

기름종개과(Family Cobitidae) 어류의 계통분류에 관한 연구. 5. 미꾸리속 어류 2종의 유전적 변이

양서영 · 김종범 · 김재흡

인하대학교 생물학과

미꾸리속의 미꾸리(*Misgurnus anguillicaudatus*)와 미꾸라지(*M. mizolepis*)의 종내 및 종간 유전적 변이와 유전적 차이를 알아보고자 2종 15개 집단과 대만산 *Paramisgurnus dabryanus* 1개 집단을 대상으로 전기영동법의 의한 동위효소분석을 실시한 결과 *M. anguillicaudatus* 9개 집단의 평균 유전적 변이정도는 $\bar{P}=34.20\%$, $\bar{H}_o=0.099$, $\bar{H}_e=0.114$ 였고, *M. mizolepis* 6개 집단은 평균 $\bar{P}=35.55\%$, $\bar{H}_o=0.141$, $\bar{H}_e=0.148$ 이었으며, *P. dabryanus*는 $\bar{P}=45.9\%$, $\bar{H}_o=0.132$, $\bar{H}_e=0.119$ 로서 일반적인 담수어류에 비해 높은 변이를 나타내었다. 종간 평균 유전적 근연치를 비교한 결과 *M. anguillicaudatus*와 *M. mizolepis* 사이는 $\bar{S}=0.467$ 이었고, *M. anguillicaudatus*와 *P. dabryanus* 사이는 $\bar{S}=0.475$ 로 비교적 근연관계가 낮았으나 *M. mizolepis*와 *P. dabryanus* 사이는 $\bar{S}=0.834$ 로 매우 가까운 유연관계를 나타냈다. 유전적 차이치를 토대로 *M. anguillicaudatus*와 *M. mizolepis*의 종분화 연대를 산출한 결과 이들은 약 350만 년전에 분화된 것으로 추정되었다.

KEY WORDS: *Misgurnus anguillicaudatus*, *Misgurnus mizolepis*, *Paramisgurnus dabryanus*, Isozyme, Genetic similarity, Systematics.

미꾸리속(*Genus Misgurnus*) 어류는 아시아 및 유럽에 분포하는 소, 중형 담수어류로서 남한에는 미꾸리(*Misgurnus anguillicaudatus* Cantor)와 미꾸라지(*M. mizolepis* Gunther) 2종이 분류, 보고되었다(Uchida, 1939; Chyung, 1977; Jeon, 1983). 미꾸리와 미꾸라지는 생태적으로 매우 유사하며, 2종 모두 생활력이 강하여 넓은 분포와 서식처의 다양성을 보인다. 이들 어류는 측선린수 및 꼬리지느러미 상부 불분지구조수에서 뚜렷한 종간 차이가 있는 것으로 보고되었으나(Yang *et al.*, 1994) 그외의 형태형질은 종내 및 종간변이가 매우 심하여 외부형태에 의한 분류에 어려움이 있다.

근래에는 형태형질외에도 염색체분석을 통한 세포유전학적인 연구, mtDNA 분석 및 전기영

동법에 의한 isozyme의 분석등을 병행하여 보다 정확한 분류가 시도되고 있다(Rholf and Wooten, 1988; Kim and Burgman, 1988). 특히 isozyme분석을 통한 계통진화 연구는 매우 활발히 행해지고 있어, 어류의 경우 Buth(1984 a, b)는 잉어과 어류의 isozyme data를 종합하여 이들의 변이와 적응에 대하여 계통진화학적인 추정을 하였고 Shaklee(1983)는 동일연구에 의한 수산업분야에의 응용도 발표한 바 있다. 또한 Ferguson과 Fleming(1983)은 영국에 출현하는 Brown trout(*Salmo trutta*)에 대한 isozyme을 분석, 각 계군에 따른 유전자의 특징을 밝힌 바 있다. 국내 어류에 대한 연구로 Yang과 Min(1987)은 한국산 갈겨니에 대하여 전기영동법에 의한 isozyme의 분석 결과 종전까지 한종으로 알려졌던 갈겨니(*Zacco temmincki*)에 형

*이 연구는 1991년도 교육부 기초과학육성연구비의 지원에 의해 수행된 것임(과제번호 BSRI 91-128).

태적으로는 구별이 되지 않으나 유전적으로는 완전히 구별되는 자매종(sibling species)이 있음을 밝힌 바 있다. 한편 한국산 미꾸리속 어류 2종에 대한 핵형분석 및 mtDNA 분석결과 미꾸리는 염색체 수가 $2n=50$, 미꾸라지는 $2n=48$ 로 세포유전학적 차이점 및 중간 mtDNA 염기치환율이 평균 10.4%로서 뚜렷한 차이가 있음이 보고되었다 (Lee *et al.*, 1994).

본 연구는 형태, 핵형 및 mtDNA 상의 차이가 보고된 미꾸리속 어류 2종의 여러 집단들을 대상으로 isozyme 분석을 실시하여 종내 지리적 변이 및 종간의 유전적 근연관계를 구명하고자 하였다.

재료 및 방법

1) 재료

본 연구에 사용한 실험재료는 Jeon(1983)의 분포보고와 분류기준에 준하여 한국산 미꾸리 9

개 집단, 미꾸라지 6개 집단 등 총 15개 집단 253 개체를 투망(망목 5×5 mm), 족대(망목 3×3 mm) 및 전기충격기(300V)를 이용하여 채집하였으며 상기 2종의 비교를 위하여 대만산 *Paramisgurnus dabryanus* 1개 집단 7개체를 현지구입하여 집단비교 및 종간분석에 이용하였다(Table 1).

2) 유전자분석

유전자분석을 위하여 채집된 개체는 채집즉시 dry ice(-70°C)에 급냉동시켜 실험실로 운반한 후 Yang 등(1991)의 방법에 의하여 전기영동용 시료를 적출하고, 유전자 분석을 위한 동위효소 분석시 전기영동은 Selander 등(1971), Yang 등(1991)의 방법에 따라 수평 전분 전기영동법(horizontal starch gel electrophoresis)을 실시하였다. 전기영동 조건 및 방법은 Table 2와 같다. 전기영동 후 얻어진 각 효소 및 비효소성 단백질의 전기영동상(electromorph)을 이용하여 각 개체별 유전자형 빈도(genotype

Table 1. Collection localities, dates and number of specimens for the horizontal starch gel electrophoresis of the genera *Misgurnus* and *Paramisgurnus*.

Population Collection Localities	Collection Date	No. of Specimens
<i>M. anguillicaudatus</i>		
1. Pocheon: Kyonggido, Pochongun, Naechonmyon.	Oct. 02, 1989	20
2. Kwangreung: Kyonggido, Namyangjoogun, Jinjeobmyon.	Jan. 19, 1992	13
3. Paekryeong: Kyonggido, Ongjingun, Paekryeongmyon.	Sep. 23, 1991	20
4. Kangkyong: Choongcheongnamdo, Nonsangun, Kangkyongeub.	Nov. 10, 1991	20
5. Sanchong: Kyongsangnamdo, sanchanggun, Sicheonmyon.	Oct. 27, 1991	20
6. Hadong: Kyongsangnamdo, Hadonggun, Jinkyomyon.	Apr. 22, 1991	19
7. Wando: Chollanamdo, Wandogun, Wandoeub.	Apr. 21, 1991	9
8. Yungduk: Kyongsangbukdo, Yungdukgun, Chooksanmyon.	Apr. 24, 1991	20
9. Sockcho: Kangwondo, Sockchocity, Sorakdong.	Mar. 30, 1990	10
<i>M. mizolepis</i>		
10. Jinkyo: Kyongsangnamdo, Hadonggun, Jinkyomyon.	Apr. 20, 1991	8
11. Uhnyang: Kyongsangnamdo, Woolsangun, Uhnyangmyon.	Apr. 22, 1991	20
12. Nonsan: Choongcheongnamdo, Nonsangun, Kangkyeoneub.	Nov. 10, 1991	20
13. Kyongjoo: Kyongsangbukdo, Kyongjoocity, Hyohuneub.	Apr. 23, 1991	16
14. Kwangchon: Choongchongnamdo, chungyanggun, Kwangchon.	Nov. 11, 1991	20
15. Wooljoo: Kyongsangnamdo, Wooljoogun, Woongchonmyon.	Apr. 23, 1991	18
<i>Paramisgurnus dabryanus</i>		
16. Taiwan: Taiwan, Miaory Dahu market.	Feb. 20, 1990	7

Table 2. Buffer systems and enzymes for the analysis of horizontal starch gel electrophoresis.

Buffer system	E.C. No.	Enzyme	Condition
TC II (pH 8.0)	1.1.1.27	Lactate dehydrogenase (<i>Ldh-1,2</i>)	100V/3 hrs
	1.1.1.37	Malate dehydrogenase (<i>Mdh-1,2,3</i>)	
	1.1.1.42	Isocitrate dehydrogenase (<i>Idh</i>)	
	1.1.99.5	α -Glycerol-3-phosphate dehydrogenase (<i>αGpd-1,2</i>)	
	1.2.1.2	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrate (<i>Gapdh</i>)	
	2.6.1.2	Alanine aminotransferase (<i>Alat-1,2</i>)	
	2.7.5.1	Phosphoglucomutase (<i>Pgm</i>)	
	2.7.4.3	Adenylate kinase (<i>Ak</i>)	
	2.7.3.2	Creatine kinase (<i>Ck</i>)	
	4.2.1.3	Aconitate hydratase (<i>Aco-1,2</i>)	
	5.3.1.8	Mannose phosphate isomerase (<i>Mpi</i>)	
LiOH (pH 8.1)	3.4.11.11	Peptidase (<i>Pept-1,2</i>)	300V/3 hrs
		Esterase (<i>Est-1,2</i>)	
Poulik (pH 8.2)	1.1.1.1	Alcohol dehydrogenase (<i>Adh</i>)	250V/2.5 hrs
	5.3.1.9	Phosphoglucose isomerase (<i>Pgi-1,2</i>)	
		General protein (<i>Gp-1,2,3,5</i>)	
TM (pH 7.4)	1.1.1.40	Malic enzyme (<i>Me-1,2</i>)	100V/5 hrs
	1.1.1.43	6Phosphogluconate dehydrogenase (<i>6Pgd</i>)	
	1.1.1.49	Glucose-6-phosphate dehydrogenase (<i>G6Pdh-1,2</i>)	
	2.6.1.1	Glutamate oxaloacetate isomerase (<i>Got-1,2,3</i>)	
	4.2.1.2	Fumarate dehydrogenase (<i>Fum</i>)	

frequency)를 구한 후 BIOSYS-1 program (Swofford and Selander, 1981)을 사용하여 각 종 및 집단의 유전자빈도(allele frequency), 유전자당 평균대립인자수(A), 다형형빈도(% polymorphism, P) 및 유전자형에서 직접 관찰된 이형접합자 관찰치빈도(observed heterozygosity, Ho)와 유전자빈도에 의한 이형접합자 기대치빈도(expected heterozygosity, He)를 구하여 집단 및 종간의 유전적 변이를 조사하였다. 각 집단 및 종간 유전적 근연관계는 유전자 빈도를 토대로 하여 Rogers(1972)의 유전적 근연치(S)와 Nei(1972)의 유전적 차이치(D)를 구하였다. 상기의 근연치(S) 및 차이치(D)를 토대로 Sneath 와 Sokal(1973)의 방법에 따라 UPGMA방법으로 dendrogram을 작성하고, Nei의 D 값을 이용하여 Nei(1975)의 분화연대 산출방법에 따라 종간의 분화연대를 추정하였다.

결과

한반도산 미꾸리속의 미꾸리, 미꾸라지 및 대만산 *Paramisgurnus dabryanus*의 유전적 변이 및 차이를 분석하기 위하여 3종 16개 집단 260개체(Table 1)에 대하여 전기영동을 실시하였다. 전기영동을 실시한 결과 21종류의 효소 및 비효소성 단백질에서 37개의 유전자를 검출하였으며 이들 유전자에 대한 유전자별 대립인자 빈도를 구한 결과는 Table 3과 같다. 전체 37개의 유전자 중 *Ldh-2*, *Alat-1*, *Gp-1*은 한국산 *Misgurnus*속 2종과 대만의 *Paramisgurnus dabryanus*간에 동일한 유전자로 변이가 없었다. 미꾸리 7개 집단의 경우 *Adh*, *Ldh-2*, *Alat-1*, *Gp-1*, *Gp-2*, *Gp-5* 및 *Got-2* 등 7개 유전자(18.9%)는 집단간 변이없이 monomorphic하였다. 나머지 유전자 중 *Mdh-3*, *α Gpd-1*, *Alat-2*, *Idh*, *Aco-1*, *Ck*, *Ak*,

Table 3(continued).

Locus	Allele	<i>Misgurnus anguillicaudatus</i>																P. d.						
		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16							
Got-2	e	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	.214	.111	.214			
	f		.038																	.214	.111	.056		
Got-3	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	1.000	1.000	1.000	1.000		
	b							.111	.100											.050	.050	.250		
G6Pdh-1	a	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	.889	.900	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	
	b							.111												.050	.100	.344		
	c							.026	.111											.071	.071			
	d							.053	.053											.071	.071			
G6Pdh-2	a	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	.842	.889	.950	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	
	b							.025	.050											.071	.071			
	c							.025	.025											.071	.071			
	d							.025	.025											.071	.071			
Fur	a	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	.947	.111	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	
	b							.053	.111											.857	1.000	1.000	1.000	1.000
	c							.947	.889	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
	d							.053	.889	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
6Pgd	a	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	.600	.150	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	
	b							.150	.200											1.000	1.000	1.000	1.000	1.000
	c							.200	.050											1.000	1.000	1.000	1.000	1.000
	d							.050	.889											1.000	1.000	1.000	1.000	1.000
6Pgd	a	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	.650	.222	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	
	b							.250	.222											.600	.100	.500	.500	.929
	c							.250	.778	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	.600	.083	.050	.063	.150	.088
	d							.350	.077	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	.417	.300	.625	.406	.450	.206
6Pgd	e							.077	.077										.250	.050	.200	.025	.031	.100
	f							.077	.077										.250	.050	.200	.025	.031	.100
	g							.500											.250	.050	.200	.025	.031	.100
	g							.500											.250	.050	.200	.025	.031	.100

Gp-3, *Me-1*, 및 *Got-3* 등 9개 유전자(24.3%)는 1-2개 집단에서만 변이개체가 발견되었으며 변이개체의 대립인자 빈도도 $\alpha Gpd-1^a$ 대립인자 빈도가 하동집단에서 0.167 이었으나 타 유전자의 변이 대립인자 빈도는 0.025-0.10의 낮은 빈도로 출현하였다. 미꾸라지 6개 집단은 전체 37개 유전자 중 *Mdh-3*, *Ldh-1*, *Ldh-2*, *Idh*, *Aco-2*, *Gapdh*, *Alat-1*, *Pept-1*, *Est-1*, *Gp-1*, 2, 5, *Adh*, *G-6-Pdh-2* 등 14개 유전자(37.8%)는 변이가 전혀 없이 monomorphic 하였으나 나머지 유전자는 변이를 나타내었다. 변이를 나타낸 23개 유전자 중 *Alat-2*, *Aco-1*, *Ak*, *G-6-pdh-1* 등 4개 유전자(10.8%)에서는 일부 집단에서만 *Aco-1^a*의 빈도가 0.150이었을 뿐 타 변이 유전자의 빈도는 낮게(<15%) 나타났다. 진교집단의 경우 *Mdh-1^b*, *Gpd-1^a* 대립인자 등 다른 집단에서는 볼 수 없던 집단고유 대립인자들이 높은빈도(>25%)로 출현하는 차이를 보였으며, $\alpha Gpd-2$ 유전자에 있어서 진교와 연양집단의 $\alpha Gpd-2^e$ 대립인자 빈도가 각각 0.875, 0.775로 다른 집단이 $\alpha Gpd-2^c$ 대립인자로 monomorphic하게 나타난 것과는 차이를 보였다. 또한 *Me-1*의 경우 연양과 논산집단은 *Me-1^d*로서 타 집단들이 *Me-1^c* 대립인자인 것과 차이를 보였다. 대만의 *P. dabryanus*는 미꾸라지와 매우 유사한 유전자 구성을 하고 있었으나 대립인자에 있어 $\alpha Gpd-1^b$, *Idh^d*, *Pgme*, *Pept-1^a*, *Adh^a* 등 5개의 대만집단 고유의 대립인자가 발견되었다. 미꾸라지와 미꾸라지는 *Idh*, *Ak*, *Gapdh*, *G-6-Pdh-2*, *Gp-2*, *Gp-5* 등 6개 유전자(16.2%)에서 완전한 중간 차이를 나타내었으며 *Aco-1*, *Me-1*, *G-6-Pdh-1* 등 3개 유전자에서는 일부 집단에서 대립인자의 중복이 낮은 빈도로 발견되었으나 주대립인자의 빈도 차이가 뚜렷하였다. 미꾸라지 진교집단의 경우 타 미꾸라지 집단에서는 발견되지 않고 미꾸라지 집단들에서만 출현하는 *Mdh-1^b*, *G-6-Pdh-1^a*, *G-6-Pdh-1^b* 대립인자가 출현하였다. 특히 *Ck*의 경우 미꾸라지는 전집단이 이형접합자 상태여서 주목된다.

종별 집단간 유전적 변이정도를 비교한 결과

(Table 4) 미꾸라지 9개 집단의 평균 유전적 변이는 $\bar{P}=34.20\%$, $\bar{H}_o=0.099$, $\bar{H}_e=0.114$, 였으며 미꾸라지 6개집단은 $\bar{P}=35.55\%$, $\bar{H}_o=0.141$, $\bar{H}_e=0.148$ 이었고 *P. dabryanus*는 $P=45.9\%$, $H_o=0.143$, $H_e=0.129$ 로서 3종 중 *P. dabryanus*의 변이가 가장 높게 나타났다. 미꾸라지 9개 집단 중 포천집단은 이형접합자 빈도에 있어서 $H_o=0.060$, $H_e=0.071$ 로 변이가 가장 낮았으며 속초집단은 $H_o=0.132$ 로 실측치가 가장 높았고, 산청집단은 $H_e=0.170$ 으로 기대치가 가장 높게 나타났다. 미꾸라지는 경주집단이 실측치와 기대치 모두 $H_o=0.169$ 와 $H_e=0.202$ 로 가장 높은 변이를 보였다. 각 종의 대립인자 빈도(Table 3)를 이용하여 Rogers(1972)의 유전적 근연치와 Nei(1972)의 유전적 차이치를 구한 결과는 Table 5와 같다. 미꾸라지 9개 집단의 평균 유전적 근연치는 $S=0.838$ 로 일반적인 어류의 종내 집단간 근연치($S>90\%$) 보다는 다소 낮았다. 미꾸라지 6개집단은 평균 근연치가 $S=0.858$ 로 미꾸라지보다 높은 집단간 근연관계를 갖기는 하나 일반적인 어류의 종내 집단간 근연치에 비해 다소 낮았다 (Avice, 1976; Yang *et al.*, 1984; Min and Yang, 1986; Yang and Min, 1987).

Table 5의 Rogers(1972) S값을 토대로 UPGMA 방법에 의해 dendrogram을 작성한 결과(Fig. 1) *Misgurnus*속 2종은 $\bar{S}=0.47$ 에서 2 group으로 나누어졌으나 대만산 *P. dabryanus*는 미꾸라지 집단들과 매우 가깝게 cluster 되었는데 특히 광촌 및 울주집단과는 $\bar{S}=0.88$ 로 종내 집단간 유전적 근연치 이상의 매우 가까운 근연관계를 나타내며 미꾸라지의 다른 집단들 보다는 유전적으로 더욱 밀접한 유연관계를 보였다.

Table 5의 Nei(1972) D 값을 이용하여 Nei(1975)의 공식에 따라 분화연대를 산출한 결과 미꾸라지와 미꾸라지는 약 350만년전에 종분화가 일어난 것으로 추정되었는데 이는 한국산 타담수어의 경우에 비하면 매우 오래전에 분화되어진 경우라 하겠다. 한편 대만의 *P. dabryanus*는 한국산 미꾸라지(*M. mizolepis*)와 유전적으

Table 4. Genetic variations of 16 populations of three species of the genera *Misgurnus* and *Paramisgurnus*.

Population	Sample size (N)	Mean no. of alleles per locus (A)	Percentage of loci polymorphic* (%P)	Mean heterozygosity	
				Observed (Ho)	Expected** (He)
<i>M. anguillicaudatus</i>					
1. Pocheon	20	1.5	24.3	.060	.071
2. Kwangreung	13	1.6	27.0	.096	.095
3. Paekryong Isl.	20	1.6	37.8	.111	.130
4. Kangkyong	20	1.8	37.8	.108	.119
5. Sanchong	20	1.9	45.9	.125	.170
6. Hadong	19	1.7	29.7	.069	.089
7. Wando	9	1.6	37.8	.092	.127
8. Youngduk	20	1.5	32.4	.095	.094
9. Sokcho	10	1.6	35.1	.132	.133
<i>M. mizolepis</i>					
10. Jinkyo	8	1.6	37.8	.149	.145
11. Uhnyang	20	1.8	43.2	.136	.157
12. Nonsan	20	1.6	35.1	.127	.123
13. Kyongjoo	16	1.8	43.2	.169	.202
14. Kwangchon	20	1.5	24.3	.128	.119
15. Wooljoo	18	1.6	29.7	.137	.143
<i>P. dabryanus</i>					
16. Taiwan	7	1.6	45.9	.143	.129

* A locus is considered polymorphic if the frequency of the most common allele does not exceed .95 ** Biased estimate (see Nei, 1978)

로 매우 유사하여 동일종내의 집단간 차이 정도였다.

고찰

미꾸리와 미꾸라지는 분류학적으로 측선상부린수 및 꼬리지느러미상부 불분지 기조수에 있어 종간 차이가 뚜렷하나(Yang *et al.*, 1994), 계수형질 이외의 외부형태가 매우 유사하며 변이도 심하여 형태적 분류가 용이치 않은 편이다. 본 연구의 Isozyme 분석결과 미꾸리와 미꾸라지는 종간의 유전적 차이가 뚜렷하였으나 종내 지리적 변이가 심하여 지리적 분포구계에 따른 분포경로를 추정할 수는 없었다. Isozyme 분석결과 creatine kinase(Ck)에 있어 미꾸리는 1 banded system인데 반하여 미꾸라지는 전개체가 2 banded system으로 나타나 유전자 중복

현상의 증거를 보이고 있었다. 유전자 중복현상은 염색체의 polyploidy에 의한 전체 유전자의 중복이나 일부 유전자가 증가하는 tandem duplication의 경우가 보고되어 있다(Ohno, 1970). 본 연구의 미꾸라지 경우 미꾸리와 비교할 때 Creatine kinase 유전자에서만 중복현상이 발견되고, 염색체 분석상 미꾸라지는 $2n=48$ 로 미꾸리에 비하여 염색체수가 적어 염색체수의 증가에 의한 중복현상으로 보기 어렵다. 그러나 미꾸리속의 핵형분석결과 미꾸리 염색체에 Robertsonian translocation이 발생하여 염색체수가 감소하며 미꾸라지의 종분화가 이루어진 것으로 보고되어(Lee *et al.*, 1994). 본 연구에서 나타난 미꾸라지 creatine kinase의 유전자 중복은 염색체 융합에 의하여 일부 유전자가 증가된 tandem duplication의 결과라 사료된다. 한편 creatine kinase 유전자의 중복현상은 유전적 근연관계에서 미꾸라지와 매우 가깝게

Table 5. Rogers' genetic similarity coefficients (above diagonal) and Nei's genetic distance coefficients (below diagonal) among the 16 population of the genera *Misgurnus* and *Paramisgurnus*.

Population	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16
<i>M. anguillicaudatus</i>																
1. Pocheon		.922	.828	.880	.870	.796	.801	.850	.855	.426	.455	.463	.430	.494	.489	.470
2. Kwangreung	.041		.853	.894	.898	.799	.805	.859	.850	.425	.456	.453	.447	.492	.495	.480
3. Paekryong Is.	.119	.098		.882	.818	.791	.794	.819	.822	.466	.508	.494	.490	.537	.541	.531
4. Kangkyong	.066	.048	.065		.851	.793	.805	.865	.867	.451	.494	.486	.474	.521	.526	.502
5. Sanchong	.064	.031	.118	.082		.783	.805	.831	.825	.444	.471	.469	.465	.488	.491	.481
6. Hadong	.175	.165	.185	.179	.163		.807	.842	.828	.402	.412	.416	.415	.422	.430	.423
7. Wando	.153	.147	.169	.154	.127	.155		.865	.848	.458	.470	.460	.479	.483	.491	.478
8. Youngduk	.100	.084	.123	.085	.094	.119	.081		.876	.420	.429	.446	.434	.454	.449	.436
9. Sokcho	.089	.092	.132	.076	.115	.123	.092	.061		.457	.470	.467	.467	.484	.488	.475
<i>M. mizolepis</i>																
10. Jinlkyo	.828	.829	.720	.777	.798	.915	.753	.867	.759		.882	.820	.851	.852	.863	.813
11. Uhnnyang	.759	.761	.642	.686	.738	.886	.725	.822	.739	.069		.864	.861	.828	.875	.815
12. Nonsan	.723	.743	.650	.687	.722	.862	.752	.776	.723	.139	.086		.850	.848	.845	.797
13. Kyongjoo	.793	.766	.677	.715	.748	.876	.696	.791	.724	.085	.099	.103		.842	.878	.821
14. Kwangchon	.668	.673	.583	.632	.697	.835	.706	.756	.698	.103	.126	.111	.098		.919	.867
15. Wooljoo	.680	.676	.577	.629	.694	.839	.680	.775	.695	.090	.089	.107	.067	.041		.890
<i>P. dabryanus</i>																
16. Taiwan	.733	.701	.581	.651	.705	.842	.694	.796	.710	.137	.132	.167	.106	.077	.045	

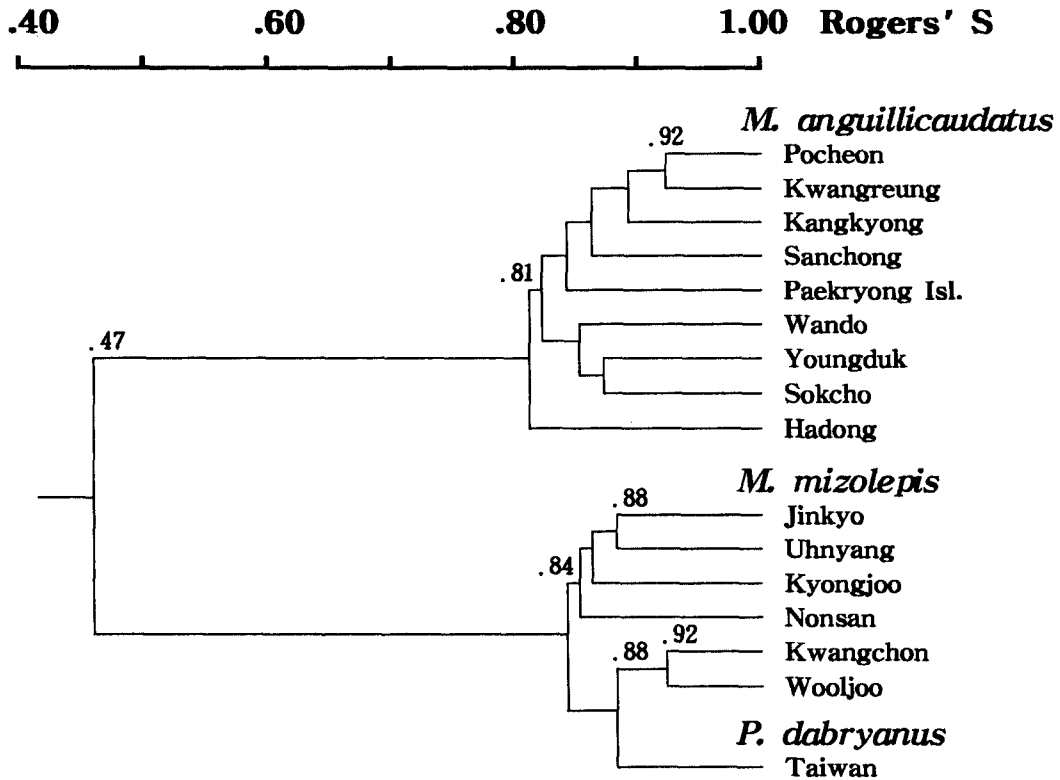


Fig. 1. Dendrogram of 16 populations of the genera *Misgurnus* and *Paramisgurnus* based on Rogers' genetic similarity coefficients.

clustering 되어진 대만산 *Paramisgurnus dabryanus*에서도 동일하게 나타나 이들 2종이 계통적으로 동일 기원임을 시사한다.

분포상으로 미꾸리는 한반도를 비롯한 일본, 중국, 대만, 인도네시아, 인도 및 시베리아등의 고황하수계와 고아무르수계의 영향권에 드는 지역에 분포하고, 미꾸라지(*M. mizolepis*)의 경우 한반도의 낙동강에서 압록강까지의 서남해로 유입되는 제하천과 중국, 만주요하 수계와 대만에 분포하는 것으로 보고되어 있다(Chyung, 1977). 또한 湖北省水生生物研究所(1978)의 보고에는 중국산 *M. mizolepis*가 기재되어 있으나 최근 Cheng과 Zheng(1987)은 *M. mizolepis*로 보고된 종을 *Paramisgurnus dabryanus*의 synonym으로 취급하였고, 대만에서도 *P. dabryanus*에 대한 보고(Tzeng, 1986)는 있으나 *M. mizolepis*에 대한 기록은

없어 현재 *M. mizolepis*는 한반도에만 서식하는 것으로 여겨진다. 그러나 한국, 중국 및 대만에서 보고된 *M. mizolepis*와 *P. dabryanus*의 형태적 특징 및 계수형질상의 특징이 중복되어 나타나 실질적인 차이점을 찾아볼 수 없다(Yang et al., 1994). 상기 2종은 염색체수도 $2N=48$ 로 동일하며(Yu et al., 1989; Lee et al., 1994), 또한 본 연구결과 대만산 *P. dabryanus*는 한국산 *M. mizolepis*와 동일 종내 집단간 근연치 정도의 매우 가까운 유전적 근연관계를 나타내고 있다. 이상의 여러 연구결과를 종합할 때 *M. mizolepis*와 *P. dabryanus*를 동종으로 보고한 Cheng과 Zheng(1987)의 결과와 일치한다.

유전자 분석 결과 미꾸리와 미꾸라지의 종간 유전적 차이는 뚜렷하였으나 종내 집단간 변이는 매우 심하여 다형형 빈도와 이형접합자 빈도는

두 종 모두 타 담수어류에 비해 높았는데 이는 종내 변이축적의 결과이거나 동해안 미꾸라지의 분포와 같이 독립적으로 변이를 소유한 이소성집단(allopatric population)들이 인위적 요인에 의해 공서하게 되어 나타난 결과일 가능성이 매우 높다. 현재 우리나라 대부분의 지역에서는 미꾸리와 미꾸라지가 전문상인들을 통하여 식용, 양식 및 방생을 위해 공급되고 있다. 특히 여름철의 우기에는 전문 포획상들에 의하여 영서, 영동, 호남 및 호서지방 등에서 무작위 대량으로 포획되어 수요가 있는 지역으로 광범위하게 공급되고 있어 멀리 떨어진 allopatric 집단의 개체들이 무분별하게 뒤섞여 타지역에서 공서하게 된다. 그 증거로서 본 연구에서 나타나듯이 미꾸리와 미꾸라지는 중간 유전적 차이가 뚜렷하나 종내 집단 비교에서 2종 모두 지리적 경향성이 전혀 나타나지 않는다. 더우기 현재 국내에는 중국, 대만, 그리고 북한으로부터 미꾸라지와 그 유사종들이 수입되어 판매되고 있는데 그 수요는 식용에만 제한되는 것이 아니라 방생과 양식에 이용되고 있다. 방생의 경우 유명한 사찰 혹은 경관이 수려한 골짜기등에서 소규모로 행해지고 있어 이를 추적하기는 매우 힘들 것으로 사료된다.

미꾸리와 미꾸라지는 약 350만년전에 종분화가 이루어진 별종으로 여겨지며 isozyme 뿐 아니라 형태, 염색체, 및 mtDNA(Lee *et al.*, 1994) 등에서도 뚜렷한 종간차이를 나타내었다.

인용문헌

- Awise, J.C., 1976. Genetic differentiation during speciation, In: Molecular evolution (Ayala, F.J., ed.). Sinauer Assoc. Inc., Sunderland, Massachusetts, pp. 106-122.
- Buth, D.G., 1984a. Allozymes of the cyprinid fishes: variation and application, In: Evolutionary genetics of fishes (Turner, B.J., ed.). Plenum Press, New York, pp. 561-590.
- Buth, D.G., 1984b. The application of electrophoretic data in systematic studies. *Ann. Rev. Ecol. Syst.* **15**: 501-522.
- Cheng, Q. and B. Zheng, 1987. Systematic synopsis of Chinese fishes. Science Press, Beijing, **1**: 120-123.
- Chyung, M.K., 1977. The fishes of Korea. Il-Ji Sa. Seoul. pp.209-214.
- 최기철, 전상린, 김익수, 1983. 한국산 담수어 분포도. 한국담수생물학연구소, pp. 1-91.
- Ferguson, A. and C.C. Fleming, 1983. Evolutionary and Taxonomic significance of protein variation in the Brown trout (*Salmo trutta*) and other Salmonid fishes. In Protein polymorphism; Adaptive and Taxonomic significance (G.S. Oxford and D. Rollins, Ed.). Academic Press. London and New York, pp.85-99.
- 湖北省水生生物研究所, 1978. 長江魚類. 科學出版社, 北京. pp. 165-166.
- Jeon, S.R., 1983. Studies on the distribution and key of Cobitidae fishes (Cypriniformes) from Korea. *Bull. Sangmyong Women's Univ.* **11**: 289-321.
- Kim, J. and M.A. Burgman, 1988. Accuracy of phylogenetic estimation methods under unequal evolutionary rates. *Evolution* **42**: 596-602.
- Kim, J.H. and S.Y. Yang, 1993. Systematic studies of the genus *Cobitis* (pisces: Cobitidae) in Korea IV. Introgressive hybridization between two spined loach subspecies of the genus *Cobitis*. *Korean J. Zool.*, **36**: 535-544.
- Lee, H.Y., S.Y. Yang, C.S. Park, E.K. Jung, and J.H. Kim, 1994. Systematic study on the fishes of the family Cobitidae (Pisces, Cypriniformes) 4. The analysis of karyotype and mitochondrial DNA between the two species of the genus *Misgurnus* from Korea. *Korean J. Zool.* **37**: 436-448.
- Min, M.S. and S.Y. Yang, 1986. Classification, distribution and geographic variation of two species of the genus *Moroco* in Korea. *Korean J. Syst. Zool.* **2**: 63-78.
- Nei, M., 1972. Genetic distance between populations. *Amer. Natural.* **106**: 283-292.
- Nei, M., 1975. Molecular Population Genetics and Evolution. North-Holland publ. Co., Amsterdam. pp.176-209.
- Nei, M., 1978. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics* **89**: 583-590.
- Ohno, S., 1970. Evolution by gene duplication. Springer-Verlag, New York.
- Rholf, F.J. and M.C. Wooten, 1988. Evolution of the restricted maximum-likelihood method for estimating phylogenetic trees using simulated allele-frequency data. *Evolution* **42**: 581-595.
- Rogers, J.S., 1972. Measure of genetic similarity and genetic distance. *Studies in genetics VII.* Univ. Texas Publ., **7213**: 145-153.
- Selander, R.K., M.H. Smith, S.Y. Yang, W.E. Johnson,

- and B. Gentry, 1971. Biochemical polymorphism and systematics in the genus *Peromyscus*. I: Variation in the old-field mouse (*Peromyscus poliontus*). *Studies in Genetics VI.*, Univ. Texas Publ. **7103**: 49-90.
- Shaklee, J.B., 1983. The utilization of isozymes as genetic markers in fisheries management and conservation. In: *Isozymes; Current topics in biological and medical research*, vol. II. Medical and other applications. (M.C. Rattazi, J.G. Scandalios and G.S. Whitt eds.) Alan R. Liss, Inc New York. pp.213-247.
- Sneath, P.H.A. and R.R. Sokal, 1973. *Numerical Taxonomy*. W.H. Freeman Co., San Francisco. pp.230-234.
- Swofford, D.L. and R.B. Selander, 1981. BIOSYS-1: FORTRAN program for the comprehensive analysis of electrophoretic data in population genetics. *J. Heredity* **72**: 281-283.
- Tzeng, C.S., 1986. The freshwater fishes of Taiwan. pp. 82-83.
- Uchida, K., 1939. The fishes of Korea. *Bull. Fish. Exp. Sta. Gov. Gener. Korea*, **1**: 330-346.
- Yang, S.Y. and M.S. Min, 1987. Evolutionary study on the Dark Chub (*Zacco temmincki*) IV. Genetic variation, morphology, and artificial hybridization. *Korean J. Zool.* **30**: 417-431.
- Yang, S.Y., S.R. Jeon, I.Y. Choo, and J.H. Kim, 1984. Genetic variation and systematics in the subfamily Danioninae (Fishes). *Bull. Inst. Basic Sci., Inha Univ.* **5**: 111-118.
- Yang, S.Y., H.Y. Lee, H.J. Yang, and J.H. Kim, 1991. Systematic study on the family Cobitidae (Pisces, Cypriniformes) I. Geographic variation of *Nemacheilus toni*, *Lefua costata* and *Niwaella multifasciata*. *Korean J. Zool.* **34**: 110-122.
- Yang, S.Y., H.J. Yang, S.R. Jeon, M.S. Min, and J.H. Kim, 1994. Systematic study on the fishes of the family Cobitidae (Pisces, Cypriniformes) 3. Taxonomic study on morphological variation of the *Misgurnus anguillicaudatus* and *M. mizolepis* from Korea. *Bull. Inst. Basic Sci., Inha Univ.* **15**: 79-86.
- Yu, X., J. Tun, Z. Mi, L. Kang, and L. Yucheng, 1989. Chromosomes of Chinese freshwater fishes. Science Press, pp.102-109.

(Accepted June 27, 1994)

**Systematic Study on the Fishes of the Family Cobitidae (Pisces, Cypriniformes). 5.
Genetic Variations of Two Species of the Genus *Misgurnus* from Korea.**

Yang, Suh-Yung, Jong-Bum Kim and Jae-Heup Kim (Department of Biology, Inha University, Incheon 402-751, Korea)

A survey of electrophoretic variation in isozymes and general proteins encoded by 38 loci was conducted to estimate the degree of genic variation of *Misgurnus anguillicaudatus* and *M. mizolepis* from Korea and *Paramisgurnus dabryanus* from Taiwan. The degree of genic variation of *M. anguillicaudatus* ($P=34.20\%$, $H_o=0.099$, $H_e=0.114$), *M. mizolepis* ($P=35.55\%$, $H_o=0.141$, $H_e=0.148$) and *P. dabryanus* ($P=45.90\%$, $H_o=0.143$, $H_e=0.129$) were higher than the average values of other fresh water fishes formerly examined. The average genetic similarities among the populations in each species of *M. anguillicaudatus* and *M. mizolepis* were $S=0.838$ and $S=890$, respectively. The value of genetic similarity coefficients between *M. anguillicaudatus* and *M. mizolepis* ($\bar{S}=0.467$), and between *M. anguillicaudatus* and *P. dabryanus* ($\bar{S}=0.475$) were low, but the value between *M. mizolepis* and *P. dabryanus* ($\bar{S}=0.834$) suggests that they might be conspecific as mentioned by Cheng and Zheng (1987). Based on the estimated divergent time (Nei, 1975) of two species of the genus *Misgurnus* it is assumed that they were branched off about 3.5 million years before the present time.