

한국 남해에서 출현한 돌돔(*Oplegnathus fasciatus*)과 강담돔(*Oplegnathus punctatus*) 사이의 자연교잡종

권혁준 · 김진구*

부경대학교 자원생물학과

Occurrence of Natural Hybrid between *Oplegnathus fasciatus* and *Oplegnathus punctatus* from the South Sea of Korea by Hyuck Joon Kwun and Jin Koo Kim* (Department of Marine Biology, Pukyong National University, 599-1 Daeyeon 3-Dong, Nam-Gu, Busan 608-737, Korea)

ABSTRACT One specimen of a natural hybrid of an *Oplegnathus* (*Oplegnathus fasciatus* × *Oplegnathus punctatus*) was found in Tongyeong, Korea in August 2008. We, herein, describe its morphological and genetic characteristics and compare them with those of *O. fasciatus* and *O. punctatus*. In morphology, the hybrid showed many distinctive black rounded blotches on body sides and four faint vertical bars, being in those features similar to *O. punctatus*. Although the counts and measurements of the hybrid mostly overlapped between *O. fasciatus* and *O. punctatus*, the *Oplegnathus* hybrid resembled *O. punctatus* in the ratio of pelvic-fin length in standard length: *Oplegnathus* hybrid (26.7%) was closer to *O. punctatus* (26.4%) than to *O. fasciatus* (17.2~23.6%). In genetics, as a result of analysis of 510 base pair sequences of mitochondrial DNA 16S rRNA, the hybrid was closer to *O. fasciatus* ($d=0.000\sim 0.010$) than to *O. punctatus* ($d=0.020$). Our results suggest that the natural hybridization represented by the subject specimen occurred between an *O. fasciatus* female and an *O. punctatus* male.

Key words : *Oplegnathus fasciatus*, *Oplegnathus punctatus*, natural hybrid, morphology, mtDNA 16S rRNA, Korea

서 론

근연관계에 있는 종들은 자연상태에서 드물게 교잡이 일어나며, 이를 바탕으로 새로운 계통의 진화가 초래되기도 한다(Grant and Grant, 1992; Lee *et al.*, 2009). 우리나라에는 담수어류에서 자연교잡에 의한 잡종이 다수 보고되어 있으며(Chae and Yang, 1990; Hwang *et al.*, 1995), 국외에서는 해산어류에서도 일부 자연잡종의 출현이 보고된 바 있다(Brykov and Podlesnykh, 2001). 그러나 자연상태에서 이들의 정확한 교잡유무를 파악하기란 쉽지 않으며, 따라서 최근에는 DNA에 의한 교잡추정 연구가 수행되고 있다(Brykov and Podlesnykh, 2001; Lee *et al.*, 2009; Yun *et al.*, 2009).

농어목(Order Perciformes) 돌돔과(Family Oplegnathidae)

어류는 남아프리카부터 하와이를 포함하여 페루 연안까지 인도-태평양 지역에 넓게 분포하는 연안성 어류로서 전 세계적으로 1속 7종(Nelson, 2006), 우리나라에는 2종(Kim *et al.*, 2005)이 보고되어 있다. 돌돔(*Oplegnathus fasciatus*)과 강담돔(*Oplegnathus punctatus*)은 형태적으로 체색(돌돔은 체측에 검은 가로줄 vs. 강담돔은 체측에 검은 둥근점) 및 등지느러미 연조수(17~18 vs. 15~16)로 구분된다(Hatooka, 2002; Kim *et al.*, 2005). 그러나, 두 종은 연안의 암초지역에 서식하며 조개나 성게 등 저서동물을 섭식하고, 4~7월 모랫바닥에 분리부성란을 산란하는 등 생태적으로 매우 유사하다(Kim *et al.*, 2005; Nelson, 2006; Shimada *et al.*, 2009). Kamei and Takama (1981)에 따르면 돌돔과 강담돔은 매우 유사한 산란행동 등 생식적 전략을 가지며, 이는 두 종 사이에 교잡이 일어날 수 있음을 시사한다고 언급하였다. 실제로 두 종의 체색을 함께 가지는 개체가 일본 야생에서

*교신저자: 김진구 Tel: 82-51-629-5927, Fax: 82-51-629-5931,
E-mail: taengko@pknu.ac.kr

발견된 보고가 있어 이를 뒷받침해 준다(Shioya *et al.*, 1973; Kamei and Takama, 1981; Sueyoshi *et al.*, 2009). 본 연구는 국내에서 처음으로 강담돔과 돌돔의 체색을 동시에 가진 1개체 (*Oplegnathus* sp.)가 남해 통영연안에서 채집되었기에, 이 개체의 형태 및 미토콘드리아 DNA의 특징을 돌돔 및 강담돔과 상세히 비교·고찰하였다.

재료 및 방법

1. 샘플링

Oplegnathus sp. 1개체 및 강담돔 1개체는 2008년 8월 27일 경남 통영 연안에서 채집되었고, 돌돔 10개체는 2008년부터 2009년까지 경남 거제, 고성, 전남 완도, 제주 등지에서 낚시로 채집되었다(Fig. 1). 채집 즉시 DNA 분석용 체측 근육을 절취하여 99% 에탄올로 고정한 후 -20°C 에서 냉동 보관 하였으며, 어체는 10% 포르말린으로 일주일간 고정시켰다가 1~2일 수세한 후 70% 에탄올로 교체하여 보관하였다. 본 연구에 사용된 표본은 부경대학교(Pukyong National University, PKU)에 등록·보관하였다.

2. 형태분석

계수 및 계측은 Hubbs and Lagler (2004)의 방법을 따라 버니어 캘리퍼스도 몸의 각 부위를 0.1 mm 단위까지 측정하였고, 척추골수는 soft X-ray (Hitex HA-100, Japan)를 이용하여 계수하였다.

3. 분자분석

Total DNA는 Chelex 100 resin (Bio-rad, USA)을 이용하여 근육조직에서 추출하였다. PCR은 미토콘드리아 DNA 16S rRNA 영역을 Ivanova *et al.* (2007)의 16Sar-5' (5'-CGCCTGTTTATCAAAAACAT-3')과 16Sbr-3' (5'-CCGGTCTGAACTCAGATCACGT-3') primer로 증폭시켰다. 10X PCR buffer 2 μl , 2.5 mM dNTP 1.6 μl , 16Sar-5' primer 1 μl , 16Sbr-3' primer 1 μl , FR Taq polymerase 0.2 μl (Biomedic, Korea)를 섞은 혼합물에 total DNA 5 μl 를 첨가한 후, 총 20 μl 가 될 때까지 3차 증류수를 넣고 Thermal cycler (Bio-rad MJ mini PTC-1148, USA)를 이용하여 다음과 같은 조건으로 PCR을 수행하였다. Initial denaturation 95°C 에서 5분; PCR reaction 35 cycles (denaturation 95°C 에서 1분, annealing $50^{\circ}\text{C}+0.2^{\circ}\text{C}/\text{cycle}$ 에서 1분, extension 72°C 에서 1분); final extension 72°C 에서 5분. 정제는 ExoSAP-IT (United States Biochemical Corporation, USA)을 이용하였다. 염기서열은 ABI 3730XL sequencer (Applied Biosystems Inc., USA)에서 ABI BigDye terminator cycle sequencing ready reaction kit v3.1 (Applied Bio-

systems Inc., USA)를 이용하여 얻었다. 염기서열 정보는 DDBJ/EMBL/GenBank Database에 등록하였다(등록번호 HQ018808~HQ018815).

미토콘드리아 DNA 16S rRNA 염기서열의 정렬은 BioEdit version 7 (Hall, 1999)의 ClustalW (Thompson *et al.*, 1994)를 이용하여 정렬하였으며, 염기서열을 비교하기 위하여 *Opleg-*

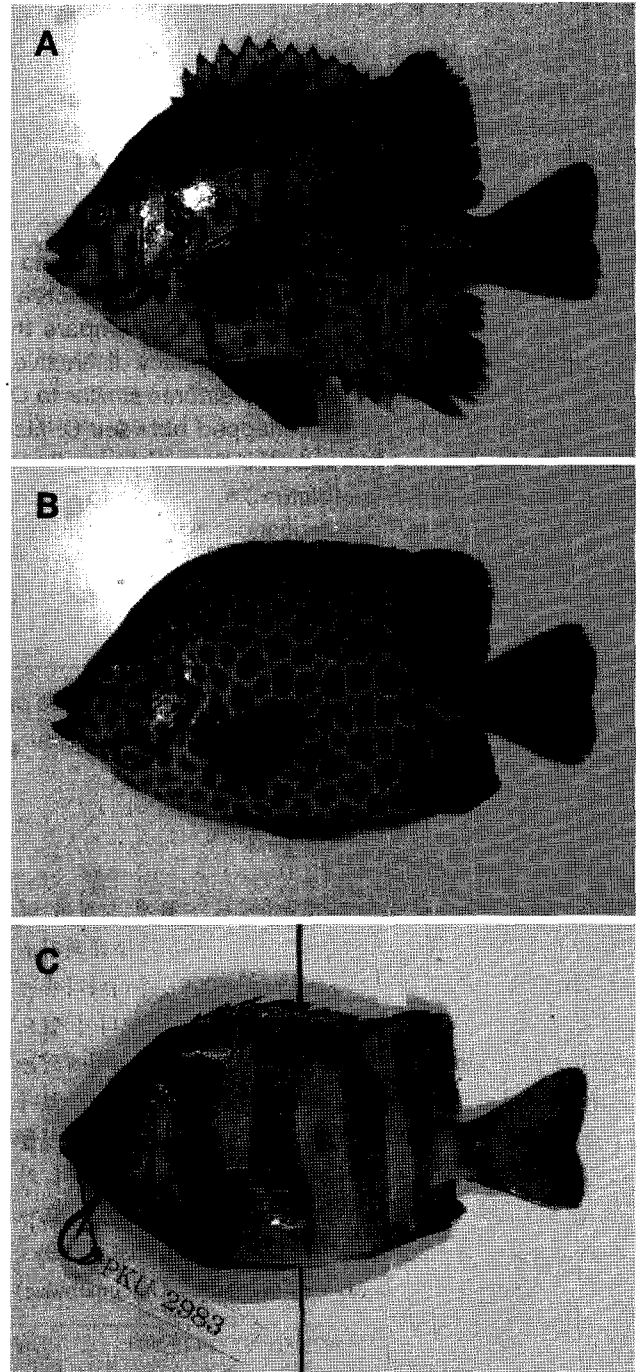


Fig. 1. (A) Natural hybrid, PKU 424; (B) *Oplegnathus punctatus*, PKU 423; (C) *Oplegnathus fasciatus*, PKU 2983.

Table 1. Comparison of counts and measurements among natural hybrid and two *Oplegnathus* spp.

	Hybrid (<i>Oplegnathus fasciatus</i> + <i>Oplegnathus punctatus</i>)				<i>Oplegnathus fasciatus</i>	<i>Oplegnathus punctatus</i>
	Present study	Shioya <i>et al.</i> (1973)	Kamei and Takama (1981)	Sueyoshi <i>et al.</i> (2009)	Present study	
Number of specimens	1	2	1	1	10	1
Collection locality	Tongyeong, Korea	Oshima, Japan	Sagami Bay, Japan	Nagasaki, Japan	South Sea, Korea	Tongyeong, Korea
Standard length (mm)	129.7	49.5~60.9	150	300	84.8~167.7 (122.3)	119.5
Counts						
Dorsal fin	XII, 16	XII, 17	XII, 17	XII, 17	XI~XII, 15~18	XII, 17
Anal fin	III, 13	III, 13~14	III, 12	III, 12	III, 12~13	III, 12
Pectoral fin	18	18	17	17	17~19	18
Pelvic fin	I, 5	I, 5	—	I, 5	I, 5	I, 5
Caudal fin	17	—	—	17	16~18	17
Vertebrae	24	—	26	25	24~25	24
Measurements (% SL)						
Body depth	57.6	—	52.0	57.7	49.2~63.7 (54.6)	61.0
Predorsal length	27.1	—	—	—	24.8~35.4 (31.2)	28.9
Preanal length	65.3	—	—	—	62.0~69.6 (66.5)	69.3
Head length	31.5	—	32.0	32.7	31.5~38.4 (34.4)	32.2
Snout length	10.9	—	11.3	12.6	9.7~11.9 (11.0)	11.2
Eye diameter	7.0	—	6.7	—	6.5~9.6 (8.0)	7.4
Postorbital length	13.7	—	—	—	14.6~17.4 (16.2)	15.0
Interorbital width	9.4	—	9.3	9.7	8.3~10.0 (9.0)	9.8
Suborbital length	5.7	—	—	—	4.5~6.2 (5.1)	5.7
Upper jaw length	10.1	—	—	—	9.1~10.6 (9.7)	11.0
Caudal peduncle length	12.0	—	—	—	9.7~16.2 (12.5)	12.9
Caudal peduncle depth	12.6	—	12.0	—	10.4~12.7 (11.6)	13.6
Pectoral fin length	21.7	—	22.7	—	19.7~25.1 (22.4)	23.4
Pelvic fin length	26.7	—	25.3	—	17.2~23.6 (21.8)	26.4
Dorsal base length	63.8	—	58.0	—	58.0~65.6 (61.4)	66.0
Anal base length	28.3	—	—	—	22.9~28.0 (25.9)	27.9

nathus sp. (PKU 424; HQ018808), 돌돔 (*O. fasciatus*; PKU 382, PKU 2959; HQ018809-HQ018810) 및 강담돔 (*O. punctatus*; PKU 423; HQ018811)에서 얻은 염기서열과 NCBI (National Center for Biotechnology Information)에 등록된 돌돔과 어류 3종 [(*O. fasciatus*; AP006010, DQ872160, NC 010968), (*O. punctatus*; AP011066, NC013143), (*O. woodwardi*; DQ532924)]의 Database를 이용하였다. 외집단으로는 황줄감정어과의 긴꼬리벵에돔 (*Girella melanichthys*; PKU 2800; HQ018812)과 벵에돔 (*Girella punctata*; PKU 1160; HQ018813), 다동가리과의 아홉동가리 (*Goniistius zonatus*; PKU 2993; HQ018815)와 여덟동가리 (*Goniistius quadricornis*; PKU 515; HQ018814)를 함께 비교하였다. 유전적 거리는 Mega 4 (Tamura *et al.*, 2007)의 Pairwise distance를 Kimura-2-parameter 모델 (Kimura, 1980)로 계산하였다. Phylogenetic tree는 Neighbor-joining 방법을 Mega 4 (Tamura *et al.*, 2007)에서 작성하였으며, bootstrap은 1,000번 수행하였다.

결과 및 고찰

돌돔속 1개체는 주둥이가 밝고, 16개의 등지느러미 연조

를 가지며, 체장에 대한 배지느러미 길이가 26.7%로 나타나 (돌돔은 17.2~23.6% vs. 강담돔은 26.4%) 형태적으로 돌돔보다 강담돔에 더욱 가까웠다 (Table 1). 일본에서는 사육중인 강담돔과 돌돔을 이용하여 인공교잡실험을 성공적으로 수행한 바 있으며 (Harada *et al.*, 1986; Shimada *et al.*, 2009), 가로줄무늬와 둥근무늬가 함께 나타난 체색에서는 본 조사 표본과 유사하였지만 계수형질을 제시하지 않아 비교하기 어려웠다. 이와는 달리 야생에서 발견된 교잡종 (Shioya *et al.*, 1973; Kamei and Takama, 1981; Sueyoshi *et al.*, 2009)을 본 연구표본과 비교하면, 체색에서는 동일하지만 등지느러미 연조수에서 1개, 척추골수에서 1~2개 차이를 보였다.

미토콘드리아 DNA 16S rRNA 영역을 이용한 분자분석에 의하면, 돌돔속 1개체는 돌돔과는 유전적 거리가 $d=0.000\sim 0.010$ 으로 99% 일치하였으나 강담돔과는 $d=0.024$ 로 다소 멀었다. NJ tree에서는 돌돔과 3종이 단계통군을 이루었으며, 돌돔속 1개체는 100% bootstrap값으로 돌돔과 일치하는 유연관계를 나타내었다 (Fig. 2). 따라서 본 연구의 돌돔속 1개체는 모계유전을 하는 미토콘드리아 DNA의 특성상 돌돔 암컷과 강담돔 수컷 사이에서 태어난 자연교잡종으로 판단된다. 나아가 양식산 돌돔 및 강담돔의 성공적인 인공

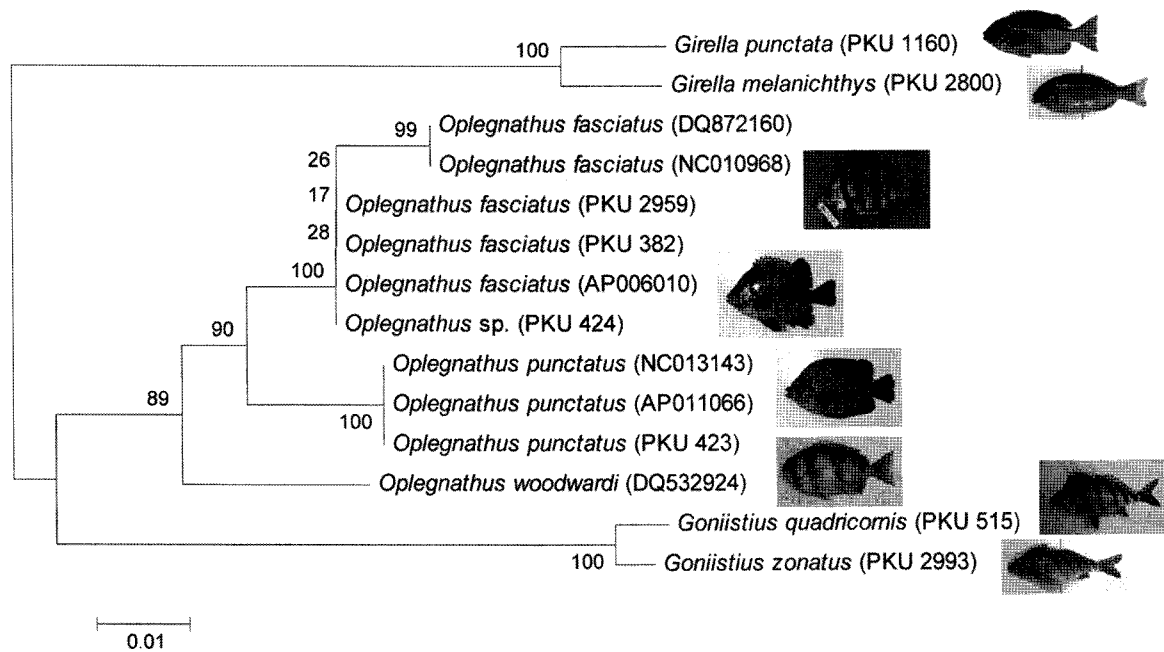


Fig. 2. Neighbor-joining tree showing the relationship among natural hybrid, *Oplegnathus* sp., three *Oplegnathus* spp. and four outgroups using mtDNA 16S rRNA sequences. Numbers at branches indicate bootstrap probabilities in 1,000 bootstrap replications. Bar indicates 0.01 Kimura (1980)'s distances.

교잡실험 (Shimada *et al.*, 2009)은 본 연구결과를 지지하여 준다. 외집단으로 설정한 아홉동가리와 여덟동가리 사이의 유전거리는 $d=0.010$, 긴꼬리벙에돔과 벙에돔 사이의 유전 거리는 $d=0.022$ 로 유전거리 관점에서 돌돔과 강담돔 사이의 유전거리 ($d=0.024\sim 0.034$)는 이종간 유전적 차이로 보인다. 그러나 이처럼 돌돔과 강담돔 사이의 자연교잡에 관한 출현보고가 계속 되는 것은 두 종간 불완전한 생식적 격리에서 비롯되었을 가능성이 있다. Brykov and Podlesnykh (2001)에 따르면, 노래미과 3종간 자연교잡종의 출현원인으로 서식지역의 중복을 제안하였으며, 돌돔과 강담돔 역시 서식지역과 산란행동이 유사한 점에서 자연교잡 발생 가능성이 있는 것으로 추정된다.

한편, Hatooka (2002)와 Kim *et al.* (2005)은 강담돔과 돌돔의 분류형질로 등지느러미 연조수(강담돔은 15~16개 vs. 돌돔은 17~18개)를 제시한 바 있다. 그러나 본 연구결과에서는 강담돔이 17개, 돌돔은 15~18개로 나타나 등지느러미 연조수는 두 종의 분류형질로 타당하지 않은 것 같고, Shioya *et al.* (1973)도 우리 결과와 동일한 결과를 제시한 바 있다. 따라서 기존의 분류형질로 사용된 체색과 함께 본 연구에서 새롭게 밝혀진 체장에 대한 배지느러미 길이 비(돌돔은 17.2~23.6% vs. 강담돔은 26.4%)도 두 종의 분류형질로 가능할 것으로 생각된다. 그러나, 본 연구에서 강담돔 1개체가 사용된 점을 고려할 때, 추후 더 많은 표본을 대상으로 한 분류학적 연구가 필요하다고 생각된다.

요 약

2008년 8월 경남 통영에서 강담돔과 돌돔의 자연교잡종 1개체가 발견되어 형태 및 유전적 특징을 강담돔 및 돌돔과 비교하였다. 형태적으로 본 종은 체측에 선명한 검은색 둥근 점을 많이 가지며 동시에 4개의 연한 가로줄을 가져 강담돔과 비슷하였다. 강담돔 및 돌돔의 계수·계측형질이 거의 일치하였으나, 체장에 대한 배지느러미길이 비에서 자연교잡종(26.7%)은 돌돔(17.2~23.6%)보다 강담돔(26.4%)에 더욱 가까웠다. 미토콘드리아 DNA 16S rRNA 510 bp를 이용한 분자분석에서 자연교잡종은 형태결과와는 달리 강담돔($d=0.020$)보다 돌돔($d=0.000\sim 0.010$)에 더욱 가까웠다. 본 연구결과를 통해 경남 통영에서 발견된 자연교잡종은 암컷 돌돔과 수컷 강담돔 사이에서 태어난 것으로 추정된다.

인 용 문 헌

- Brykov, V.I.A. and A.V. Podlesnykh. 2001. Comparative study of mitochondrial DNA in two greenling species (Hexagrammidae: Pisces) and their hybrids from Peter the Great Bay (Sea of Japan). *Anim. Genet.*, 12: 1663-1666.
- Chae, B.S. and H.J. Yang. 1990. Natural hybrids between *Pungitius sinensis sinensis* and *P. sinensis kaibarae*. *Korean J. Ichthyol.*,

- 2: 88-94. (in Korean)
- Grant, P.R. and B.R. Grant. 1992. Hybridization of bird species. *Science*, 256: 193-197.
- Hall, T.A. 1999. BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. *Nucl. Acids Symp. Ser.*, 41: 95-98.
- Harada, T., H. Kumai and O. Murata. 1986. Artificial hybrids between Japanese parrot fish and spotted parrot fish. *Bull. Jpn. Soc. Sci. Fish.*, 52: 613-621.
- Hatooka, K. 2002. Oplegnathidae. In: Nakabo, T. (ed.), *Fishes of Japan with pictorial keys to the species*. English ed. Tokai Univ. Press, Tokyo, p. 956.
- Hubbs, C.L. and K.F. Lagler. 2004. *Fishes of the Great Lakes Region*. Revised ed. Michigan Univ. Press., Ann Arbor., 332pp.
- Hwang, Y.J., M.S. Ra and C.G. Choi. 1995. A natural hybrid between spinous loach, *Cobitis longicorpus* and cyprinid loach *Misgurnus anguillicaudatus* (Pisces, Cobitidae). *Korean J. Ichthyol.*, 7: 203-207. (in Korean)
- 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.
- Kamei, M. and H. Takama. 1981. Natural hybrid of knifejaw-fish between *Oplegnathus fasciatus* and *O. punctatus* found in Sagami Bay. *Bull. Kanagawa Pref. Fish. Exp. Stn.*, 10: 15-17.
- Kim, I.S., Y. Choi, C.L. Lee, Y.J. Lee, B.J. Kim and J.H. Kim. 2005. *Illustrated book of Korean fishes*. Kyo-Hak Publishing Co., Seoul, 615pp. (in Korean)
- 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.
- Lee, I.R., H. Yang, J.H. Kim, K.Y. Kim and I.C. Bang. 2009. Identification of a natural hybrid between the striped spine loach *Cobitis tetralineata* and the king spine loach *Iksookimia longicorpa* by analyzing mitochondrial COI and Nuclear RAG1 sequences. *Korean J. Ichthyol.*, 21: 287-290. (in Korean)
- Nelson, J.S. 2006. *Fishes of the world*. 4th ed. John Wiley and Sons, Inc., Hoboken, New Jersey, 601pp.
- Shimada, Y., K. Nokubi, S. Yamamoto, O. Murata and H. Kumai. 2009. Reproduction between *Oplegnathus fasciatus* and *O. punctatus*, and fertility of their interspecies. *Fish. Sci.*, 75: 521-523.
- Shioya, T., K. Nishimura and K. Yoshida. 1973. Probable hybrids of the *Oplegnathus juveniles* found in Oshima waters. *Japanese J. Ichthyol.*, 20: 47-49.
- Sueyoshi, M., H. Kohtsuka and S. Kai. 2009. The natural hybrid fish between *Oplegnathus fasciatus* and *O. punctatus* caught in coastal waters of Nagasaki district, Nagasaki Prefecture, Japan. *Trans. Nagasaki Biol. Soc.*, 65: 57-60.
- Tamura, K., J. Dudley, M. Nei and S. Kumar. 2007. MEGA4: Molecular evolutionary genetics analysis (MEGA) software version 4.0. *Mol. Evol.*, 24: 1596-1599.
- 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. *Nucl. Acids Res.*, 22: 4673-4680.
- Yun, Y.E., I.R. Lee, S.Y. Park, E.J. Kang, E.O. Kim, S.K. Yang, Y.K. Nam and I.C. Bang. 2009. Genetic identification of hybrids between *Rhodeus uyekii* and *R. notatus* by sequence analysis of RAG-1 gene. *J. Aquaculture*, 22: 79-82.