

## 한국산 살치속(*Hemiculter*) 어류의 분자계통분류학적 위치

김맹진 · 이재성<sup>1</sup> · 송춘복<sup>2\*</sup>

국립수산과학원 아열대수산연구센터, <sup>1</sup>한양대학교 화학과, <sup>2</sup>제주대학교 해양의생명과학부

### Molecular Phylogenetic Status of Korean *Hemiculter* Species

Maeng Jin Kim, Jae-Seong Lee<sup>1</sup> and Choon Bok Song<sup>2\*</sup>

Subtropical Fisheries Research Center, National Fisheries Research & Development Institute, Jeju 690-192, Korea

<sup>1</sup>Department of Chemistry, Hanyang University, Seoul 133-791, Korea

<sup>2</sup>Department of Marine Biomedical Sciences, Jeju National University, Jeju 690-756, Korea

We investigated the molecular phylogeny and genetic differences among local populations of Korean *Hemiculter* fishes based on their mitochondrial cytochrome *b* gene sequences. Our results indicated that *Hemiculter leucisculus* populations in China were clearly divided into two groups. The first group (Group 1) included the populations of the Yangtze River and its surrounding areas (including the Qiantangjiang, Lingjiang, Jiulongjiang, and Minjiang rivers); the second group (Group 2) contained local populations from southern China (including the Nanliujiang, Zhujiang, Wanquanhe, Qianjiang, and Nanduijiang rivers). The Korean *Hemiculter eigenmanni* differed in its cytochrome *b* gene sequence by 0.6-1.0% from the Chinese *H. leucisculus* (Group 1), which inhabited the Yangtze River and its surrounding areas, suggesting they were phylogenetically close and likely to be the same species. The Korean *H. leucisculus* differed from the Chinese *H. leucisculus* (both Groups 1 and 2) by 8.1-9.5%, indicating a very distant phylogenetic relationship; however, the Korean *H. leucisculus* differed from *Hemiculter bleekeri* by only 0.5-0.7%, showing intraspecific nucleotide differences. We conclude that the taxonomic relationship between the Korean *H. leucisculus* and *H. bleekeri* requires further investigation using type specimens.

Key words: Korean *Hemiculter* fishes, Cytochrome *b* gene, Phylogenetic position

## 서론

살치속(Genus *Hemiculter*)은 강준치아과(Subfamily Cultrinae)에 속하는 어류로서 한국, 중국, 대만, 러시아, 베트남 등지에 분포하며, 우리나라에서는 *Hemiculter leucisculus* (살치)와 *H. eigenmanni* (치리), 2종이 서식한다고 알려져 있다(Kim et al., 2005). 이들 두 종의 어류 가운데 *H. leucisculus* (Basilewsky, 1855)는 한강과 임진강을 비롯하여 북한, 중국 및 대만 등에 분포하고, *H. eigenmanni* (Jordan and Metz, 1913)는 우리나라 고유종으로 금강의 남쪽에 위치하면서 서해와 남해로 흐르는 하천 및 거제도 등지에 분포하여 분포지역에 있어서 뚜렷한 차이를 보인다(Kim and Lee, 1986). 또한 이들은 복부 윙기연이 시작되는 위치나 측선비늘수와 새파수에 있어서도 형태적

인 차이를 보이고 있다. 즉 *H. leucisculus*는 복부 윙기연이 가슴지느러미 기저 후방보다 더 뒤쪽에서 시작하며, 측선비늘수는 43-50개, 새파수는 26-32개를 가지는 반면, *H. eigenmanni*는 복부 윙기연이 가슴지느러미 기저 사이에서 시작하며, 측선비늘수가 50-58개, 새파수는 17-21개를 갖는다(Kim and Lee, 1986). 그러나 중국의 상해(Shanghai), 북경부근(Chihli), 양쯔강(Yangtze river)에서 채집된 *H. leucisculus*의 경우 측선 비늘수가 50-53개를 나타냄으로써(Nichols, 1943) 우리나라에 서식하는 *H. eigenmanni*의 측선비늘수와 유사하여 *H. leucisculus*와 *H. eigenmanni*의 분류학적 관계에 대한 연구의 필요성이 대두되었다.

이와 관련하여 최근 Cho et al. (2012)는 중국의 *H. leucisculus*의 총모식(syntype)과 한국의 *H. eigenmanni* 완모식(holotype)

#### Article history;

Received 16 October 2013; Revised 17 January 2014; Accepted 23 January 2013

\*Corresponding author: Tel: +82. 64. 754. 3471 Fax: +82. 64. 756. 3493

E-mail address: cbsong@jejunu.ac.kr

Kor J Fish Aquat Sci 47(1) 072-078, February 2014

<http://dx.doi.org/10.5657/KFAS.2014.0072>

pISSN:0374-8111, eISSN:2287-8815

© The Korean Society of Fishereis and Aquatic Science. All rights reserved

Table 1. Species, sampling locality, number of individuals, and sources of nucleotide sequences of *Hemiculter* and 2 outgroup species examined in this study

Scientific name	Korean name	Sampling locality	No. of individuals	Accession No.	Map
<i>Hemiculter eigenmanni</i>	치리	Gunsan, Korea	5	KF760455 (present study)	1
		Hampyeong, Korea	2	KF760456 (present study)	2
		Sancheong, Korea	4	KF760457 (present study)	3
		Seocheon, Korea	4	KF760458 (present study)	4
		Yangpyeong, Korea	1	KF760459 (present study)	5
		Choongju, Korea	5	KF760460 (present study)	6
<i>Hemiculter leucisculus</i>	살치	Paju, Korea	5	KF760461 (present study)	7
		Qiantangjiang River, China	1	AY089715	8
		Lingjiang River, China	1	AY089716	9
		Yangtze River, China	1	AY089714	10
		Jiulongjiang River, China	1	AY089718	11
		Minjiang River, China	1	AY089717	12
		Zhujiang River, China	1	AY089713	13
		Qianjiang River, China	1	AY089711	14
		Nanduijiang River, China	1	AY089709	15
		Wanquanhe River, China	1	AY089710	16
		Nanlijiang River, China	1	AF494362	17
<i>Hemiculter bleekeri</i>			1	KF029693	
<i>Hemiculter krempfi</i>			1	KF029694	
<i>Cultrichthys erythropterus</i> *	강준치	Chungju, Korea	1	KF760462 (present study)	
<i>Culter brevicauda</i> *	백조어	Sancheong, Korea	1	KF760463 (present study)	

\* indicates outgroup species.

표본을 이용하여 형태학적 분석을 수행하였다. 이 결과, *H. eigenmanni*는 중국 양쯔강에서 채집된 *H. leucisculus* 총모식 표본과 형태적 차이 정도가 종 내의 변이수준을 보여 이들 두 종을 동종이명으로 보고하였으며, 한국산 *H. leucisculus*는 아가미 새파수에서 *H. eigenmanni*와 명확히 구분되기 때문에 추후 검토가 필요하다고 보고한 바 있다. 한편, Bogutskaya et al. (2008)는 사진만을 근거로 형태적인 분석 없이 한국산 *H. leucisculus*가 *H. bleekeri*와 동일종일 것으로 추정 보고했을 뿐 이와 관련한 추가적인 연구는 수행하지 않았다.

따라서 이 연구는 우리나라의 여러 수계에서 채집된 *Hemiculter*속 어류의 cytochrome *b* 유전자 염기서열과 기존에 NCBI에 등록되어 있는 중국산 *H. leucisculus*, *H. bleekeri* (Wrpa-chowski, 1887) 및 *H. krempfi* (Pellegrin and Chevey, 1938)의 동일유전자 염기서열 자료를 이용하여 한국과 중국에 분포하는 *H. leucisculus*와 한국 고유종으로 알려진 *H. eigenmanni*의 분자계통분류학적 관계와 채집지역을 달리한 개체들 간의 유전적 차이를 규명하고 이를 통해서 우리나라에 분포하는 치리의 기원을 알아보려 하였고, *H. leucisculus*와 *H. eigenmanni*의

형태분류학적 위치를 분자계통분류학적인 방법을 통하여 검증하고자 실시하였다.

## 재료 및 방법

### 재료

한국산 *Hemiculter*속 어류의 분자계통분류학적 관계를 조사하기 위해 *H. leucisculus* (살치)는 파주에서 5마리를 채집하였고, *H. eigenmanni* (치리)는 경기도 양평, 충북 충주, 충남 서천, 전북 군산, 전남 함평 및 경남 산청에서 총 21마리를 채집하였다. 그리고 중국산 *H. leucisculus* (AY089709-18), *H. bleekeri* (KF029693), *H. krempfi* (KF029694)의 유전자 서열은 NCBI database에 등록된 염기서열 자료를 이용하였다. 참조분류군 (outgroup)은 잉어과 어류의 계통수 작성을 통하여 같은 아과에 속하면서 분류학적으로 연구대상 분류군에 가까운 백조어 (*Culter brevicauda*)와 강준치(*Erythroculter erythropterus*)를 선정하여 이용하였다. 연구에 사용한 어류들의 채집위치는 Fig. 1에 나타내었으며, 이들의 학명, 채집지역과 개체수, GenBank

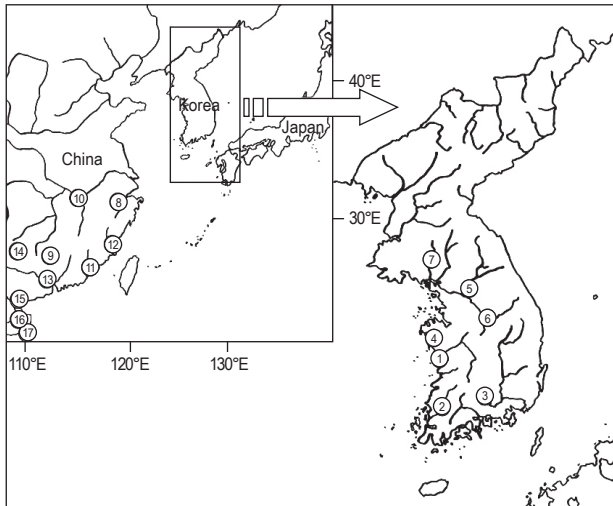


Fig. 1. Sampling sites of *Hemicuter* species. Numbers refer to the species shown in Table 1.

Accession No.는 Table 1에 나타내었다.

#### Total DNA 추출, PCR 증폭 및 염기서열 결정

Total DNA 추출은 시료로부터 25-50 mg의 간, 기저 근육조직이나 지느러미로부터 QIAamp DNA Mini Kit (QIAGEN Inc.)를 사용하여 수행하였다. PCR 증폭은 Glu-F3 (5'-ACC ACC GTT GT(A/T/C) (A/T/G/C)TT CAA CTA-3')와 Pro-R (5'-TAG AAT (T/C)(T/C)T (G/A)GC TTT GGG AG-3')을 사용하여 미토콘드리아 cytochrome *b* 유전자 전체를 PCR 증폭하였다(Kim and Song, 2011). PCR 반응 주기는 최초의 denaturing step을 위하여 94°C에서 2분 동안 1회 반응시키고, 이어서 94°C에서 45초, primer annealing을 위해 43°C에서 1분, primer extension을 위해 72°C에서 1분 30초의 반응 조건에서 총 30회 반복하였고, 최종적으로 72°C에서 7분 동안 마지막 extension을 실시하였다. PCR 산물은 Gel Extraction Kit (Takara Bio Inc., Japan)을 이용하여 정제한 후 pBluescript II SK(-) (Stratagene Co.) 벡터에 삽입하였다. Sequencing 반응은 ABI PRISM BigDye Terminator Cycle Sequencing Kits (Applied Biosystems)을 이용하여 Peltier Thermal Cycler (PTC-225. MJ Research Inc.)에서 수행되었으며, 염기서열결정 시에는 T3와 T7 primer를 사용하였다.

#### 자료 분석

이를 통해 얻은 자료는 DNAssist (version 2.2) 프로그램을 이용하여 다중 정렬하였다. 염기조성과 각 개체군 내 또는 개체군 사이의 유전자 차이는 MEGA 5.05 (Tamura et al., 2011) 프로그램으로 계산되었다. 계통수는 neighbor joining (NJ)와 maximum parsimony (MP) 및 maximum-likelihood (ML) 방법을 이용하였다. NJ 계통수 작성은 MEGA 5.05 (Tamura et

al., 2011)를 사용하였고 MP와 ML 계통수는 PAUP version 4.0b8 (Swofford, 1998)을 사용하여 작성되었다. NJ 계통수는 Kimura-two-parameter 진화모형을 사용하였고 ML 방법을 이용한 분석은 MODELTEST Version 3.06 (Posada and Crandall, 1998) 사용하여 분석 자료에 가장 적합한 진화모형을 선택한 후 실시하였다. 그리고 MP 방법에 의한 분석 시에는 heuristic search 방법으로 사용하였다. NJ 방법과 MP 방법으로 작성된 계통수의 internal node에 대한 신뢰성을 확인하기 위하여 10,000회의 bootstrapping (Felsenstein, 1985)을 실시하였다. ML 방법에 의한 분석 시 likelihood 조건들은 MODELTEST 결과에서 얻은 자료들을 사용하였다. 즉 염기조성(base composition)은 A=0.2546, C=0.2916, G=0.1541, T=0.2597을 사용하였으며, estimated transition/transversion 비율 11.5309과 함께 HKY+G 진화모형을 사용하여 실시하였다.

#### 형태형질 분석

한국산 *Hemicuter*속 어류의 형태형질의 특징을 알아보기 위하여 *Hemicuter leucisculus* (살치) 5마리와 *H. eigenmanni* (치리) 21마리를 대상으로 등지느러미, 가슴지느러미, 배지느러미, 뒷지느러미의 극조수와 연조수 그리고 새파수를 계수하여 이전 문헌과 비교하였으며, 계측과 계수 방법은 Hubbs and Lagler (2004) 방법을 따랐다.

## 결 과

#### 염기서열 조성 및 유전자 다형

*Hemicuter*속 어류의 분자계통분류학적 관계를 알아보기 위하여 연구대상 어류의 mitochondrial DNA에 위치하는 cytochrome *b* 유전자 전체 염기 서열을 다중 정렬한 후 분석하였다. 그 결과 cytochrome *b* 유전자는 일반적인 척추동물에서의 유전자 순서인 tRNA<sup>Glu</sup>-Cytb-tRNA<sup>Thr</sup>-tRNA<sup>Pro</sup>와 동일하였고 ATG 개시코돈(start codon)으로 시작하여 종결코돈(stop codon)으로 예상되는 마지막 염기(T)를 포함하여 1,141 bp였다. 마지막 염기 T를 제외한 1,140 bp의 염기서열은 944군데의 conserved site와 196군데의 variable site로 구성되었다. Variable site는 144개의 parsimony informative site를 포함하고 있었다. Mitochondrial cytochrome *b* 유전자의 염기조성은 G가 15.5%로 상대적으로 낮았으며, 나머지 T, C 및 A의 염기조성 (T: 27.7%, C: 28.4%, A: 28.4%)은 비슷한 양상을 보였다. 그리고 첫 번째와 두 번째, 세 번째 코돈 위치에서의 transversion에 대한 transition의 비율은 각각 4.0, 0, 13.2를 나타내어 위치에 따라 차이를 보였다.

*H. eigenmanni*, *H. leucisculus*, *H. bleekeri* 및 *H. krempfi*의 지역 개체간의 유전적인 차이를 *p*-distance와 염기서열 갯수로 나타낸 결과는 Table 2와 같다. 한국산 *H. eigenmanni* 지역 개체 사이의 염기서열 차이는 0-3 bp (*p*-distance=0.000-0.003)

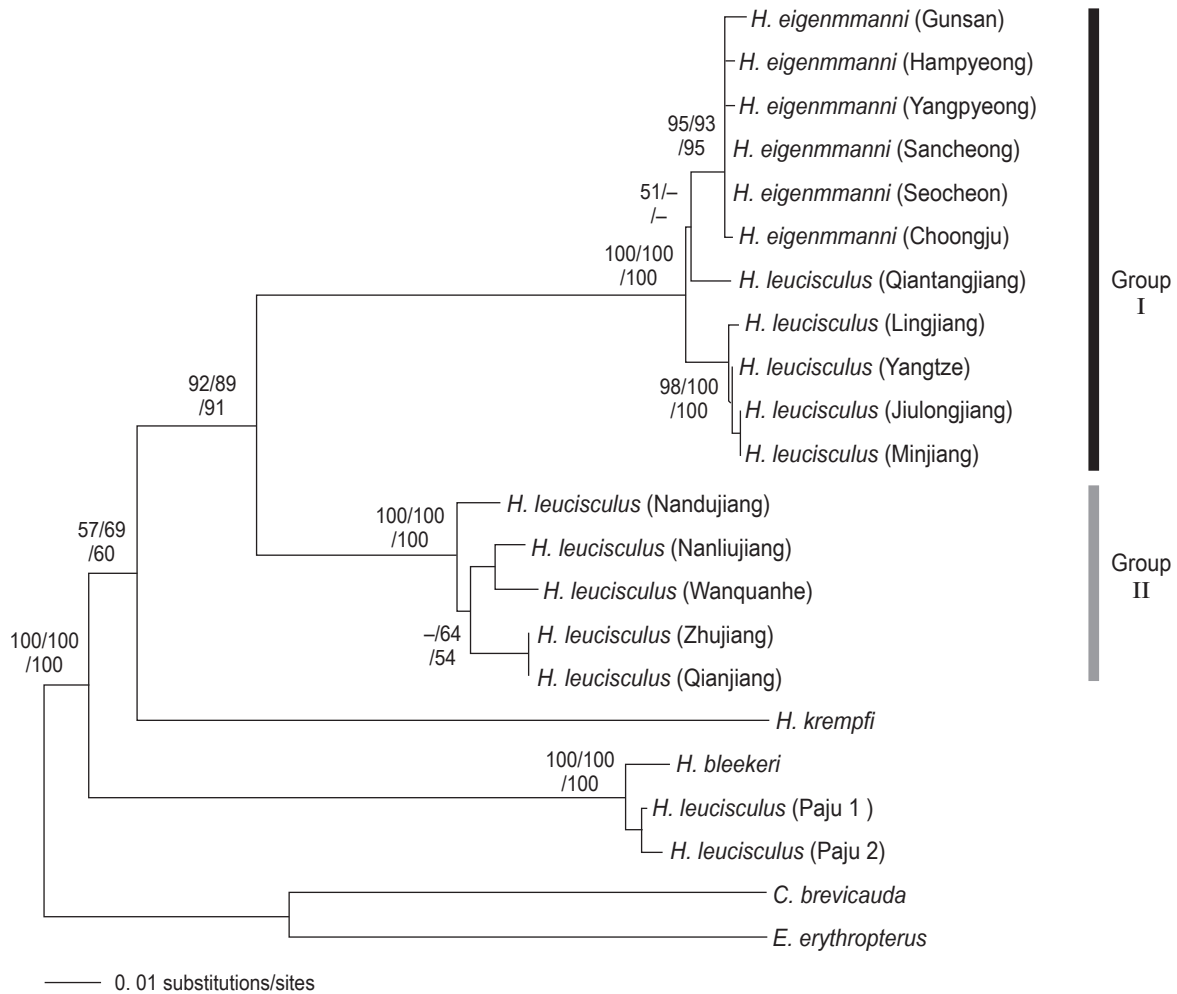


Fig. 2. Neighbor-joining (NJ) tree based on cytochrome *b* DNA sequences obtained from 4 species, 21 individuals of *Hemiculter* species and 2 outgroup species. The numbers at the left, middle and right of slash side were bootstrap values based on neighbor-joining, maximum parsimony and maximum likelihood method, respectively. Bootstrap values are displayed over 50% internal nodes.

로써 채집지역을 달리하는 개체 사이에 뚜렷한 유전적인 차이를 보이지 않았다. 또한 한국산 *H. eigenmanni*와 한국산 *H. leucisculus* 개체군간의 염기서열 차이는 104-109 bp ( $p$ -distance=0.091-0.096)를 보였다. 채집지역을 달리하는 중국산 *H. leucisculus*의 지역 개체 사이의 염기서열 차이는 0-71 bp였고  $p$ -distance는 0.000-0.071였다. 계통수에서 그룹 1을 구성하는 중국의 Qiantangjiang river, Lingjiang river, Yangtze river, Jilulongjiang river 및 Minjiang river에 서식하는 *H. leucisculus* 개체 사이의 염기서열 차이는 0-10 bp였고  $p$ -distance는 0.000-0.009였다. 그런데 이들 개체들과 한국산 *H. eigenmanni* 지역 개체들의 염기서열 차이가 7-11 bp ( $p$ -distance=0.006-0.010)를 나타냄으로써 염기서열 차이가 매우 적은 반면에 한국산 *H. leucisculus*의 지역 개체들과의 염기서열 차이는 102-108 bp

( $p$ -distance=0.083-0.095)로써 확연한 차이를 보였다. 계통수에서 그룹 2를 구성하는 Nanliujiang, Zhujiang, Wanquanhe, Qinjiang river 및 Nandujiang에 서식하는 중국산 *H. leucisculus* 개체들 사이의 염기서열 차이는 0-14 bp였고  $p$ -distance는 0.000-0.012였다. 이들 지역 개체군과 그룹 1을 구성하는 중국 5개 지역에서 채집된 개체들 간의 염기서열 차이는 66-71 bp였고  $p$ -distance는 0.058-0.062였다. 그리고 채집지역을 달리하여 채집된, 우리가 살치라고 부르는 한국산 *H. leucisculus* 개체들은 그룹 1에 속하는 중국산 *H. leucisculus* 개체군에 대해 102-108 bp ( $p$ -distance=0.091-0.095) 차이를, 그룹 2에 속하는 개체군에 대해 92-99 bp ( $p$ -distance=0.081-0.087)의 차이를 나타내는 반면, *H. bleekeri*와의 염기서열 차이가 6-8 bp ( $p$ -distance=0.005-0.007)를 나타냄으로써 유전학적인 면에서 중



Table 2. *p*-distance (lower-left) and nucleotide differences (upper-right) among populations or species of *Hemiculter* and outgroup species

Populations/Species	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22
Gunsan	(1)	3	3	2	3	2	107	109	69	11	11	11	9	10	68	68	70	67	109	110	122	129
Hampyeong	(2)	0.003	2	1	2	1	106	108	68	10	10	10	8	9	67	67	69	66	108	109	121	128
Yangpyeong	(3)	0.003	0.002	1	2	1	106	108	68	10	10	10	8	9	67	67	69	66	108	109	121	128
Sancheong	(4)	0.002	0.001	0.001	1	0	105	107	67	9	9	9	7	8	66	66	68	65	107	108	120	127
Choongju	(5)	0.003	0.002	0.002	0.001	1	104	106	68	10	10	8	8	9	67	67	69	66	106	109	119	126
Seocheon	(6)	0.002	0.001	0.001	0.000	0.001	105	107	67	9	9	9	7	8	66	66	68	65	107	108	120	127
Paju1	(7)	0.094	0.093	0.093	0.092	0.091	0.092	2	96	104	104	102	106	103	97	97	99	92	8	114	117	117
Paju2	(8)	0.096	0.095	0.095	0.094	0.093	0.094	0.002	98	106	106	104	108	105	99	99	99	94	6	114	117	117
Nanlijiang	(9)	0.060	0.060	0.060	0.059	0.060	0.059	0.084	0.086	70	70	70	68	69	9	9	7	8	99	84	118	109
Jiulongjiang	(10)	0.010	0.009	0.009	0.008	0.009	0.008	0.091	0.093	0.061	0	2	10	1	69	69	71	68	106	109	122	122
Minjiang	(11)	0.010	0.009	0.009	0.008	0.009	0.008	0.091	0.093	0.061	0.000	2	10	1	69	69	71	68	106	109	122	122
Lingjiang	(12)	0.010	0.009	0.009	0.008	0.007	0.008	0.089	0.091	0.061	0.002	0.002	10	1	69	69	71	68	104	109	120	122
Qiantangjiang	(13)	0.008	0.007	0.007	0.006	0.007	0.006	0.093	0.095	0.060	0.009	0.009	0.009	9	67	67	67	66	108	107	121	123
Yangtze	(14)	0.009	0.008	0.008	0.007	0.008	0.007	0.090	0.092	0.060	0.001	0.001	0.001	0.008	68	68	70	67	105	108	121	123
Zhujiang	(15)	0.060	0.059	0.059	0.058	0.059	0.058	0.085	0.087	0.008	0.060	0.060	0.060	0.059	0.060	0	14	13	100	89	121	123
Qianjiang	(16)	0.060	0.059	0.059	0.058	0.059	0.058	0.085	0.087	0.008	0.060	0.060	0.060	0.059	0.060	0.000	67	66	100	89	121	123
Wanquanhe	(17)	0.061	0.060	0.060	0.060	0.060	0.060	0.087	0.087	0.006	0.062	0.062	0.062	0.059	0.061	0.012	0.059	11	100	85	117	110
Nanduijiang	(18)	0.059	0.058	0.058	0.057	0.058	0.057	0.081	0.082	0.007	0.060	0.060	0.060	0.058	0.059	0.011	0.058	0.010	95	80	113	107
<i>H. breckeri</i>	(19)	0.096	0.095	0.095	0.094	0.093	0.094	0.007	0.005	0.087	0.093	0.093	0.091	0.095	0.092	0.088	0.088	0.088	0.0083	117	116	120
<i>H. krempfi</i>	(20)	0.097	0.096	0.096	0.095	0.096	0.095	0.100	0.100	0.074	0.096	0.096	0.096	0.094	0.095	0.078	0.078	0.075	0.070	0.103	121	119
<i>C. brevicauda</i>	(21)	0.107	0.106	0.106	0.105	0.104	0.105	0.103	0.103	0.103	0.107	0.107	0.105	0.106	0.106	0.106	0.103	0.099	0.102	0.106	86	
<i>E. erythropterus</i>	(22)	0.113	0.112	0.112	0.111	0.110	0.111	0.103	0.103	0.096	0.107	0.107	0.107	0.108	0.108	0.098	0.108	0.096	0.094	0.075	0.104	0.076

내 변이 수준으로 아주 낮았다.

### 분자계통분류학적 관계

NJ, MP 및 ML 방법을 이용하여 *Hemiculter*속 어류의 계통수를 작성하였으며 작성된 계통수는 Fig. 2에 나타내었다. 세 가지 서로 다른 방법을 이용하여 작성된 계통수는 모두 동일한 계통수 분지양상(tree topology)을 나타내었다. 작성된 계통수에서 한국산 *H. eigenmanni* 개체군은 한국산 *H. leucisculus* 개체군과 계통분류학적인 위치에서 명확한 차이를 나타낸 반면(Fig. 2), 지금까지 *H. eigenmanni*의 서식지로 알려진 군산, 함평(영산강), 서천(금강) 및 산청(낙동강) 지역뿐만 아니라 이전에 보고되지 않았던 양평, 충주(한강수계)에서 채집된 *H. eigenmanni* 지역개체들이 서로 매우 가깝게 묶여서 계통학적 차이는 거의 없었다. 계통수에서 중국산 *H. leucisculus*는 크게 두 개의 지역 개체군 집단, 그룹 1과 그룹 2로 나뉘어졌으며, 특히 중국의 양쯔강과 그 주변 지역(Lingjiang river, Yangtze river, Jiulongjiang river, Qiantangjiang river 및 Minjiang river)에서 식하는 중국산 *H. leucisculus*는 한국산 *H. eigenmanni* 개체군과 가깝게 묶여서 계통수 상에서 하나의 개체군 집단(그룹 I)

을 구성하였다. 한편 한국산 *H. leucisculus* 개체군은 중국산 *H. leucisculus*와 계통분류학적으로 명확한 차이를 보이는 반면, *H. bleekeri*에 매우 가깝게 묶여 분자계통분류학적으로 동일종으로 인식되었다.

### 형태형질 분석

한국산 *Hemiculter*속 어류의 형태형질의 중간 차이와 종내의 지역 개체군간의 차이, 그리고 개체변이를 알아보기 위해서 한국산 *Hemiculter*속 어류의 계수형질을 측정하여 이전 문헌과 비교하였다(Table 3). 그 결과, 비록 각각의 지느러미 극·연조수에서는 명확한 차이를 보이지 않았으나 산청, 함평, 양평, 서천, 군산 및 충주에서 채집된 총 21마리의 어류들은 측선비늘수 47-56개, 새파수 17-22개를 보이는 반면에, 파주에서 채집된 5마리의 어류는 측선비늘수 42-49개, 새파수 28-31개로 나타나서, 특히 새파수에 있어서 분명한 차이를 보였다. 따라서 기존에 알려져 있는 한국산 살치속 어류의 분류(Kim and Lee, 1986)에 의하면 형태적 특징에서 파주에서 채집된 개체는 *H. leucisculus*로, 그리고 그 외 지역에서 채집된 모든 개체들은 *H. eigenmanni*로 동정, 인식되어왔지만, 이들 두 종의 분류학적 위

Table 3. Comparison of morphological characters among *Hemiculter* species collected from Korea

Characters	<i>H. leucisculus</i>		<i>H. eigenmanni</i>	
	Kim and Lee (1986)	Present study	Kim and Lee (1986)	Present study
Number of specimen	113	5	260	21
Standard length (mm)	60.3-223.4	95.6-144.5	73.6-145.6	79.8-120.0
Counts				
Dorsal fin rays	III, 7	III, 7-8	III, 7	III, 7-8
Pectoral fin rays	-	II, 13-14	-	II, 13-14
Pelvic fin rays	-	I, 8	-	I, 8-9
Anal fin rays	III, 12-13	III, 12-14	III, 12-13	III, 12-13
Scales on lateral line	43-50	42-49	50-58	47-56
Gill rakers	26-32	28-31	17-21	17-22

치 및 학명의 사용에 대해서는 고찰에서 다루고 있다.

### 고찰

미토콘드리아 cytochrome *b* 유전자를 이용한 지역 개체군의 유전적 차이에 관한 연구는 많은 연구자들에 의해 수행되어 왔으며, 우리나라에서도 일부 어종을 대상으로 수행되었다. 예를 들면 우리나라의 서로 다른 수계에 서식하는 꺾지(*Coreoperca herzi*)는 최대 6.9-12.1%의 염기서열 차이가 있다고 보고한 바 있으며(Kim, 2004), 자가사리(*Liobagrus mediadiposalis*)의 지역 개체군 집단 간에는 4.4-5.7%의 염기서열 차이를 나타내었다(Kim et al., 2006). 후자의 경우 자가사리의 섬진강 개체군은 최근에 신종으로 보고된 바 있다(Park and Kim, 2010). 그리고 쉬리(*Coreoleuciscus splendidus*)는 우리나라 6개 지역 개체군 간에 0.1-1.8%의 염기서열 차이를 보였으며(Song and Park, 2006), 한국산 쏘가리(*Siniperca scherzeri*)는 0-0.64%의 차이를 보여 위에서 언급한 어류에 비해 지역 개체군 간에 상대적으로 작은 염기서열 차이를 갖는다(Kim and Song, 2011). 한편, 이 연구에서 한국산 *H. eigenmanni* (치리)는 6개 지역에서 유래된 지역 개체들 간에 0-0.3%의 염기서열 차이를 나타내어 지역개체들 간의 뚜렷한 차이는 없었다. 상대적으로 작은 염기서열 차이는 앞에서 언급한 한국산 쏘가리의 지역 개체군간의 차이와 유사하였으며, 한국산 *H. eigenmanni*의 분화역사가 상대적으로 짧은 것을 반영하는 것으로 생각된다.

어류의 분화시기를 추정하기 위하여 여러 연구자들은 분자시계(molecular clock)의 개념을 도입하여 잉어과 어류의 분화시간을 계산하였다(Sasaki et al., 2007; Zardoya and Doadrio, 1999). Zardoya and Doadrio (1999)는 잉어목 어류의 cytochrome *b* 유전자 염기서열을 이용한 연구에서 이 유전자의 진화속도를 백만 년 당 0.76%로 추정한 바 있다. 이를 토대로 분화시기를 계산하면 한국산 *H. leucisculus* (살치)와 *H. eigenmanni* (치리)의 분화는 약 1,200만년 전에 이루어진 것으로 추

정되며, 이 시기는 Miocene 중기에 해당된다. 그리고 한국산 *H. eigenmanni* 지역 개체군을 포함한 그룹 1과 그룹 2사이에는 염기서열 차이가 5.7-6.2%이기 때문에 이 그룹간의 분화 시기는 대략 750만년에서 800만년 전으로 Miocene 말기로 추정된다. 그룹 1 내에서 한국산 *H. eigenmanni* 지역개체군은 양쯔강 및 그 주변지역에 분포하는 중국산 *H. leucisculus* 지역 개체군과 0.6-1.0% 염기서열 차이를 보였으며 이를 바탕으로 대략 80만년부터 130만년 전에 분화된 것으로 추정되며 이 시기는 신생대 제 4기 pleistocene의 초기 빙하기로써 한반도와 중국대륙이 하천으로 연결됨으로써 중국의 양쯔강을 포함하는 주변 서식지로부터 중국산 *H. leucisculus* (한국산 치리와 동일종)의 분포지역이 확장되면서 우리나라로 유입된 것으로 생각된다.

한국산 *H. leucisculus* (살치)와 *H. eigenmanni* (치리)의 형태적인 차이는 측선비늘수와 새파수로 구분된다고 보고된 바 있다(Kim and Lee, 1986). 이 연구에서도 이전의 형태 연구 결과와 큰 차이가 없었으나 *H. eigenmanni*의 측선비늘수가 47-56개로, *H. leucisculus*의 42-49개 보다 많았지만 범위에서 서로 중첩되어 이를 이용한 명확한 종의 구분은 어려웠다. 하지만 새파수를 이용할 경우에는 이 두 종을 명확히 구분할 수 있었다 (Table 3).

중국 양쯔강에서 채집된 *H. leucisculus*의 총모식(syntype) 표본과 한국의 수원에서 채집된 *H. eigenmanni* 완모식(holotype) 표본을 이용하여 형태학적 비교분석을 수행한 결과, 이들 표본 사이에서 형태적인 차이가 없어 동일종이라고 보고하였으며(Cho et al., 2012), 우리의 연구 결과 형태학적 뿐만 아니라 분자계통분류학적으로도 Cho et al. (2012)의 결과를 뒷받침 해주었다. 그러나 중국 남부 *H. leucisculus* 개체군은 양쯔강 및 그 주변에 서식하는 *H. leucisculus* 개체군과 염기서열에 있어서 5.8-6.2%로 상당한 차이를 보이고 있기 때문에 이들 어류의 보다 세밀한 형태적 또는 유전학적 연구가 필요할 것으로 생각된다. 그리고 한국산 *H. leucisculus*는 계통수에서 중국산 *H. leucisculus* 개체군과 묶이지 않고 *H. bleekeri*와 아주 가깝게 묶였

을 뿐만 아니라 염기서열에 있어서도 종내 수준인 0.5-0.7%의 유전적 차이를 보여 동일종으로 인식되었다. 또한 Bogutskaya et al. (2008)은 형태의 비교분석 없이 비록 사진에 근거하였지만 한국산 *H. leucisculus*가 외부형태적으로 *H. bleekeri*와 매우 유사하여 동일종으로 추정할 바 있다. 따라서 한국산 *H. leucisculus*의 분류학적인 위치를 명확히 하기 위해서 모식표본(type specimen)을 대상으로 보다 세밀한 분류학적 재검토가 이루어져야 할 것으로 생각된다.

## References

- Basilewsky S. 1955. Ichthyographia Chinae borealis. Nouveaux mémoires de la Société impériale des naturalistes de Moscou 10, 215-263.
- Bogutskaya NG, Naseka AM, Shedko SV, Vasi'eva ED and Chereshev IA. 2008. The fishes of the Amur River: updated check-list and zoogeography. Ichthyol Expor Freshwaters 19, 301-366.
- Cho HG, Kim BJ and Choi Y. 2012. *Hemiculter eigenmanni* (Jordan and Metz, 1913), a junior synonym of *H. leucisculus* (Basilewsky, 1855) (Cypriniformes: Cyprinidae). Korean J Ichthyol 24, 287-291.
- Felsenstein J. 1985. Confidence limits on phylogenies: an approach using the bootstrap. Evolution 39, 783-791.
- Hubbs CL and Lagler KF. 2004. Fishes of the Great Lake Region. Revised Edition. The University of Michigan Press, U.S.A., xv+213.
- Jordan DS. and Metz CW. 1913. A catalogue of the fishes known from the water of Korea. Mem Carneg Mus 6, 21-22.
- Kim IS, Choi Y, Lee CL, Lee YJ, Kim BJ and Kim JH. 2005. Illustrated Book of Korea Fishes. Kyohak, Seoul, Korea, 1-615.
- Kim IS and Lee CL. 1986. Scientific name and identification of two species of genus *Hemiculter* (Cyprinidae) in Korea. Korean J Limnol 19, 11-17.
- Kim MJ. 2004. Origin and biogeography of the Korean perch (*Coreoperca herzi*) and its relatives based on phylogenetic approach with cytochrome *b* DNA sequences. M.S. Thesis, Cheju Natl Univ, Korea.
- Kim MJ, Han SH, Yang HY, Jo MR, Chung SC and Song CB. 2006. Evolutionary relationship of *Liobagrus mediadiposalis* (Teleostei: Amblycipitidae) populations in Korea inferred from cytochrome *b* DNA sequences. Korean J Ichthyol 18, 329-338.
- Kim MJ and Song CB. 2011. Origin of the Korean mandarin fish, *Siniperca schezeri* and its molecular phylogenetic relationships to other *Siniperca* fishes. Korean J Ichthyol 23, 95-105.
- Nichols JT. 1943. The fresh-water fishes of China. American Mus Natural, 132-134.
- Park JY and Kim SH. 2010. *Liobagrus somjinensis*, a new species of torrent catfish (Siluriformes: Amblycipitidae) from Korea. Ichthyol Explor Freshwaters 21, 345-352.
- Pellegrin J and Chevey P. 1938. Description d'un Cyprinidé nouveau de l'Annam appartenant au genre *Hemiculter*. Bulletin de la Société Zoologique de France 63, 18-19.
- Posada D and Crandall KA. 1998. Modeltest: testing the model of DNA substitution. Bioinformatics 14, 817-818.
- Sasaki T, Kartavsev YP, Chiba SN, Uematsu T, Sviridov VV and Hanzawa N. 2007. Genetic divergence and phylogenetic independence of Far Eastern species in subfamily Leuciscinae (Pisces: Cyprinidae) inferred from mitochondrial DNA analyses. Genes Genet Syst 82, 329-340.
- Song HB and Park GM. 2006. A molecular genetic variation among intra-populations of Korean shiner, *Coreoleuciscus splendidus* Mori (Cyprinidae). Korean J Ichthyol 18, 78-86.
- Swofford DL. 1998. PAUP: phylogenetic analysis using parsimony, version 4.0b8, Sinauer Associates, Sunderland, Massachusetts, U.S.A.
- Tamura K, Peterson D, Peterson N, Stecher G, Nei M and Kumar S. 2011. MEGA5: Molecular Evolutionary Genetics Analysis using Maximum Likelihood, Evolutionary Distance, and Maximum Parsimony Methods. Mol Bio Evol 28, 2731-2739.
- Warpachowski NA. 1888. Über die Gattung *Hemiculter* Bleek. und über eine neue Gattung *Hemiculterella*. Bulletin de l'Académie Impériale des Sciences de St. Pétersbourg 2, 13-24.
- Zardoya, R and Doadrio I. 1999. Molecular evidence on the evolutionary and biogeographical patterns of European Cyprinids. J Mol Evol 49, 227-237.