과를 나타내었다(Fig. 3). 참갈겨니 집단(Clade I)의 외부형태로 구분된 HK type(채와 윤, 2006)의 4개 집단(ZKH, ZKE1, ZK2, ZKE3)과 갈겨니 집단(Clade III)의 집단내 유전적 유사성은 NJ tree에서도 확인되었다. 또한 섬진강과 낙동강에 분포하는 참갈겨니(ZKS, ZKN), 갈겨니(ZTS, ZTN) 및 피라미(ZPS, ZPN) 집단은 다계통을 형성하였거나 또는 단계통 내에서도 유전적 차이를 나타내었는데, 특히 낙동강에 서식하는 피라미(ZPN)는 서한아 지역의 금강(ZPK)과 만경강(ZPM) 집단과는 매우 큰 유전적 차이를 보였다. 이상과 같이 NJ tree 분석을 통해 피라미 집단은 참갈겨니와 갈겨니 및 *Z. sieboldii*와는 이미 오래전에 공동조상으로부터 분화하였을 것으로 생각되며 참갈겨니와 갈겨니는 *Z. sieboldii*를 조상종으로 하여 최근에 파생진화한 종으로 추정되었다. 양과 민(1989b) 역시 피라미로부터 갈겨니와 참갈겨니의 조상종이 분화된 후 *끄리속* 어류인 *O. bidens*이 피라미로부터 파생되었으며 가장 최근에 갈겨니와 참갈겨니가 조상종으로부터 분기 진화하였을 것으로 추정하였는데, 본 연구의 결과와도 매우 유사하였다. 또한 중국에 서식하는 피라미(ZPC1, ZPC2)와 *끄리*(OUA)의 유전적 차이에 대한 계통수(Clade VI)를 고려할 때 한국에 서식하는 피라미 역시 중국산 피라미와는 유전적으로 다른 독립집단으로 여겨지며 추후 계통분류학적 논의가 필요할 것으로 사료된다.

3. 최근 피라미속 어류의 계통

최근 Chen *et al.* (2008)은 동아시아 지역에 서식하는 피라미아과 어류의 mtDNA D-loop 염기서열 분석에 의한 분자계통학적 연구를 통해 피라미는 *끄리속* 어류와 계통수가 형성되고(본 연구의 Clade I에 해당), 갈겨니 *Z. temminckii*, 참갈겨니 *Z. koreanus*, *Z. sieboldii* 3종은 *Candidia*, *Parazacco*속 어류와 계통수가 형성되므로, 피라미속(*Zacco*) 어류 3종(갈겨니, 참갈겨니, *Z. sieboldii*)은 신속(new Genus)인 *Nipponocypris*속으로 전속할 것을 제안한 바 있다. 그러나 Wang *et al.* (2007)의 'mtDNA cytochrome *b*' 염기서열을 이용한 피라

미아과의 분자계통학적 연구에서는 *Parazacco*속이 *Candidia*속과 피라미 *Z. platypus*를 포함한 피라미속 및 *끄리속* 어류를 포함하고 있어 분자계통학적 위치가 Chen *et al.* (2008)의 결과와 서로 다른 양상을 보였다. 한편 mtDNA cytochrome *b* gene 분석에 의한 분자계통학적 연구에 있어서 분석 방법(MP, NJ, ML tree)에 의한 계통수의 불일치(He *et al.*, 2004) 또는 유의한 차이(양, 2004)를 보이기도 하므로 Chen *et al.* (2008)의 결과는 재고할 필요가 있다. 물론 Chen *et al.* (2008)과 Wang *et al.* (2007)의 결과 중 피라미와 *끄리속* 어류의 유전적 유사성은 본 연구의 Clade VI에서 보는 바와 같이 동일한 결과를 나타내었고, 또한 본 연구결과 중 한국, 중국, 일본의 피라미 *Z. platypus* 집단(Clade V~VI)의 종내 유전적 거리를 갈겨니, 참갈겨니, *Z. sieboldii* 집단(Clade I~IV)의 종간 유전적 거리와 비교해 볼 때 피라미 *Z. platypus*는 갈겨니, 참갈겨니, *Z. sieboldii*와 상당한 유전적 거리를 형성하고 있으므로 Chen *et al.* (2008)의 연구결과와 같이 피라미는 피라미속 어류의 공동조상으로부터 이미 오래전에 유전적으로 분화하였고 현재의 갈겨니, 참갈겨니, *Z. sieboldii*의 공동조상과는 계통적 근원이 다를 가능성은 있다고 사료된다. 그러나 신속(new Genus)의 설립에 앞서 Temminck and Schlegel(1846)에 의해 *Leuciscus*속으로 지정된 이후 Jordan and Evermann(1902)이 *Z. evolans*를 모식종(type species)으로 하여 신설한 *Zacco*속으로 Okada(1961)에 의해 전속된 피라미 *Z. platypus*, 갈겨니 *Z. temminckii*, *Z. sieboldii*에 대한 계통분류학적 표지형질(diagnostic character)의 충분한 검토와 함께 대만에만 분포하는 *Candidia*속 어류와 한국, 일본에만 분포하는 *Zacco*속 어류 3종(갈겨니, 참갈겨니, *Z. sieboldii*)의 동물지리학적 불연속성, *Candidia*속 어류만의 독립파생형질인 '입수염'의 분화 및 중국의 멸종위기종인 *Z. chengtui*를 포함한 피라미속(*Zacco*) 어류의 계통분류학적 논의가 우선되어야 할 것으로 사료된다.

요 약

한국, 중국, 일본, 대만 등 동아시아에 분포하는 피라미속(*Zacco*) 어류에 대한 mitochondrial cytochrome *b* gene의 염기서열 분석을 통해 분자계통학적 유연관계를 조사하였다. MP tree 분석 결과, 한국산 참갈겨니와 갈겨니 집단은 모두 단계통군을 형성하고 있었으나 생물분포구계의 남한아 지역에 분포하는 참갈겨니와 갈겨니 집단은 일본산 갈겨니와 유전적으로 유사하게 분석되었다. 또한 한국산 피라미 집단은 일본산 피라미와 유전적 친화성을 보였으나, 중국산 피라미는 *끄리*와 분자계통학적 유연관계를 형성하였다. 참갈겨니의 한강집단은 동해 중북부에 서식하는 집단과 유전적으로 유사하였고, 갈겨니의 동진강과 영산강 집단은 유전적 동일

집단, 동진강과 섬진강 집단은 유전적 유사집단으로 여겨졌다. NJ tree 분석을 통해 피라미 집단은 참갈겨니와 갈겨니 및 *Z. sieboldii* 집단과는 오래전에 공동조상으로부터 분화되었고, *Z. sieboldii*의 조상으로부터 참갈겨니와 갈겨니가 분기진화한 것으로 추정되었다. 또한 중국에 서식하는 피라미는 한국산 피라미 집단과 상당한 유전적 차이를 보였을 뿐만 아니라 꼬리속 어류와 분자계통수를 형성하고 있어 추후 동물지리학적 분포 및 피라미속 어류에 대한 계통분류학적 논의가 요구된다.

인 용 문 헌

- 김근식 · 윤영은 · 강언중 · 양상근 · 방인철. 2009. 금강과 만경강에 서식하는 멸종위기 어류 감돌고기 *Pseudopungtungia nigra*의 AFLP에 의한 유전 다양성 및 집단구조. 한국어류학회지, 21: 76-80.
- 김맹진 · 송춘복. 2006. 피라미속(genus *Zacco*) 어류의 분자계통분류학적 위치와 유전적 다형에 관한 연구. 수산관련학회공동학술대회 발표요지집, pp. 544-545.
- 김익수 · 이금영 · 양서영. 1985. 한국산 황어과 어류의 계통분류학적 연구. 한국수산학회지, 18: 381-400.
- 김익수 · 이완욱. 1984. 섬진강의 유로변경이 동진강 어류군집에 미치는 영향. 한국육수학회지, 17: 549-556.
- 김익수 · 최 윤 · 이충렬 · 이용주 · 김병직 · 이지현. 2005. 한국어류대도감. 교학사, 615pp.
- 김진구 · 박중연 · 김용익. 2003. 송어류 3종의 미토콘드리아 cytochrome *b* 유전자의 염기서열 변이. 한국어류학회지, 15: 232-240.
- 양서영 · 민미숙. 1987. 갈겨니 *Zacco temminckii*의 진화에 관한 연구; IV. 유전적 변이, 형태비교 및 인공교잡. 한국동물학회지, 30: 417-431.
- 양서영 · 민미숙. 1989a. 갈겨니 *Zacco temminckii*의 진화에 관한 연구; I. MDH 동위원소 2형의 지리적 분포 및 계절적 변이. 한국동물학회지, 32: 232-241.
- 양서영 · 민미숙. 1989b. 갈겨니 *Zacco temminckii*의 진화에 관한 연구; IX. 피라미아과 어류의 계통진화. 한국동물학회지, 32: 393-403.
- 양 현. 2004. 칼납자루 *Acheilognathus koreensis*와 임실납자루 *A. somjinensis*의 생태와 종분화. 전북대학교 박사학위논문, 100pp.
- 오민기. 2005. 한국산 갈겨니 *Zacco temminckii*와 참갈겨니 *Z. koreanus*의 mitochondrial cytochrome *b* gene 염기서열 분석. 전북대학교 석사학위논문, 36pp.
- 이혜영 · 조정우 · 양서영. 1986. 갈겨니 *Zacco temminckii*의 진화에 관한 연구; II. 갈겨니 2형의 핵형분석. 한국동물학회지, 29: 208-214.
- 채병수 · 윤희남. 2006. 참갈겨니, *Zacco koreanus* (잉어과, 어강)의 혼인색의 지리적 변이와 분포. 한국어류학회지, 18: 97-106.
- 최기철. 1973. 휴전선 이남에서의 담수어의 지리적 분포에 관하여. 한국육수학회지, 6: 29-36.
- Brown, J.H. and M.V. Lomolino. 1998. Biogeography, 2nd ed. Sinauer associates, Sunderland, Massachusetts, pp. 223-323.
- Chen, I.S., J.H. Wu and C.H. Hsu. 2008. The taxonomy and phylogeny of *Candidia* (Teleostei: Cyprinidae) from Taiwan, with description of a new species and comments on a new genus. Raff. Bull. Zool. Suppl., 19: 203-214.
- He, S., H. Liu, Y. Chen, M. Kuwahara, T. Nakajima and Y. Zhong. 2004. Molecular phylogenetic relationships of Eastern Asian Cyprinidae (Pisces: Cypriniformes) inferred from cytochrome *b* sequences. Science in China Ser. C Life Sciences, 47: 130-138.
- Hosoya, K., H. Ashiwa, M. Watanabe, K. Mizuguchi and T. Okazaki. 2003. *Zacco sieboldii*, a species distinct from *Zacco temminckii* (Cyprinidae). Japanese J. Ichthyol., 50: 1-8.
- Jordan, D.S. and B.W. Evermann. 1902. Notes on a collection of fishes from the island of Formosa. Proceedings U.S. National Museum, 25: 315-368.
- Jordan, D.S. and E.C. Starks. 1905. On a collection of fishes made in Korea, by Louis Jouy, with descriptions of new species. Proceedings U.S. National Museum, Vol. 28, no. 1391: 193-212.
- Kim, I.S. 2009. A review of the spined loaches, Family Cobitidae (Cypriniformes) in Korea. Korean J. Ichthyol. Suppl., 21: 7-28.
- 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.
- Kim, S.Y., I.S. Kim, K.Y. Jahng and M.H. Chang. 2000. Molecular phylogeny of Korean loaches inferred from mitochondrial DNA cytochrome *b* sequences. Korean J. Ichthyol., 12: 223-229.
- 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.
- Kocher, T.D., J.A. Conroy, K.R. McKaye and J.R. Stauffer. 1993. Similar morphologies of cichlid fish in lakes Tanganyika and Malawi are due to convergence. Mol. Phylo. and Evol., 2: 158-165.
- Okada, Y. 1961. Studies on the freshwater fishes of Japan. Prefectural University of Mei, Tsu, Mie Prefecture, Japan. "1959-1960", 860pp.
- Perdices, A., C. Cunha and M.M. Coelho. 2004. Phylogenetic structure of *Zacco platypus* (Teleostei, Cyprinidae) populations on the upper and middle Chang Jiang (=Yangtze) drainage inferred from cytochrome *b* sequences. Mol. Phylo. Evol., 31: 192-203.
- Saccone, C., C.D. Giorgi, C. Gissi, G. Pesole and A. Reyes. 1999. Evolutionary genomics in Metazoa: the mitochondrial DNA as a model system. Gene, 238: 195-209.
- Strickberger, M.W. 2000. Evolution (3rd ed). Jones and Bartlett Publishers, Sudbury, Massachusetts, USA. pp. 236-295.
- Swofford, D. 2001. PAUP* version 4.0b10 for 32-bit microsoft Win-

- dows. Sinauer Associates, Inc. Publishers, Sunderland, Massachusetts, USA.
- Temminck, G.J. and H. Schlegel. 1846. Pisces, in Siebold's Fauna Japonica. Lugduni Batavorum, Leiden, pp. 207-211.
- Thompson, J.D., F. Plewniak and O. Poch. 1999. A comprehensive comparison of multiple sequence alignment programs. *Nucleic Acids Res.*, 27: 2682-2690.
- Uchida, K. 1939. Freshwater fishes of Tyosen. Part 1. Nematognathi and Eventognathi. *Bull. Fish. Exp. Stat. Gov. Gener. Tyosen*. No. 6, 458pp. (in Japanese)
- Wang, H.Y., C.F. Wang, S.Y. Du and S.C. Lee. 2007. New insights on molecular systematics of Opsariichthines based on cytochrome *b* sequencing. *J. Fish Biol. Suppl. A*, 71: 18-32.
- Wu, J.H., C.H. Hsu, L.S. Fang and I.S. Chen. 2007. The molecular phylogeography of *Candidia barbata* species complex (Teleostei: Cyprinidae) from Taiwan. *Raff. Bull. Zool. Suppl.*, 14: 61-67.
- Yanagimoto, T., T. Kitamura and T. Kobayashi. 2004. Complete nucleotide sequence and variation of mitochondrial DNA from 10 individuals of walleye pollock, *Theragra chalcogramma*. *Fish. Sci.*, 70: 885-895.
- Zheng, C.Y. 1989. Fishes of the Zhujiang River. Science Press, Beijing, 438pp. (in Chinese)