

# 묵납자루 *Acheilognathus signifer*와 납자루 *A. lanceolatus* 사이의 자연 잡종 출현

김형수 · 윤승운 · 김현태 · 박종영\*

전북대학교 자연과학대학 생물학과, 부설 생물다양성연구소

**Occurrence of a Natural Hybrid between *Acheilognathus signifer* and *A. lanceolatus* (Pisces: Cyprinidae) by Hyeong Su Kim, Seung Woon Yun, Hyun Tae Kim and Jong Young Park\*** (Department of Biological Science and Institute for Biodiversity, College of Natural Sciences, Chonbuk National University, Jeonju 54896, Korea)

**ABSTRACT** A natural hybrid between *Acheilognathus signifer* and *A. lanceolatus* was collected in their sympatric area, the Gimhwanamdaecheon of Hangang (River), Korea. Morphological characters, mitochondrial cytochrome *b* gene (*cyt b*), and recombination-activating gene 1 (*RAG-1*) were investigated to confirm the natural hybrid origin. As a result of morphological characters, the natural hybrid was appeared to have intermediate characters between two parental species in three characters; the band of dorsal fin, the color patterns of anal fin membrane, and the body color. In analysis of *cyt b*, it was revealed that the maternal species of the natural hybrid was appeared to be *A. signifer* due to their 99.9% sequence identity. Also, in analysis of *RAG-1*, an electropherogram of the hybrid individual displayed double peaks, strongly indicating its hybrid state.

**Key words:** *Acheilognathus signifer*, *A. lanceolatus*, natural hybrid, hybrid index (Hindex)

## 서 론

자연 잡종(natural hybridization)은 어류에서 폭넓게 일어나고 있으며 특히 잉어과 어류에서는 빈번하게 발견된다고 알려져 있다(Hubbs, 1955). 가까운 근연 관계에 있는 분류군 내에서 잡종의 발생 빈도가 높은 이유로는 체외수정, 약한 행동학적 격리기구, 두 부모종의 성비 불균형, 제한된 산란 습성에 대한 경쟁, 다양한 서식지의 감소, 최근 진화된 집단 사이에서 2차적 접촉(secondary contact)에 대한 민감성 등의 요인이 제시된 바 있다(Hubbs, 1955; Campton, 1987). 잡종은 새로운 서식지에 빠르게 적응할 수 있는 잠재력을 지닌 진화적 계통을 이끌어 내기도 하지만 고유종의 직간접적 절멸을 야기할 수도 있다(Grant and Grant, 1992; Allendorf *et al.*, 2001; Gerber *et al.*, 2001).

자연 잡종은 형태적으로 부모종의 중간형질이 나타나기 때

문에 과거 연구에서는 인두치, 비늘, 염색체, 외부형태 등 형태 분석 결과가 주로 보고되었다(Kim and Lee, 1990; Kim *et al.*, 1991; Hwang *et al.*, 1995; Šorić, 2004). 그러나 형태 분석만으로는 잡종의 지위 또는 부계와 모계 추정이 매우 어렵기 때문에 최근에는 이들 잡종의 모계와 부계를 정확하게 동정할 수 있는 미토콘드리아 및 핵 유전자의 염기서열을 분석한 결과가 보고되고 있다(Avise and Saunders, 1984; Sonnenberg *et al.*, 2007; Lee *et al.*, 2009; Yun *et al.*, 2009; Kim *et al.*, 2015).

잉어목(Cypriniformes) 잉어과(Cyprinidae) 납자루아과(*Acheilognathinae*) 어류는 체고가 높은 소형 담수어류로 전 세계에 약 40종이 보고되어 있으며 그중 한국에는 15종이 서식하는 것으로 알려져 있다(Kim and Park, 2002; Nelson, 2006; Kim *et al.*, 2014a). 본 아과 어류에서 유럽-지중해 지역에 출현하는 *Rhodeus sericeus*, *R. amarus*, *R. colchicus* 등 3종을 제외한 나머지 종들은 주로 동남아시아, 중국, 한국, 일본 등지에 분포한다(Damme *et al.*, 2007). 산란기 동안 암컷은 긴 산란관을 이용하여 살아있는 담수 조개(Bivalves; Unionidae and Margaritiferidae)의 출수공에 산란하며 수정된 알은 약 한 달 동

\*Corresponding author: Jong Young Park Tel: 82-63-270-3344, Fax: 82-63-270-3362, E-mail: park7877@jbnu.ac.kr

안 조개의 새강 내에서 발생이 진행된다. 또한 조개 주변에 세력권을 형성하는 수컷은 화려한 혼인색을 띠며 이는 종을 구분할 정도의 차이가 나타나기 때문에 분류학적 형질로 이용되기도 한다(Kim, 1997). 납자루아과 어류는 형태적 변이가 다양하고 각시붕어 *R. uyekii* × 목납자루 *Acheilognathus signifer* 자연 잡종(Kim *et al.*, 2010), 한강납줄개 *R. pseudosericeus* × 목납자루 자연 잡종(Kim *et al.*, 2014b) 등 자연 잡종이 빈번하게 발생하며 과거부터 계통적으로 논란이 되어 온 분류군이다(Okazaki *et al.*, 2001).

목납자루는 한강 이북의 하천에만 분포하는 한국고유종으로 체색은 암녹색을 띠며 등지느러미 가장자리에 있는 담황색 반문의 폭은 1/3~1/2 정도를 차지하는 반면 납자루 *A. lanceolatus*는 서해안과 남해안으로 유입하는 우리나라 전 하천과 일본에 분포하고 등쪽은 청갈색, 배쪽은 은백색의 광택을 띠며 뒷지느러미 가장자리는 선홍색의 반문이 있어 두 종의 혼인색은 큰 차이가 나타난다(Kim, 1997).

본 연구에서는 목납자루와 납자루가 동소 서식하는 김화남대천 일대에서 어류상 조사 중 두 종의 특성을 공유하고 있는 자연 잡종으로 추정되는 1개체가 채집된 바 외부형태, 체색, 반문 등 형태적 특성을 기재하고 미토콘드리아 cytochrome *b* gene (*cyt b*)와 핵 recombination-activating gene 1 (RAG-1) 분석을 통해 자연 잡종 여부를 동정하고 부계와 모계를 추정하고자 한다.

## 재료 및 방법

### 1. 표본 채집

목납자루와 납자루 사이의 자연 잡종으로 추정되는 1개체(체장 61.3 mm)는 2014년 6월 25일에 강원도 철원군 김화읍 청양리의 김화남대천 수계에서 채집되었다(38°14'45.20"N, 127°22'39.90"E). 이에 부모종으로 추정되는 목납자루(*n*=5)와 납자루(*n*=8)를 2015년 4월 24일에 잡종 개체가 채집된 동일한 장소에서 추가 채집하였다. 목납자루, 납자루, 잡종 개체의 체색 비교를 위하여 현장에서 채집한 직후 디지털카메라(Canon 450D, Korea)로 촬영하였다. 미토콘드리아 *cyt b*와 핵 RAG-1 분석을 위하여 개체를 구분하고 배지느러미를 절단하여 100% Ethyl alcohol에 보관하였고 형태분석을 위한 표본은 10% 포르말린 용액에 고정하였다. 고정된 표본은 전북대학교 생물학과 표본실(CNUC)에 표본번호를 부여하여 보관하였다.

### 2. 형태 분석

채집된 잡종 개체의 형태 분석을 위하여 Hubbs *et al.* (2004)의 방법으로 1/20 mm caliper을 사용하여 표본의 외부 형태적

특징을 측정하였다. 등지느러미 기조수, 뒷지느러미 기조수, 척추골수는 soft-X ray (Hitex HA-80, Japan)를 이용하여 촬영하였다. 잡종 지수(hybrid index)는 Nikoljukin (1972)에 따라 계산하였고 잡종 지수가 30~70 사이일 경우 두 부모종의 중간 형질로 간주되며 30 이하의 경우 목납자루, 70 이상일 경우 납자루에 가깝다는 것을 의미한다(Šorić, 2004).

$$\text{Hybrid index (Hindex)} = (H - M1) / (M2 - M1)$$

H: the natural hybrid, M1: *A. signifer*, M2: *A. lanceolatus*

### 3. 미토콘드리아 *cyt b*와 RAG-1 분석

DNA 분석용 샘플은 DNeasy Blood and Tissue kit (QUIAGEN Co., USA)를 이용하여 genomic DNA를 추출하였다. 미토콘드리아 *cyt b*는 *cyt b*-F (5'-TGACTTGAAGAACCACCGTTG-3')와 *cyt b*-R (5'-GGATTACAAGACCGATGCTTT-3') primer를, RAG-1은 RAG-1-F (5'-ATATTCCAGCCCCTGCACAC-3'), RAG-1-R (5'-ACATGGGCCAGAGTCTTGTG-3') primer를 사용하여 각각 PCR 한 후 분리하였다. PCR 반응주기는 최초 denaturing step에서 95°C에서 5분 동안 1회 반응시키고 이어서 95°C에서 30초, primer annealing을 위해 56°C에서 30초, primer extension을 위하여 72°C에서 60초씩 총 30회의 반복 주기를 주었으며 최종적으로 72°C에서 5분 동안 마지막 extension을 실시하였다. 완전하게 증폭된 PCR 산물은 Gel extraction kit (Bioneer, Korea)을 이용하여 정제를 한 후 ABI3730XL Automatic sequencer (Applied Biosystems, USA)를 통해 분석하였다. 분석된 염기서열은 EMBL-EBI (European Bioinformatics Institute)에서 다중서열배치(multiple sequence alignment) 과정을 통해 재배열하였으며, 최종적으로 정리된 염기서열들은 MEGA 6 프로그램을 이용하여 분석한 후 Phylogeny tree를 제작하였다. 신뢰성을 확인하기 위해 1,000회의 bootstrapping 통계검증을 실시하였다.

## 결 과

### 1. 형태 및 체색 분석

목납자루와 납자루 사이의 자연 잡종으로 추정되는 1개체의 외부 형질을 부모종과 비교하기 위해 13개의 계측형질과 5개의 계수형질을 조사한 결과는 Table 1과 같다. 자연 잡종 개체는 체장에 대한 안경비(Hindex = 34)와 등지느러미 기점까지 거리(Hindex = 48)의 2개 형질에서만 중간값이 나타났다. 체장에 대한 양안 간격비, 척추골수(Hindex = 21~34)의 2개 형질은 목납자루와 가깝게 나타났고 체장에 대한 두장비의 1개 형질은 납자루와 가깝게 나타났다(Hindex = 71). 새파수에

**Table 1.** Comparison of 13 morphometric and 5 meristic characters of the natural hybrid with hybrid index (Hindex) and its supposed parental species between *Acheilognathus signifer* and *A. lanceolatus* at the Gimhwanamdaecheon of Hangang (river), Gimhwa-eup, Cheorwon-gun, Gangwon-do, Korea on June 25, 2014 and April 24, 2015

Characters	<i>A. signifer</i> (n = 5)		Hybrid (n = 1)	<i>A. lanceolatus</i> (n = 8)		Hindex
	Range	Mean ± SD		Mean ± SD	Range	
Standard length (mm)	46.0~58.9		61.3		50.0~75.6	
Proportions of standard length						
Body depth	33.8~37.7	35.5 ± 1.8	37.8	31.9 ± 0.9	30.7~33.4	-61
Head length	23.2~24.3	23.8 ± 0.4	23.7	23.7 ± 0.5	22.8~24.3	71
Predorsal length	48.8~50.4	49.5 ± 0.7	51.7	48.5 ± 0.9	46.9~49.6	-222
Preventral length	41.2~43.1	41.9 ± 0.9	42.4	43.5 ± 1.2	41.8~45.8	34
Preanal length	58.6~61.0	59.6 ± 1.2	59.2	60.4 ± 1.2	58.3~61.8	-44
Caudal peduncle length	18.1~22.1	20.2 ± 1.9	19.4	21.1 ± 1.0	19.9~22.4	-100
Caudal peduncle depth	12.4~13.6	12.8 ± 0.5	13.7	12.3 ± 0.4	11.8~13.0	-196
Proportions of head length						
Caudal peduncle length	77.3~91.3	85.1 ± 6.9	81.9	89.1 ± 4.2	83.3~96.4	-78
Caudal peduncle depth	52.1~55.9	53.7 ± 1.7	57.7	52.1 ± 1.6	49.8~54.7	-240
Snout length	25.7~30.8	28.5 ± 2.0	24.5	25.4 ± 0.7	24.3~26.4	127
Eye diameter	33.4~40.5	36.5 ± 2.8	34.3	31.9 ± 2.2	29.2~36.2	48
Interorbital width	40.8~43.9	41.7 ± 1.3	41.6	40.9 ± 0.8	39.8~41.8	8
Barbel length	20.3~22.8	22.1 ± 1.1	30.5	25.0 ± 4.6	16.7~29.9	290
No. of dorsal fin rays	8~9	8.6 ± 0.5	9	8.5 ± 0.5	8~9	-400
No. of anal fin rays	9~10	9.8 ± 0.4	10	9.0 ± 0.8	8~10	-25
No. of gill rakers	7~8	7.8 ± 0.4	10	9.4 ± 0.7	9~11	139
No. of lateral line scales	35~36	35.4 ± 0.5	35	37.4 ± 1.1	35~38	-20
No. of vertebrae	31~32	31.8 ± 0.4	32	32.8 ± 0.7	32~34	21

서 목납자루는 7~8개, 납자루는 9~11개로 두 종간에 중복되지 않았으나 잡종 개체는 10개로 납자루에 가까웠으며 새파의 외부형태도 납자루와 유사하였다. 잡종 개체의 형태분석 결과에서 13개의 형질은 부모종의 측정값을 벗어나는 지수값을 보였다.

자연 잡종 개체의 전체적인 체색은 목납자루보다는 옅은 암녹색을 띠었고 복부쪽은 납자루와 유사한 선홍색이 약하게 나타났다. 등지느러미 가장자리에 있는 담황색 반문의 폭은 1/3~1/2 정도를 차지하고 있어 목납자루와 유사하였으나 뒷지느러미 가장자리는 선홍색의 반문이 있어 납자루의 체색과 유사하였다(Fig. 1).

## 2. 미토콘드리아 cyt b와 RAG-1 분석

미토콘드리아 cyt b를 증폭한 결과 세 types 모두 1,141 bp로 확인되었으며 이 중 목납자루와 납자루 사이에는 154 bp의 염기 차이가 나타나서 뚜렷하게 구분되었다. 자연 잡종 개체의 경우 목납자루와 99.9% 일치하였는데, 미토콘드리아 cyt b가 모계유전인 점을 고려하였을 때 본 연구에 사용된 잡종 개체는 목납자루 암컷과 납자루 수컷 사이에서 유도된 개체임이 확인되었다(Fig. 2). RAG-1은 모두 1,196 bp 증폭되었으며 목납자루와 납자루 사이에 20 bp의 염기 치환이 관찰되었다(Table 2). 한편 잡종 개체 RAG-1의 electropherogram을 분석한 결과 두 부모종 개체들에서는 명확한 single peak가 나타

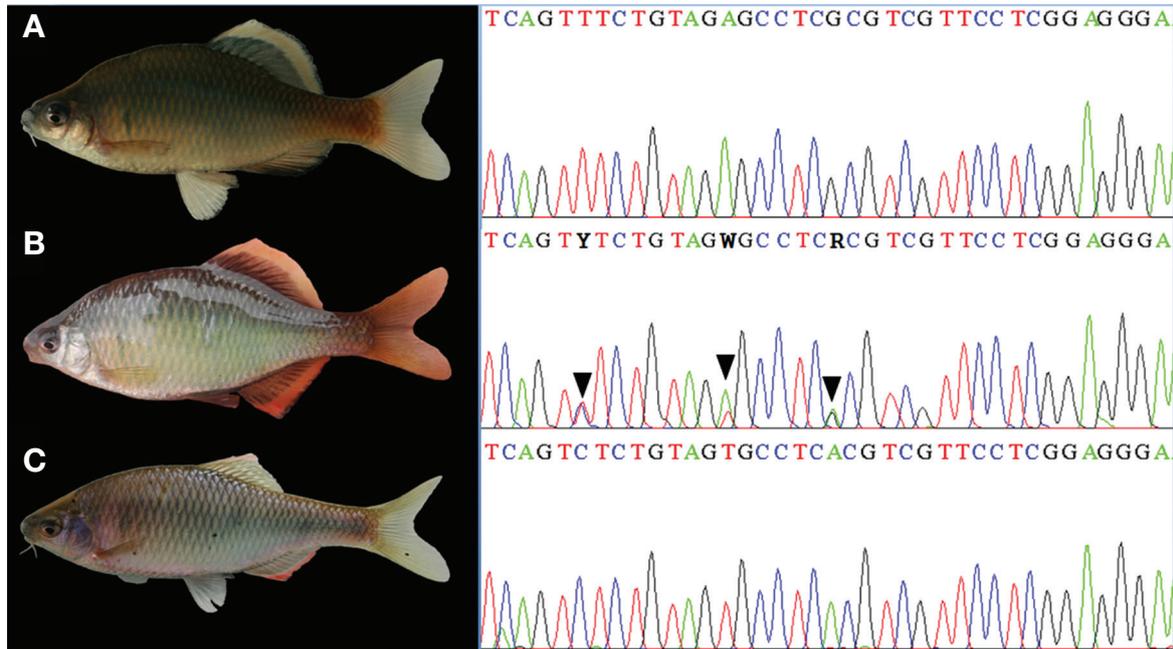
났으나 부모종의 염기 치환이 관찰된 base position에서는 부모종 양쪽 모두의 염기가 반응한 double peak가 확인되었다(Table 2, Fig. 1).

## 고 찰

본 연구에서 사용된 자연 잡종 개체는 전반적인 암녹색의 체색과 등지느러미 가장자리 담황색 반문에서는 목납자루, 뒷지느러미 가장자리 선홍색 반문과 복부쪽 체색은 납자루의 특징을 보였으며 미토콘드리아 cyt b와 RAG-1 분석 결과 모계는 목납자루, 부계는 납자루인 자연 잡종 개체임을 확인하였다.

Jansson *et al.* (1991)은 자연상태에서 잡종이 나타나는 주요한 요인은 유사한 산란기, 불충분한 산란장소, 스니커 행동이라고 언급한 바 있다. 본 연구에서 자연 잡종 개체가 출현한 지점은 부모종인 목납자루와 납자루가 동소 서식하는 곳 이었고 산란숙주조개로 이용 가능한 종은 작은말조개 *Unio douglasiae sinuolatus*와 작은대칭이 *Anodonata arcaeformis flavotincta*의 2종이 확인되었다. 또한 부모종의 산란기는 모두 4~6월로 중복되고 스니커 행동이 빈번하게 나타나는 종의 생물학적 특성상 본 잡종 개체가 출현한 것으로 판단된다(Kim, 1997; Kim *et al.*, 2014b; personal observation).

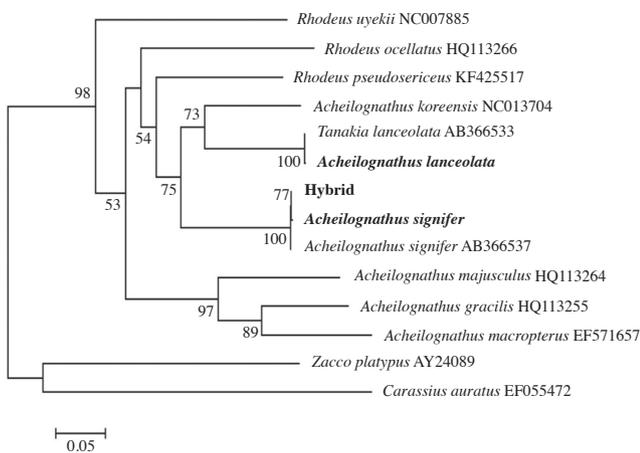
납자루아과 어류의 잡종에 대한 보고는 각시붕어와 목납



**Fig. 1.** Photographs of *Acheilognathus signifer* (A: 58.9 mm SL), a natural hybrid (B: 61.3 mm SL) and *A. lanceolatus* (C: 57.1 mm SL) and fragments of their electropherograms showing the recombination-activating gene 1 gene (RAG-1) (right). Arrowhead indicates double peaks and polymorphic codes of hybrid specimen were used by IUPAC codes.

**Table 2.** Difference of sequences between *Acheilognathus signifer* and *A. lanceolatus* in recombination-activating gene 1 (RAG-1), and polymorphic bases of their natural hybrid

Species	Base positions																			
	30	145	165	189	261	309	414	567	609	618	628	657	664	666	862	975	1011	1041	1047	1072
<i>A. signifer</i>	A	A	G	A	G	G	C	A	A	C	A	C	G	T	C	A	T	C	T	A
Hybrid	M	M	R	R	R	K	Y	R	R	Y	M	Y	R	K	M	R	Y	Y	W	M
<i>A. lanceolatus</i>	C	C	A	G	A	T	T	G	G	T	C	T	A	G	A	A	C	T	A	C



**Fig. 2.** Phylogenetic tree inferred from the mitochondrial cytochrome *b* gene of *Acheilognathus signifer*, *A. lanceolatus* and their natural hybrid by using the Maximum Likelihood method based on the General Time Reversible model. Bootstrap values lower than 50% are not shown.

자루의 자연 잡종 (Kim *et al.*, 2010), 한강납줄개와 묵납자루의 자연 잡종 (Kim *et al.*, 2014b), 각시붕어와 떡납줄개인 *R. notatus*의 잡종동정 (Yun *et al.*, 2009)이 보고된 바 있는데 순간 자연 잡종에서는 불완전한 측선과 완전한 측선의 중간형이 나타났다. Okazaki *et al.* (2001)은 납자루아과 어류에서 측선의 완전, 불완전 여부는 homology가 아닌 parallelism이라고 보고한 바 있다. 본 연구에서 나타난 잡종 개체의 측선은 완전한 납자루속 (*Acheilognathus*)의 특징으로 측선의 완전, 불완전 여부는 분류학적으로도 매우 중요한 형질로 판단되며 부모종의 특징을 공유하는 체색 또한 본 아과 어류의 잡종 개체가 가지는 독특한 특징으로 생각된다.

미토콘드리아 *cyt b*는 모계로만 유전되는 특성상 부모종들이 교잡되면 잡종 F1 세대의 개체들은 그 모계와 동일한 미토콘드리아 유전 정보를 가지는 것으로 알려져 있다 (Avice and Saunders, 1984). 본 연구 결과 자연 잡종 개체의 모계는 묵납자루, 부계는 납자루임을 강하게 시사하는 결과를 보였다. 또

한 RAG-1 유전자 분석결과 double peaks가 나타났는데 이는 자연 잡종 개체가 목납자루와 납자루의 유전자를 모두 물려받았음을 의미하며 이와 같은 결과는 미토콘드리아 cyt b와 핵 DNA를 이용하여 잡종 개체의 종 동정을 다룬 기존 연구의 결과와 잘 일치하였다(Lee *et al.*, 2009; Yun *et al.*, 2009; Kim *et al.*, 2015).

## 요 약

목납자루 *Acheilognathus signifer*와 납자루 *A. lanceolatus* 간 잡종으로 추정되는 개체를 한강 수계의 김화남대천에서 채집하였다. 잡종의 기원을 확인하기 위하여 형태적 특징과 미토콘드리아 cytochrome b gene (cyt b)와 recombination-activating gene 1 (RAG-1)를 분석하였다. 외부 형태를 분석한 결과 잡종 개체는 등지느러미와 뒷지느러미 반문, 뒷지느러미 색깔, 몸의 채색 등은 두 부모종의 중간적 형질을 보였다. 미토콘드리아 cyt b 분석 결과 잡종 개체는 목납자루와 염기 서열이 99.9% 일치하여 목납자루가 모계임이 밝혀졌다. 또한 RAG-1 분석 결과 double peak가 나타났는데 이는 잡종 개체를 강력하게 시사하였다.

## 사 사

본 연구에서 사용된 자연 잡종 개체와 사진을 제공해주신 성무성 군에게 감사 드립니다.

## REFERENCES

Allendorf, F.W., R.F. Leary, P. Spruell and J.K. Wenburg. 2001. The problems with hybrids: setting conservation guidelines. *Trends. Ecol. Evol.*, 16: 613-622.

Avise, J.C. and N.C. Saunders. 1984. Hybridization and introgression among species of sunfish (*Lepomis*): analysis by mitochondrial DNA and allozyme markers. *Genetics*, 108: 237-255.

Campton, D.E. 1987. Natural hybridization and introgression in fishes: Methods of detection and genetic interpretations. In: Ryman, N. and F. Utter (eds.), *Population Genetics and Fishery Management*. University of Washington Press, Seattle, WA, USA, pp. 161-192.

Damme, V.D., N. Bogutskaya, R.C. Hoffmann and C. Smith. 2007. The introduction of the European bitterling (*Rhodeus amarus*) to west and central Europe. *Fish and Fisheries*, 8: 79-106.

Gerber, A.S., C.A. Tibbets and T.E. Dowling. 2001. The role of introgressive hybridization in the evolution of the *Gila robusta* complex (Teleostei: Cyprinidae). *Evolution*, 55: 2028-2039.

Grant, P.R. and B.R. Grant. 1992. Hybridization of bird species. *Science*, 256: 193-197.

Hubbs, C.L. 1955. Hybridization between fish species in nature. *Syst. Zool.*, 4: 1-20.

Hubbs, C.L., K.F. Lagler and G.R. Smith. 2004. *Fishes of the great lakes region*. The Univ. Michigan Press, 250pp.

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)

Jansson, H., I. Holmgren, K. Wedin and T. Andersson. 1991. High frequency of natural hybrids between Atlantic salmon, *Salmo salar* L., and brown trout, *S. trutta* L., in a Swedish river. *J. Fish Biol.*, 39: 343-348.

Kim, C.H., W.O. Lee, Y.J. Kang and J.M. Baek. 2010. Occurrence of a natural intergeneric hybrid, *Rhodeus uyekii* × *Acheilognathus signifer* (Pisces; Cyprinidae) from Jojongcheon Bukhan River, Korea. *Korean J. Ichthyol.*, 22: 225-229. (in Korean)

Kim, D.M., H.B. Jeon and H.Y. Suk. 2014a. *Tanakia latimarginata*, a new species of bitterling from the Nakdong River, South Korea (Teleostei: Cyprinidae). *Ichthyol. Explor. Freshwaters*, 25: 59-68.

Kim, H.S., S.W. Yun, J.G. Ko and J.Y. Park. 2014b. Occurrence of a natural intergeneric hybrid between *Rhodeus pseudosericeus* and *Acheilognathus signifer* (Pisces: Cyprinidae) from the Namhangang (river), Korea. *Korean J. Ichthyol.*, 26: 153-158.

Kim, I.S. 1997. *Illustrated encyclopedia of fauna and flora of Korea*. Vol. 37. Freshwater fishes. Ministry of Education, 629pp. (in Korean)

Kim, I.S. and J.H. Lee. 1990. Diploid-triploid hybrid complex of the spined loach *Cobitis sinensis* and *C. longicorpus* (Pisces, Cobitidae). *Korean J. Ichthyol.*, 2: 203-210.

Kim, I.S., Y. Choi and J.H. Shim. 1991. An occurrence of intergeneric hybrid cross, *Pungtungia herzi* × *Pseudopungtungia nigra* from the Ungcheon River, Korea. *Korean J. Ichthyol.*, 3: 42-47.

Kim, I.S. and J.Y. Park. 2002. *Freshwater fishes of Korea*. Kyohak publishing, 466pp. (in Korean)

Kim, K.Y., M.H. Ko, S.J. Cho, W.J. Kim, M.H. Son and I.C. Bang. 2015. A natural hybrid of intergeneric mating between a female *Pungtungia herzi* and a male *Pseudorasbora parva* (Cypriniformes: Cyprinidae). *Fish. Aquat. Sci.*, 18: 99-107.

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 *RAG-1* sequences. *Korean J. Ichthyol.*, 21: 287-290. (in Korean)

- ean)
- Nelson, J.S. 2006. Fishes of the world (4<sup>th</sup> ed). John Wiley and Sons, Inc., 601pp.
- Nikoljukin, M.J. 1972. Distant hybridization in acipenseridae and teleostei. Moskava, 335pp.
- Okazaki, M., K. Nurus, A. Shima and R. Arai. 2001. Phylogenetic relationships of bitterlings based on mitochondrial 12S ribosomal DNA sequences. J. Fish Biol., 58: 89-106.
- Sonnenberg, R., A. Nolte and D. Tautz. 2007. An evaluation of LSU rDNA D1-D2 sequences for their use in species identification. Front. Zool., 4: 6.
- Šorić V.M. 2004. A natural hybrid of *Leuciscus cephalus* and *Alburnus alburnus* (Pisces, Cyprinidae) from the Ibar River (Western Serbia). Arch. Biol. Sci., Belgrade, 56: 23-32.
- 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. (in Korean)