

碩士學位論文

한국 고유종인 꺾지(*Coreoperca herzi*)와 그 근연종의
기원과 지리적 분포에 관한 분자계통진화적 연구



濟州大學校大學院

海洋生物工學科

金孟辰

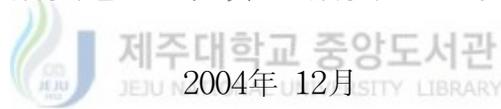
2004年 12月

한국 고유종인 꺾지(*Coreoperca herzi*)와 그 근연종의
기원과 지리적 분포에 관한 분자계통진화적 연구

指導教授 宋 春 福

金孟辰

이 論文을 理學碩士 論文으로 提出함



2004年 12月

金孟辰의 理學碩士 論文을 認准함

審査委員長 허 문 수 (인)

委 員 여 인 규 (인)

委 員 송 춘 복 (인)

濟州大學校 大學院

2004年 12月

Origin and Biogeography of the Korean Perch (*Coreoperca herzi*) and Its Relatives Based on Phylogenetic Approach with Cytochrome *b* DNA Sequences

Maeng-Jin Kim

(Supervised by professor Choon Bok Song)



A thesis submitted in partial fulfillment of the requirement for the degree of Master of Science

Department of Marine Biotechnology
GRADUATE SCHOOL
CHEJU NATIONAL UNIVERSITY

Dec. 2004

목 차

Abstract	i
I. 서 론	1
II. 재료 및 방법	3
1. 시료	3
2. Tatal DNA 추출	3
3. PCR 증폭	6
4. PCR 산물의 cloning	6
5. 염기서열 결정 및 자료 분석	7
6. 형태형질 측정.....	7
III. 결 과	8
1. Cytochrome <i>b</i> 유전자의 염기구성, 구성 편차 및 염기 치환	8
2. 염기서열의 진화	14
3. 지역별 각 개체 또는 개체군간의 염기서열과 variable site 차이.....	15
4. 포화도 분석	20
5. 계통분석	23
6. 형태형질	25
IV. 고 찰	30
V. 요 약	33
VI. 참 고 문 헌	35
감사의 글	40

Abstract

Coreoperca herzi is a native species of Korea and its distribution is nation-wide. *Coreoperca kawamebari* is distributed at the south-western area of Korean peninsular and the western part of Japan. *Siniperca schezeri* inhabits a wide range of freshwater habitats of Korea and China. Although sinipercid fishes are popular in the Far-East Asia and some species are important for commercial fisheries or sport fishing, a few studies on their relationships have been conducted so far. Thus, this study has performed to understand phylogenetic relationships among sinipercid fishes using mitochondrial cytochrome *b* DNA sequences. Based on our results and fossil records, the time of speciation and genetic separation among populations within species was estimated. Morphological differences between populations were also investigated to understand how much genetic difference can affect the morphology in *C. herzi* and *S. schezeri*.

The complete cytochrome *b* DNA sequences were 1,141 bp in length, which began with the start codon ATG and ended with the stop codon TAA. Also, it was inferred to have an ORF of 380 amino acids encoding a subunit of the cytochrome *bc*₁ complex.

From the pairwise comparison of nucleotides, maximum nucleotide difference among the cytochrome *b* genes was 138 bp (12.1%) in *C. herzi*, 106 bp (9.3%) in *C. kawamebari*, 61 bp (5.3%) in *S. schezeri*, and 4 bp (0.4%) in *Siniperca chuatsi*. These genetic differences may be a causative factor for some morphological polymorphisms between populations or strains of *C. herzi* and *S. schezeri*. *C. herzi* seemed to be influenced in its number of dorsal fin spines, dorsal fin rays, pectoral fin spines, anal fin rays and caudal fin rays, while *S. schezeri* appeared to be affected in its number of dorsal fin spines and gill rakers.

With 126 individuals of sinipercid fishes and 6 outgroup species, phylogenetic trees were constructed based on the distance-based method. As a result, the monophyly was inferred in the genus *Coreoperca*, and in the genus *Siniperca* as well. However, sinipercid fishes appeared to be not monophyletic group due to phylogenetic position of *Nippon spinosus*. Although *N. spinosus* was a sister taxon to the genus *Siniperca*, their relation was supported by a low bootstrap value (46%). Thus, the relationship between *N. spinosus* and sinipercid fishes need to be

further investigated with more related species.

On the other hand, Korean native species of *C. herzi* can be divided into three genetically distinct populations (monophyletic group or clade in phylogenetic tree) due to the long period of geographical isolation. These three populations were called as "Han-river strain," "Nakdong-river strain," and "Youngsan-river strain." According to our results and previous fossil records, we think that the ancestor of *C. herzi* began to be genetically separated by Taebak and Sobak Mountain ranges around the middle of Miocene and was further separated by Noroeng Mountain range during the late Miocene. Korean and Japanese population of *C. kawamebari* began to be isolated each other during the early period of late Miocene. Korean and Chinese populations of *S. schezeri* were genetically isolated each other from the period of late Miocene or early Pliocene. In conclusion, the early invasion of freshwater fish to Korean peninsula occurred much earlier than the ice age of geological time and the present freshwater fish fauna in Korea is likely to be the result of multiple invasion events by different taxonomic group of fish.



I. 서론

농어목(Order Perciformes)은 척추동물목 중에서 가장 큰 분류그룹으로서, 전세계적으로 18아목(Suborder), 148과(Family), 1,496속(Genus), 9,293종(Species)이 포함되어 있고(Nelson, 1994), 국내에 분포하는 담수어는 9과 42종이 보고되어 있다(Kim, 1997). 특히, 농어목 중 꺾지과(Family Centropomidae) 어류는 두개의 아과에 3속(*Centropomus*, *Lates* 및 *Psammoperca*), 약 22종으로 이루어지고 있다. 이 어류는 담수와 해수에 서식하며 대서양, 인도양 및 태평양과 아프리카의 담수에 분포한다. 꺾지속(*Coreoperca*)과 쏘가리속(*Siniperca*)은 한국, 중국, 일본 등 아시아의 담수역에 분포하며 centropomid 계통에 포함시키고 있으나(Nelson, 1994), Roberts (1993)는 이들 2개 속을 Family Sinipercaidae에 포함 시켰다. 따라서 *Coreoperca* 와 *Siniperca*의 분류학적 위치는 앞으로 검토되어야 할 과제이다. 이들 속(Genus) 가운데 꺾지속에는 꺾지(*C. herzi*)와 꺾저기(*C. kawamebari*) 두 종, 그리고 쏘가리속에는 쏘가리(*S. scherzeri*) 한 종만이 국내에 분포한다(Chyung, 1977). 중국에는 꺾지속 어류 다섯 종과 쏘가리속 어류 다섯 종이 분포하고(Cheng and Zheng, 1987), 일본에는 꺾지속인 꺾저기 한 종만이 분포한다(Masuda et al., 1984). 꺾지는 한국 특산종으로서 낙동강에서 압록강까지 우리나라의 여러 수역에 서식하며 꺾저기는 우리나라의 탐진강, 거제도(Hwang and Choi, 1995) 뿐만 아니라 일본의 동경, 후지산 및 산양의 유라강, 큐슈의 지쿠센 상류 등 여러 하천에 분포하여 5-6월에 산란하는 것으로 알려져 있다(Chyung, 1977; Jeon, 1986).

Sinipercaid 어류에 관한 연구는 한국산 꺾지의 산란습성 및 초기생활사(Han et al., 1988), 꺾지의 종묘생산(Han et al., 1999), 북한강 꺾지의 생식소 연구(Gye et al., 1997), 한국산 꺾저기의 산란습성 및 초기생활사(Han et al., 2000), 쏘가리의 초기 생활사에 관한 연구(Lee et al., 1988) 등이 있으며 계통분류학적 연구에서는 RAPD를 통한 분석(Park, 2001), 생화학적 방법(Toshio and Jeon, 1996) 및 cytochrome *b* 유전자 염기서열을 이용한 분석(Shirai, 2003) 등이 보고되고 있다.

특히, 계통분류학적 연구에 있어서, 계통발생적 기원이 다르지만 오랜 기간동안 격리된 환경에서 서식하면서 구조나 기능이 유사해지는 수렴진화(convergent evolution)의 경우 형태학적으로 종을 분류하는데 많은 어려움이 있다. 그렇기 때문에 형태학적 분류의 한계를 극복하기 위하여 분자형질인 염기서열, 동위효소 및 세포유전학적 성질을 이용한 분석 방법을 이용하고 있다(Song et al., 1998; Toshio and Jeon, 1996; Bang et al., 2001).

Mitochondrial DNA는 핵 유전자와 다른 독립된 자체의 유전자 서열을 갖고 있으며, 핵 유전자에 비해 상대적으로 빠른 속도로 진화하고 모계유전으로 인해 일반적으로 유

전자 재조합이 일어나지 않기 때문에 계통분류학 연구에 많은 이점을 가지고 있다. 이러한 mitochondrial DNA는 16-17kb 크기로(Inoue et al., 2001) 핵 DNA보다 작고 단순한 구조이며 mitochondrial DNA 내의 cytochrome *b* (Song et al., 1998), rRNA (Apostolidis et al., 2001), control region (Alarcón et al., 2004) 등을 계통 분류학적 형질로 사용되고 있다. 특히 cytochrome *b*는 모든 척추동물의 mitochondrial DNA내의 tRNA^{Glu}와 tRNA^{Thr} 사이에 존재하며 염기서열 또한 보존적 영역과 변이영역을 동시에 보유하고 있을 뿐만 아니라 척추동물에서 가장 광범위하게 알려져 있어, 유전자 염기서열분석을 이용한 계통진화적 연구에 활발히 이용되고 있다(Song et al., 1998; Johns and Avise, 1998).

우리나라는 지역적인 특성상, 크고 작은 산맥으로 인해 짧고 좁은 하천들이 많이 형성되어 있어 각기 독특한 지리적 특성들을 갖고 있다. 이러한 환경에서 서식하는 담수어류는 오랜 시간 지리적인 고립에 의한 종의 분화나 유전적인 다양성을 나타내며 생물 지리학적 분포 등에 있어 지표생물로서 중요한 역할을 할 것으로 생각된다. 이들 중 꺾지는 우리나라 고유종일 뿐만 아니라 전국적으로 고루 분포하고 있어 지표생물로서 매우 중요한 위치를 차지하고 있다. 그럼에도 불구하고 꺾지는 환경오염으로 인하여 감소를 보이고 있으며 최근에 들어 종 보존 및 자원 조성을 위해 방류 사업을 실시하고 있다. 그러나 이러한 방류 사업이 지역적으로 현저한 특징을 나타내는 담수 어류의 유전자 pool에 영향을 주어 유전자의 교란을 가져올 수 있다. 따라서 이 연구는 지역별 꺾지의 유전적 특성을 알아보기 위하여 미토콘드리아 DNA내의 cytochrome *b* 유전자를 대상으로 하여 꺾지와 그 근연종간의 계통진화적관계 정립 및 종 내의 유전자 변이를 분석하고 그 결과와 형태형질의 관계를 조사하는 한편, 이들 어류의 종분화 경로를 구명하였고, 우리나라 담수어류의 기원에 대한 새로운 이론을 제시함과 동시에 지리적 분포구계(distributional districts)에 대한 분자계통진화적인 고찰을 실시하였다.

II. 재료 및 방법

1. 시료

연구에 사용된 꺾지(*Coreoperca herzi*)는 경기도 홍천(홍천강); 강원도 양양; 전라남도 곡성(섬진강), 화순(영산강); 충청남도 금산(금강); 경상북도 청송(용전천), 경상북도 울진(왕피천), 구미, 군위(군위천), 성주; 경상남도 산청(경호강), 밀양(밀양강); 울산광역시 울주(태화강)에서 채집하였다.

쏘가리(*Siniperca scherzeri*)는 우리나라의 경기도 파주(임진강), 충청남도 금산(금강), 전라남도 곡성(섬진강), 경상북도 구미, 경상남도 산청에서 채집하였고, 중국의 경우 청도와 단둥 지역의 표본을 사용하였다. *Siniperca chuatsi*는 중국 베이징에서 구한 표본을 사용하였다.

꺾저기(*Coreopeca kawamebari*)는 전라남도 탐진강에서 채집하였고 일본산 꺾저기와 *Coreoperca whiteheadi*는 GenBank의 data를 사용하였다. Outgroup으로 사용된 *Niphon spinosus*와 *Epinephelus awoara*는 제주도에서 채집하였으며 *Lateolabrax japonicus*, *Beryx splendens*, *Centropomus undecimalis* 및 *Malakichthys wakiyae*는 GenBank의 sequence data를 사용하였다. 이들 사용시료의 채집위치는 Fig. 1에 그리고 사용마리수와 GenBank Accession No. 그리고 학명은 Table 1에 나타내었다.

2. Total DNA 추출

25-50 mg의 간, 기저 근육조직이나 지느러미로부터 QIAamp DNA Mini Kit (QIAGEN Inc.)를 이용하여 total DNA 시료를 추출하였다. DNA의 농도는 분광광도계 (HeLios β , Unicam Ltd. UK)를 이용하여 260 nm에서 흡광도를 측정하여 확인하였고, DNA의 순도는 분광광도계에서 260 nm와 280 nm에서의 흡광도를 측정함으로써 확인하였다.

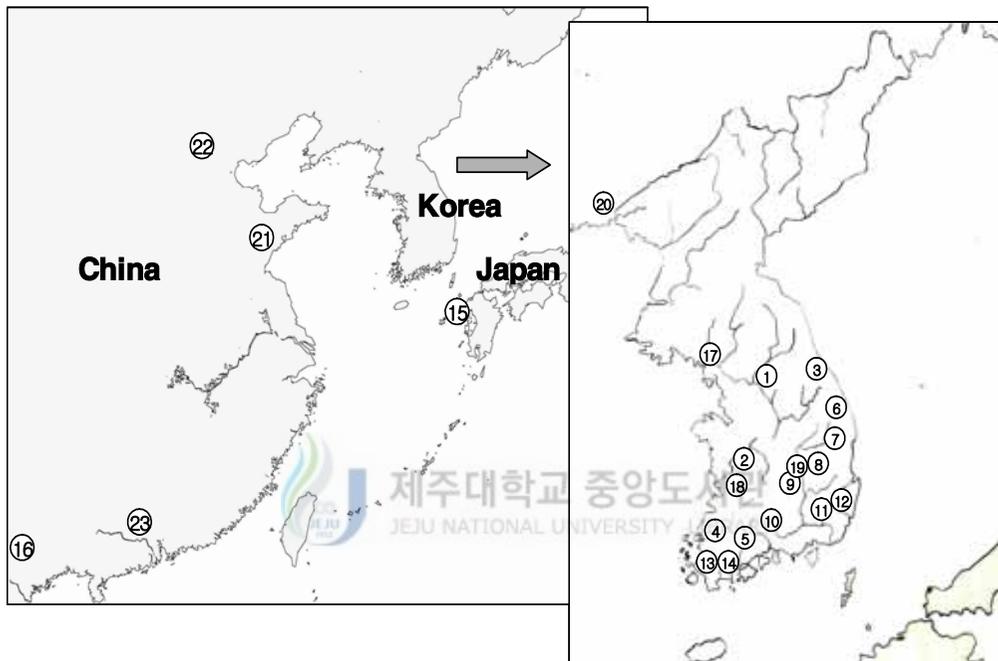


Fig. 1. Sampling sites of sinipercid fishes. Numbers refer to species shown in Table1. Outgroups are not shown on the map.

Table 1. Species, sampling locality and number of sinipercid fishes to be examined

Species	Abbreviated species name	Sampling locality	No. of Individuals	GenBank accession No.	Map
<i>Coreoperca herzi</i>		Hongcheon, Korea	8		1
<i>Coreoperca herzi</i>		Keumsan, Korea	13		2
<i>Coreoperca herzi</i>		Yangyang, Korea	6		3
<i>Coreoperca herzi</i>		Gokseong, Korea	4		4
<i>Coreoperca herzi</i>		Hwasun, Korea	6		5
<i>Coreoperca herzi</i>	C_her	Uljin, Korea	2		6
<i>Coreoperca herzi</i>		Cheongsong, Korea	32		7
<i>Coreoperca herzi</i>		Gunwi, Korea	3		8
<i>Coreoperca herzi</i>		Gunmi, Korea	1		19
<i>Coreoperca herzi</i>		Seongju, Korea	5		9
<i>Coreoperca herzi</i>		Sancheong, Korea	10		10
<i>Coreoperca herzi</i>		Miryang, Korea	6		11
<i>Coreoperca herzi</i>		Ulju, Korea	6		12
<i>Coreoperca kawamebari</i>		Tamjin, Korea	6		13
<i>Coreoperca kawamebari</i>	C_kaw	Jangheung, Korea	1	AB108487	14
<i>Coreoperca kawamebari</i>		Fukuoka, Japan	1	AB108486	15
<i>Coreoperca whiteheadi</i>	C_whi	Guangxi, China	1	AB108488	16
<i>Siniperca scherzeri</i>		Paju, Korea	1		17
<i>Siniperca scherzeri</i>		Keumsan, Korea	1		2
<i>Siniperca scherzeri</i>		Jeonju, Korea	1	AB108490	18
<i>Siniperca scherzeri</i>	S_sch	Goksenong, Korea	1		4
<i>Siniperca scherzeri</i>		Sancheong, Korea	4		10
<i>Siniperca scherzeri</i>		Gumi, Korea	1		19
<i>Siniperca scherzeri</i>		Dandong, China	2		20
<i>Siniperca scherzeri</i>		Cheongdo, China	3		21
<i>Siniperca chuatsi</i>	S_chu	Beijing, China	2		22
<i>Siniperca chuatsi</i>		Guangdong, China	1	AF475158	23
<i>Lateolabrax japonicus</i> *	L_jap	Kyushu, Japan	1	AB108492	
<i>Niphon spinosus</i> *	N_spi	Jeju, Korea	1		
<i>Epinephelus awoara</i> *	E_awo	Jeju, Korea	1		
<i>Beryx splendens</i> *	B_spl	Fukuoka, Japan	1	AB108491	
<i>Centropomus undecimalis</i> *	C_und		1	AF240739	
<i>Malakichthys wakiyae</i> *	M_wak	Nagasaki, Japan	1	AB108495	

* indicates outgroup species.

3. PCR 증폭

Cytochrome *b* 유전자의 주변부 tRNA 서열에 기초하여 꺾지와 쏘가리는 forward primer (Glu-F1, 5'-CCA CCG TTG T(T/C)(G/A) TTC AAC TAC-3')와 reverse primer (Thr-R1, 5'-CCG (G/A)(T/C)T TAC AAG A(T/C)(T/C) GGC GTT C-3')를 이용하였고 꺾저기는 forward primer (Glu-F, 5'-CTT GT(A/T/C) (A/G)TT CAA CTA CAA (A/G)AA-3')와 reverse primer (Pro-R, 5'-TAG AAT (C/T)(C/T)T (A/G)GC TTT GGG AG-3')를 이용하여 PCR (Polymerase Chain Reaction)을 통해 전체 cytochrome *b* 유전자를 증폭하였다.

PCR 반응은 약 0.1-0.3 μg 의 genomic DNA 5 μl , 10 μM 의 각각의 primer (forward primer, reverse primer) 5 μl , 10 \times reaction buffer (Takara Co.) 5 μl , 2.5 mM의 각각의 dNTP (Takara Co.) 5 μl 와 1-2 unit의 Ex *Taq* polymerase (Takara Co.)를 초순수를 이용하여 최종 volume이 50 μl 가 되도록 한 후에, PCR 반응시 반응물의 증발을 막기 위해 1-2 방울의 mineral oil을 첨가하여, Programmable Thermo Controller (RTC-100, MJ Research Inc.)에서 반응시켰다. PCR 반응주기는 최초 denaturing step에서 94 $^{\circ}\text{C}$ 에서 2분 동안 1회 반응시키고, 이어서 반복주기로서 94 $^{\circ}\text{C}$ 에서 45초, primer annealing을 위해 48 $^{\circ}\text{C}$ 에서 1분, primer extension을 위하여 72 $^{\circ}\text{C}$ 에서 1분 30초씩 총 30회의 반복주기를 주었고, 최종적으로 72 $^{\circ}\text{C}$ 에서 7분 동안 마지막 extension을 실시하였다. 1 \times TAE buffer에 0.5 $\mu\text{g}/\text{ml}$ ethidium bromide가 첨가된 0.8% agarose (Agarose LE, Promega Co.) gel에 PCR 증폭 산물과 1-Kb DNA ladder (Takara Co.)를 동시에 loading하여 밴드 크기를 비교한 후 유전자를 확인하였다.

4. PCR 산물의 Cloning

PCR 산물의 cloning을 위한 숙주와 벡터로서 각각 대장균의 XL1-blue 균주와 pBluescript II SK(-) (Stratagene Co.)를 사용하였다.

37 $^{\circ}\text{C}$ 에서 2시간 동안 제한효소 *Hinc*II를 이용하여 2.5 μg 의 pBluescript II SK(-) 벡터를 절단한 후에, High Pure PCR Product Purification Kit (Roche Molecular Biochemicals Co.)를 이용하여 제조사의 방법에 따라 벡터를 정제하였다.

정제한 벡터는 agarose gel 상에서 그 농도를 측정하였으며, ligation은 *Hinc*II로 절단된 1 μl 의 pBluescript II SK(-) 벡터, 3 μl 의 insert DNA, 1 μl 의 10 \times ligation buffer와 1 unit의 T4 DNA ligase (Takara Co.)를 넣고 초순수 증류수를 사용하여 최종 volume 10 μl 가 되도록 한 후에 16 $^{\circ}\text{C}$ 에서 18시간 동안 반응시켰다. Ligation된 산물을

XL1-blue competent cell과 함께 새로운 eppendorf tube에 넣어서 42°C에서 1분 30초 동안 heat shock을 가한 후에, 항온수조에서 37°C, 30분 동안 그 혼합물을 배양하였다.

형질전환한 cell은 50mg/ml ampicillin, 2% X-gal과 1M IPTG가 함유된 LB (Luria-Bertani) plate에 도말하여 37°C에서 16시간 배양하였다. 배지에서 확실한 white colony를 선별하여 ampicillin이 들어있는 LB broth 배지에서(37°C) 항온교반기(shaking incubator)를 이용하여 16시간 배양한 후 Standard Mini Plasmid Isolation Kit (Mo Bio Inc.)를 이용하여 plasmid DNA를 분리하였다.

Plasmid DNA를 0.8% agarose gel에 loading하여 cloning과 형질전환이 성공적으로 이루어졌는지를 확인하기 위해서 제한 효소 *Pst*I과 *xho*I를 사용하여 절단 후 예상크기의 insert 유무를 확인하였다.

5. 염기서열 결정 및 자료 분석

Cloning을 통해 얻은 재조합 plasmid DNA를 시료의 sequencing은 위해 마크로젠에 의뢰하여 실시하였다. 염기서열결정시 T3와 T7 primer를 사용하였으며, 이를 통해 얻은 자료는 DNAssist (version 2.2) 프로그램을 이용하여 다중 정렬하였다.

염기조성, 상호비교(pairwise comparisons)를 위한 염기치환 양상, codon usage 및 각 개체·개체군의 유전자 차이는 MEGA 3.0 (Kumar et al., 2004) 프로그램으로 계산되었다.

각 codon 위치에서 Kimura 2-parameter 모델로 계산된 distance에 대한 transition 변이와 transversion 변이수를 plotting함으로써 포화도(level of saturation)를 추정하였으며, 분석은 모든 codon 위치에 있어서의 transition과 transversion을 이용하여 이루어졌다. 계통수는 distance 방법으로 neighbor joining tree를 작성하였으며, MEGA 3.0 (Kumar et al., 2004) 프로그램을 이용하였다.

6. 형태형질 측정

Sinipercid 어류인 꺾지와 쏘가리의 형태형질을 알아보기 위해 계수형질을 측정하였다. 계수형질로 등, 가슴, 배, 뒷지느러미 및 꼬리지느러미의 극조수와 연조수 그리고 새파수를 계수하였으며, 척추골수는 개체를 autoclave 시킨 후 계수하였다. 또한 쏘가리의 계측형질은 vernier caliper를 이용하여 1 mm까지 조사하였다. 형태형질 조사는 Hubbs and Lagler (1964) 및 Nakabo (1993)의 방법을 따랐다.

Ⅲ. 결과

1. Cytochrome *b* 유전자의 염기조성, 구성 편차 및 염기 치환

Sinipercid 어류의 분자계통학적 분석을 위해 사용된 11종 132미의 mitochondrial DNA 내의 cytochrome *b* 유전자 전체 염기서열을 확인하였다.

그 결과 조사된 이들 미토콘드리아 DNA의 부분적인 순서는 일반적인 척추동물의 유전자 순서인 tRNA^{Glu} - Cytb - tRNA^{Thr} - tRNA^{Pro} 와 동일하였다.

Mitochondrial cytochrome *b* 유전자의 염기서열에 있어서 codon usage와 염기조성과 편차는 Table 2와 Table 3에 나타내었다. 조사 결과 전체적으로 낮은 G(Guanine) 염기 조성(15.3%)과 거의 균일한 나머지 T(Thymine), C(Cytosine) 및 A(Adenine)의 염기 조성(T: 28.8%, C: 32.0%, A: 24.0%)을 보여주고 있다. 그리고 지금까지 연구(Meyer, 1993; Song et al., 1998; Allegrucci et al., 1999)된 어류에서처럼 codon의 첫 번째 위치에서 균일한 염기조성이 보이는 반면 codon의 두 번째와 세 번째 위치에서들은 다른 염기들에 비하여 G 염기조성이 상대적으로 낮은 값을 보였다(first: 26.5%, second: 13.5%, third: 5.8%). 또한 codon의 첫 번째 위치에서 계산된 편차는 두 번째와 세 번째 위치에서의 편차보다 작았으며(all: 0.143, first: 0.043, second: 0.221, third: 0.299), 이러한 경향은 percid 어류들에서도 보고(all: 0.139, first: 0.045, second: 0.217, third: 0.227; Song et al., 1998)와 대체로 유사하였다. Codon의 두 번째 위치의 T염기조성과 세 번째 위치의 C염기조성이 다른 염기보다 높은 값을 나타내었다(T: 40.4%, C: 43.1%).

Table 4는 수계별 껍지의 염기조성을 나타내었다. 전체 염기조성을 수계별로 비교해보면 곡성과 화순을 포함하는 영산·섬진 수계(T: 28.5%, C: 32.5%)와 청송, 울진, 구미, 군위, 산청 성주, 밀양, 울주 등을 포함하는 낙동강 수계(T: 28.5%, C: 32.4%)는 홍천, 금산 및 양양을 포함하는 한강·금강 수계(T: 30.5%, C: 30.3%)에 비해 약간 다른 염기조성을 보였다. 코돈 위치별로 비교할 경우 특히, 세 번째 코돈 위치에서 영산·섬진 수계(T: 21.2%, C: 44.4%)와 낙동강 수계(T: 21.3%, C: 44.2%)는 한강·금강 수계(T: 26.4%, C: 35.3%)에 비해 크게 다른 염기조성을 보였다. 이 경우 강원도 양양은 북한강 상류지역에서 이주한 것으로 보고(Jeon, 1980; 1986)되고 있어, 한강·금강 수계에 포함시켰다. 지역별 껍지의 염기조성은 전체적으로 유사하였으나 세 번째 코돈 위치에서의 탐진 수계(G: 15.8%)는 일본의 후쿠오카(G: 14.9%)보다 약간 높은 G함량을 보였다. 지역별 쏘가리의 염기조성은 전체 코돈 T함량의 경우 우리나라(26.7%)가 단둥(28.0%)과 청도(28.1%)에 비해 낮은 값을 나타냈지만 C, A, G 함량은 전체적으로 차이가 나타

나지 않았다.

Table 5는 transition과 transversion 변이를 나타낸 것으로써, 첫 번째 코돈 위치에서의 transversion에 대한 transition의 비율은 2.4%, 두 번째 코돈 위치에서는 5.1%, 세 번째 코돈 위치에서는 6.2%가 나타났으며 전체적으로 평균 2.2%를 나타냈다. 따라서 첫 번째와 두 번째 코돈의 위치보다 세 번째 코돈 위치에서 transition과 transversion이 많이 보였으며 세 번째 코돈 위치에서 transversion보다 transition이 많이 일어난 것을 확인 할 수 있었다.



Table 2. Codon usage observed in the cytochrome *b* gene of siniperid fishes

UUU(F)	8.0(0.54)	UCU(S)	4.3(1.04)	UAU(Y)	5.2(0.74)	UGU(C)	1.5(1.03)
UUC(F)	21.5(1.46)	UCC(S)	8.1(1.97)	UAC(Y)	8.8(1.26)	UGC(C)	1.5(0.97)
UUA(L)	7.8(0.74)	UCA(S)	10.4(2.54)	UAA(*)	0.0(0.00)	UGA(W)	11.2(1.73)
UUG(L)	0.3(0.03)	UCG(S)	0.3(0.08)	UAG(*)	0.0(0.00)	UGG(W)	1.8(0.27)
CUU(L)	15.6(1.49)	CCU(P)	5.5(1.04)	CAU(H)	4.9(0.82)	CGU(R)	0.4(0.18)
CUC(L)	18.9(1.81)	CCC(P)	12.0(2.29)	CAC(H)	7.1(1.18)	CGC(R)	2.2(1.12)
CUA(L)	15.8(1.51)	CCA(P)	3.2(0.60)	CAA(Q)	4.6(1.53)	CGA(R)	4.7(2.32)
CUG(L)	4.2(0.41)	CCG(P)	0.4(0.08)	CAG(Q)	1.4(0.47)	CGG(R)	0.8(0.38)
AUU(I)	12.5(0.85)	ACU(T)	5.4(1.01)	AAU(N)	3.6(0.40)	AGU(S)	0.2(0.05)
AUC(I)	17.0(1.15)	ACC(T)	7.6(1.43)	AAC(N)	14.4(1.60)	AGC(S)	1.3(0.32)
AUA(M)	4.4(1.18)	ACA(T)	7.8(1.46)	AAA(K)	8.5(1.88)	AGA(*)	0.0(0.00)
AUG(M)	3.1(0.82)	ACG(T)	0.6(0.11)	AAG(K)	0.5(0.12)	AGG(*)	0.0(0.00)
GUU(V)	5.7(0.93)	GCU(A)	3.7(0.43)	GAU(D)	3.3(0.61)	GGU(G)	3.5(0.54)
GUC(V)	9.0(1.48)	GCC(A)	16.4(1.93)	GAC(D)	7.7(1.39)	GGC(G)	10.4(1.61)
GUA(V)	7.8(1.28)	GCA(A)	12.8(1.51)	GAA(E)	4.4(1.53)	GGA(G)	7.8(1.21)
GUG(V)	1.9(0.31)	GCG(A)	1.1(0.13)	GAG(E)	1.4(0.47)	GGG(G)	4.1(0.64)

The number indicates the frequency in which the codons are used.

All frequencies are average over all siniperid taxa. The termination codons were indicated by asterisks and the value in parathesis indicates the bias.

Table 3. Base composition observed in the mitochondrial cytochrome *b* gene of siniperoid fishes and outgroup

		Codon composition																
Species	Location	All				1st				2nd				3rd				
		T	C	A	G	T1	C1	A1	G1	T2	C2	A2	G2	T3	C3	A3	G3	
C _{her}	Hongcheon	30.5	30.3	24.4	14.9	24.6	26.6	23.1	25.7	40.4	26.2	20.0	13.4	26.5	38.2	29.8	5.5	
	Keumsan	30.5	30.2	24.3	14.9	24.7	26.5	23.1	25.7	40.5	26.1	20.0	13.5	26.5	38.3	29.7	5.5	
	Yangyang	30.4	30.4	24.3	14.9	24.7	26.5	23.1	25.7	40.5	26.1	20.0	13.4	26.1	38.7	29.7	5.5	
	Gokseong	29.2	31.7	24.1	15.0	24.2	26.7	22.8	26.4	40.3	26.3	19.9	13.5	23.0	42.3	29.5	5.2	
	Hwasun	28.5	32.5	24.1	14.9	24.0	26.8	22.6	26.7	40.3	26.3	20.0	13.4	21.2	44.4	29.9	4.5	
	Uljin	28.6	32.3	23.8	15.3	23.9	26.8	22.6	26.8	40.3	26.3	20.0	13.4	21.6	43.9	28.7	5.8	
	Cheongsong	28.6	32.4	23.7	15.4	23.9	26.8	22.6	26.8	40.3	26.3	20.0	13.4	21.5	44.0	28.5	5.9	
	Gumi	28.4	32.6	23.7	15.3	23.6	27.0	22.6	26.8	40.0	26.6	20.0	13.4	21.6	44.2	28.4	5.8	
	Gunwi	28.2	32.7	23.6	15.6	23.9	26.8	22.7	26.7	40.3	26.3	20.0	13.4	20.4	45.0	28.0	6.6	
	Seongju	28.2	32.7	23.6	15.5	23.8	26.9	22.6	26.8	40.2	26.4	20.1	13.4	20.8	44.8	28.0	6.4	
C _{kaw}	Sancheong	28.5	32.4	23.8	15.3	23.9	26.8	22.6	26.7	40.2	26.4	19.7	13.7	21.3	44.2	28.8	5.7	
	Miryang	28.3	32.7	23.6	15.5	23.9	26.8	22.6	26.8	40.3	26.3	20.0	13.5	20.7	44.9	28.2	6.3	
	Ulju	28.6	32.3	23.8	15.3	23.9	26.7	22.6	26.8	40.2	26.4	20.0	13.5	21.6	43.9	28.7	5.8	
	Tamjin	29.4	32.0	23.0	15.8	23.1	27.6	22.6	26.8	40.0	26.6	20.0	13.5	24.9	41.7	26.3	7.1	
	Jangheung	29.3	32.0	23.0	15.8	23.1	27.6	22.6	26.8	40.0	26.6	20.0	13.4	24.7	41.8	26.3	7.1	
	Fukuoka	29.7	32.0	23.4	14.9	23.9	27.0	22.6	26.5	40.3	26.3	20.0	13.4	25.0	42.6	27.6	4.7	
	C _{whi}	Guangxi	28.2	33.1	23.8	14.8	24.1	26.8	22.6	26.5	41.1	25.8	20.0	13.2	19.5	46.8	28.9	4.7
		Paju	27.7	32.3	24.6	15.4	24.7	25.7	22.8	26.8	41.1	25.5	19.7	13.7	17.4	45.5	31.3	5.8
		Keumsan	27.7	32.3	24.6	15.4	24.7	25.7	22.8	26.8	41.1	25.5	19.7	13.7	17.4	45.5	31.3	5.8
		Jeonju	27.7	32.3	24.6	15.4	24.7	25.7	22.8	26.8	41.1	25.5	19.7	13.7	17.4	45.5	31.3	5.8
Gokseong		27.6	32.3	24.7	15.4	24.7	25.5	23.1	26.8	40.8	25.8	19.7	13.7	17.4	45.5	31.3	5.8	
Sanchung		27.6	32.3	24.6	15.5	24.6	25.7	22.8	26.9	41.1	25.5	19.7	13.8	17.2	45.8	31.3	5.8	
Gumi		27.6	32.3	24.6	15.4	24.7	25.7	22.8	26.8	40.8	25.8	19.7	13.7	17.4	45.5	31.3	5.8	
Dandung		28.0	32.0	24.6	15.5	25.1	25.4	23.0	26.7	40.7	25.8	19.9	13.7	18.3	44.9	30.8	6.1	
Chungdo		28.1	32.0	24.5	15.4	24.9	25.5	23.1	26.5	41.0	25.6	19.6	13.8	18.3	44.9	30.8	6.1	
S _{chu}		Beijing	28.4	30.9	26.2	14.5	24.9	25.5	23.6	26.0	41.3	25.3	19.7	13.7	18.9	42.1	35.2	3.8
	Guangdong	28.3	30.9	26.1	14.7	24.9	25.5	23.6	26.0	41.3	25.3	19.5	13.9	18.7	41.8	35.3	4.2	
	Submean	28.9	31.9	24.0	15.2	24.1	26.6	22.8	26.5	40.4	26.2	19.9	13.5	22.1	43.0	29.2	5.7	
L _{jap}	Kyushu	28.0	32.4	23.4	16.1	22.6	27.8	23.4	26.2	41.1	25.5	19.7	13.7	20.5	43.9	27.1	8.4	
N _{spi}	Jeju	28.4	32.2	23.6	15.9	23.1	26.8	23.1	27.0	40.5	25.8	19.7	13.9	21.6	43.9	27.9	6.6	
E _{awo}	Jeju	29.9	30.4	23.8	15.9	24.1	26.8	22.8	26.2	40.3	26.1	20.0	13.7	25.3	38.4	28.7	7.6	
B _{spi}	Fukuoka	25.9	33.4	26.1	14.5	22.6	26.8	24.4	26.2	40.0	26.8	19.5	13.7	15.3	46.6	34.5	3.7	
C _{und}		24.9	35.0	25.9	14.3	22.3	29.7	22.8	25.2	42.4	23.2	20.8	13.7	10.0	52.1	33.9	3.9	
M _{wak}	Nagasaki	27.3	33.3	24.1	15.2	23.6	27.3	23.4	25.7	40.5	25.8	20.0	13.7	17.9	46.8	28.9	6.3	
	Submean	27.4	32.8	24.5	15.3	23.1	27.5	23.3	26.1	40.8	25.5	20.2	13.7	18.4	45.3	30.2	6.1	
	Mean	28.8	32.0	24.0	15.3	24.1	26.7	22.8	26.5	40.4	26.2	19.9	13.5	21.8	43.1	29.2	5.8	
	Bias*	0.143				0.043				0.221				0.299				

The frequencies are shown as percentage. *: Bias in base composition is calculated as $C = (2/3) \sum_{i=1}^4 |C_i - 0.25|$, where C is the compositional bias and C_i is the frequency of the *i*th base.

Table 4. Base composition at each codon position in the mitochondrial cytochrome *b* gene of sinipercid fishes collected from different locality and river-system

Species	River-System	All codons			First codon			Second codon			Third codon						
		T	C	A	G	T1	C1	A1	G1	T2	C2	A2	G2	T3	C3	A3	G3
<i>Coreoperca herzi</i>	Han & Gyem	30.5	30.3	24.3	14.9	24.7	26.5	23.1	25.7	40.5	26.1	20.0	13.4	26.4	38.3	29.7	5.5
	Youngsan & Sumjin	28.5	32.5	24.2	14.8	24.0	26.8	22.6	26.6	40.3	26.3	20.0	13.4	21.2	44.4	29.9	4.5
	Nakdong	28.5	32.4	23.7	15.4	23.9	26.8	22.6	26.8	40.3	26.3	20.0	13.4	21.3	44.2	28.5	6.0
<i>Coreoperca kawamebari</i>	Tamjin, Korea	29.3	32.0	23.0	15.8	23.1	27.6	22.6	26.8	40.0	26.6	20.0	13.4	24.9	41.7	26.3	7.1
	Fukuoka, Japan	29.7	32.0	23.4	14.9	23.9	27.0	22.6	26.5	40.3	26.3	20.0	13.4	25.0	42.6	27.6	4.7
<i>Siniperca schezeri</i>	Korea	26.7	32.3	24.6	15.4	24.7	25.7	22.8	26.8	41.0	25.6	19.7	13.7	17.3	45.6	31.3	5.8
	Dandong, China	28.0	32.0	24.6	15.5	25.1	25.4	23.0	26.7	40.7	25.8	19.9	13.7	18.3	44.9	30.8	6.1
	Chungdo, China	28.1	32.0	24.5	15.4	24.9	25.5	23.1	26.5	41.0	25.6	19.6	13.8	18.3	44.9	30.8	6.1

Han & Gyem includes Hogscheon, Gyemsan and Yangyang; Youngsan & Sumjin includes Gokseong and Hwasun; Nakdong includes Cheongsong, Gumi, Gunwi, Sungju, Milyang, Ulsan, Ulsan and Sancheong.

Table 5. Observed numbers of the 10 pairs of nucleotides between mitochondrial cytochrome *b* DNA sequences of sinipercid fishes

Codon position	Identical pairs					Transitional Pairs			Transversional Pairs					R*
	TT	CC	AA	GG	Total	TC	AG	Total	TA	TG	CA	CG	Total	
First	88	98	84	98	367	6	6	11	0	1	0	0	2	2.4
Second	153	98	75	51	377	2	1	2	0	0	0	0	0	5.1
Third	51	127	91	11	280	53	16	68	9	2	16	4	31	6.5
All	292	324	250	159	1025	61	22	82	9	3	17	5	34	2.2

All frequencies are averages (rounded) over all taxa.

R* indicates the ratio of the number of transitions to the number of transversions.



2. 염기서열의 진화

연구에 사용된 11종 132개의 cytochrome *b* 유전자들은 596개의 conserved site와 545개의 variable site로 이루어진 1141 bp의 nucleotide들로 구성되었다. Variable site들 중 410개의 parsimony informative site를 포함하고 있었다.

Cytochrome *b* 유전자들로부터 추정되는 번역 산물은 380개의 아미노산으로 이루어져 있으며, 이 유전자들의 번역은 ATG 개시코돈으로 시작되어 TAA의 stop codon으로 종결되었다(data not shown). 번역의 종결을 위한 transcriptional processing과 polyadenylation 모델(Anderson et al., 1981)에 근거한 이러한 가설은 이들 cytochrome *b* 유전자들의 전사물이 U 혹은 AG로 끝나며, 이들은 전사후 번역전 polyadenylation 과정에 의하여 종결코돈(UAA 혹은 AGA)으로 가공되는 것으로 추정된다.



3. 지역별 각 개체 또는 개체군 간의 염기서열과 variable site 차이

본 연구에 사용된 어류의 cytochrome *b* 유전자는 1141 bp으로 구성되었으며 그 중 545개의 variable site가 존재하였다. 지역별 각 개체 또는 개체군간의 염기서열과 variable site 차이를 조사하였으며 그 결과는 Table 6과 Table 7에 나타내었다.

홍천격지 8미의 variable site는 10 bp이며 각 개체간의 염기서열 차이는 최저 0 bp에서 최대 7 bp까지 나타났다. 금강격지 13미의 variable site는 14 bp이며 각 개체간의 염기서열 차이는 최저 0 bp에서 최대 6 bp까지 나타났다. 양양격지 4미의 염기서열은 차이가 나타나지 않았다. 곡성격지 4미의 variable site는 7 bp이며 각 개체간의 염기서열 차이는 최저 1 bp에서 최대 5 bp까지 나타났다. 화순격지 6미의 variable site는 8 bp이며 각 개체간의 염기서열 차이는 최저 0 bp에서 최대 5 bp까지 나타났다. 울진격지 2미의 염기서열 차이는 나타나지 않았다. 청송격지 32미의 variable site는 36 bp이며 각 개체간의 염기서열 차이는 최저 0 bp에서 최대 12 bp까지 나타났다. 군위 격지 3미의 variable site는 2 bp이며 각 개체간의 염기서열 차이는 최저 1에서 최대 2 bp까지 나타났다. 성주격지 5미의 variable site는 19 bp이며 각 개체간의 염기서열 차이는 최저 1에서 최대 16 bp까지 나타났다. 산청격지 10미의 variable site는 22 bp이며 각 개체간의 차이는 최저 0 bp에서 최대 16 bp까지 나타났다. 밀양격지 6미의 variable site는 17 bp이며 각 개체간의 염기서열 차이는 최저 0 bp에서 최대 14 bp까지 나타났다. 울주격지 6미의 variable site는 10 bp이며 각 개체간의 염기서열 차이는 최저 0에서 최고 5 bp까지 나타났다. 홍천격지와 금강격지 그리고 양양격지 총 25미의 variable site는 23 bp이고 각각의 개체사이에 최소 0 bp에서 최대 7 bp까지 염기서열 차이를 보였다. 이들 세 지역에서의 각 개체간 염기서열차이는 각 지역에서 나타난 개체간의 염기서열 차이의 결과와 유사하게 나타났다. 곡성격지와 화순격지 총 10미의 variable site는 20 bp이며 각각의 개체사이에 최소 7 bp에서 최대 12 bp까지 염기서열 차이를 보였다. 곡성, 화순으로 이루어진 개체간의 염기서열 차이는 이들 각 지역에서 나타난 개체간의 염기서열 차이의 결과와 유사하였다. 울진격지, 청송격지, 구미격지, 군위격지, 성주격지, 산청격지, 밀양격지 및 울주격지 총 65미의 variable site는 68 bp이며 각 개체간의 최소 0 bp에서 최대 17 bp까지 염기서열 차이를 보였으며 이들 낙동강 수계를 이루고 있는 지역의 개체간 염기서열 차이는 각 지역에 나타난 염기서열 차이의 결과와 유사하게 나타났다. 한편, 각 수계별 개체군간의 염기서열의 경우 홍천격지와 금강격지 그리고 양양격지를 포함하는 그룹과 곡성격지와 화순격지를 포함하는 그룹을 비교한 결과 개체간 최소 127 bp에서 최대 138 bp 염기서열 차이를 보였다. 홍천격지와 금강격지 그리고 양양격지를 포함하는 그룹과 울진격지, 청송격지, 구미격지, 군위격지, 성주격지, 산청격지, 밀양격지 및 울주격지를 포함하는 그룹을 비교한 결과 개체간 최소 127 bp에서 최대 134 bp까지 염기서열 차이를 나타냈다. 곡성격지와 화순격지를 포

함하는 그룹과 울진꺼지, 청송꺼지, 구미꺼지, 군위꺼지, 성주꺼지, 산청꺼지, 밀양꺼지 및 울주꺼지를 포함하는 그룹을 비교한 결과 개체간 최소 79 bp에서 89 bp까지 염기서열 차이를 나타냈다. 이런 결과를 통해, 홍천꺼지와 금산꺼지를 하나의 그룹으로, 곡성과 화순꺼지를 하나의 그룹으로, 나머지 지역을 다른 하나의 그룹으로 묶을 수 있었다. 총 100미의 꺼지 개체간 염기서열 차이는 최대 138 bp가 관찰되어 전체 cytochrome *b* 유전자 중 12.1%의 염기서열 차이를 나타냈으며 variable site는 242 bp였다.

꺼저기의 경우 탐진 꺼저기 6미의 variable site는 9 bp이며 각 개체간의 염기서열 차이는 최저 0 bp에서 최대 6 bp까지 나타났다. 우리나라와 일본에 서식하고 있는 꺼저기를 비교한 결과 각 개체의 염기서열 차이는 최소 102 bp에서 최대 106 bp까지 나타났으며 variable site는 110 bp였다.

우리나라에 서식하고 있는 *Siniperca scherzeri*는 곡성과 구미 쏘가리를 제외한 파주, 금산, 전주 및 산청 1미가 염기서열 차이를 보이지 않았으며 산청꺼지 중 2미는 멜라노색소포가 결핍된 황쏘가리로서 파주, 금산, 전주 및 산청에서 채집된 쏘가리와 비교한 결과 3 bp의 염기서열 차이를 나타내었다. 특히, 곡성 쏘가리와 비교한 결과 7 bp의 염기서열 차이를 보였다. 우리나라의 쏘가리 9미를 분석한 전체 유전자 중 variable site는 9 bp가 관찰되었으며 중국의 청도지방과 단둥지방에 서식하고 있는 *Siniperca scherzeri*의 각 개체간의 차이는 각각 최대 4 bp의 염기서열 차이를 보였고 중국 쏘가리 5미에서 7 bp의 variable site를 관찰할 수 있었다. 우리나라와 중국산 쏘가리를 비교해보면 각 개체간의 차이는 최대 61 bp가 나타났으며 전체 유전자 중 68 bp의 variable site가 관찰되었다. 쏘가리속의 다른 종인 *Siniperca chuatsi* 3미를 분석한 결과 개체간 최대 4 bp의 염기서열 차이가 나타났으며 지역별 염기서열 차이는 거의 관찰되지 않았다. 쏘가리 속내의 한국과 중국 개체군간의 염기서열 차이는 매우 커서 최대 209 bp가 나타났으며 전체 259 bp의 variation site가 존재하였다.

Table 6. The number of maximum nucleotide differences and variable sites among the cytochrome *b* DNA sequences of siniperoid fishes

Species	Maximum nucleotide difference	Variable site	R*
<i>Coreoperca herzi</i>	138	242	12.1
<i>Coreoperca kawamebari</i>	106	110	9.3
<i>Siniperca scherzeri</i>	61	68	5.3
<i>Siniperca chuatsi</i>	4	4	0.4

R* indicates percentage ratio of maximum nucleotide difference to total number of nucleotide cytochrome *b* gene.



Table 7. The number of nucleotide differences among the cytochrome *b* DNA sequences of sinipercid fishes and outgroup

1	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36	37	38	39	40	41	42	43	44	45	46	47	48	49	50	51	52	53	54	55	56	57	58	59	60	61	62	63	64	65	66	67	68	69	70	71	72	73	74	75	76	77	78	79	80	81	82	83	84	85	86	87	88	89	90	91	92	93	94	95	96	97	98	99	100	101	102	103	104	105	106	107	108	109	110	111	112	113	114	115	116	117	118	119	120	121	122	123	124	125	126	127	128	129	130	131	132	133	134	135	136	137	138	139	140	141	142	143	144	145	146	147	148	149	150	151	152	153	154	155	156	157	158	159	160	161	162	163	164	165	166	167	168	169	170	171	172	173	174	175	176	177	178	179	180	181	182	183	184	185	186	187	188	189	190	191	192	193	194	195	196	197	198	199	200	201	202	203	204	205	206	207	208	209	210	211	212	213	214	215	216	217	218	219	220	221	222	223	224	225	226	227	228	229	230	231	232	233	234	235	236	237	238	239	240	241	242	243	244	245	246	247	248	249	250	251	252	253	254	255	256	257	258	259	260	261	262	263	264	265	266	267	268	269	270	271	272	273	274	275	276	277	278	279	280	281	282	283	284	285	286	287	288	289	290	291	292	293	294	295	296	297	298	299	300	301	302	303	304	305	306	307	308	309	310	311	312	313	314	315	316	317	318	319	320	321	322	323	324	325	326	327	328	329	330	331	332	333	334	335	336	337	338	339	340	341	342	343	344	345	346	347	348	349	350	351	352	353	354	355	356	357	358	359	360	361	362	363	364	365	366	367	368	369	370	371	372	373	374	375	376	377	378	379	380	381	382	383	384	385	386	387	388	389	390	391	392	393	394	395	396	397	398	399	400	401	402	403	404	405	406	407	408	409	410	411	412	413	414	415	416	417	418	419	420	421	422	423	424	425	426	427	428	429	430	431	432	433	434	435	436	437	438	439	440	441	442	443	444	445	446	447	448	449	450	451	452	453	454	455	456	457	458	459	460	461	462	463	464	465	466	467	468	469	470	471	472	473	474	475	476	477	478	479	480	481	482	483	484	485	486	487	488	489	490	491	492	493	494	495	496	497	498	499	500	501	502	503	504	505	506	507	508	509	510	511	512	513	514	515	516	517	518	519	520	521	522	523	524	525	526	527	528	529	530	531	532	533	534	535	536	537	538	539	540	541	542	543	544	545	546	547	548	549	550	551	552	553	554	555	556	557	558	559	560	561	562	563	564	565	566	567	568	569	570	571	572	573	574	575	576	577	578	579	580	581	582	583	584	585	586	587	588	589	590	591	592	593	594	595	596	597	598	599	600	601	602	603	604	605	606	607	608	609	610	611	612	613	614	615	616	617	618	619	620	621	622	623	624	625	626	627	628	629	630	631	632	633	634	635	636	637	638	639	640	641	642	643	644	645	646	647	648	649	650	651	652	653	654	655	656	657	658	659	660	661	662	663	664	665	666	667	668	669	670	671	672	673	674	675	676	677	678	679	680	681	682	683	684	685	686	687	688	689	690	691	692	693	694	695	696	697	698	699	700	701	702	703	704	705	706	707	708	709	710	711	712	713	714	715	716	717	718	719	720	721	722	723	724	725	726	727	728	729	730	731	732	733	734	735	736	737	738	739	740	741	742	743	744	745	746	747	748	749	750	751	752	753	754	755	756	757	758	759	760	761	762	763	764	765	766	767	768	769	770	771	772	773	774	775	776	777	778	779	780	781	782	783	784	785	786	787	788	789	790	791	792	793	794	795	796	797	798	799	800	801	802	803	804	805	806	807	808	809	810	811	812	813	814	815	816	817	818	819	820	821	822	823	824	825	826	827	828	829	830	831	832	833	834	835	836	837	838	839	840	841	842	843	844	845	846	847	848	849	850	851	852	853	854	855	856	857	858	859	860	861	862	863	864	865	866	867	868	869	870	871	872	873	874	875	876	877	878	879	880	881	882	883	884	885	886	887	888	889	890	891	892	893	894	895	896	897	898	899	900	901	902	903	904	905	906	907	908	909	910	911	912	913	914	915	916	917	918	919	920	921	922	923	924	925	926	927	928	929	930	931	932	933	934	935	936	937	938	939	940	941	942	943	944	945	946	947	948	949	950	951	952	953	954	955	956	957	958	959	960	961	962	963	964	965	966	967	968	969	970	971	972	973	974	975	976	977	978	979	980	981	982	983	984	985	986	987	988	989	990	991	992	993	994	995	996	997	998	999	1000
---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	------



1	001	002	003	004	005	006	007	008	009	010	011	012	013	014	015	016	017	018	019	020	021	022	023	024	025	026	027	028	029	030	031	032	033	034	035	036	037	038	039	040	041	042	043	044	045	046	047	048	049	050	051	052	053	054	055	056	057	058	059	060	061	062	063	064	065	066	067	068	069	070	071	072	073	074	075	076	077	078	079	080	081	082	083	084	085	086	087	088	089	090	091	092	093	094	095	096	097	098	099	100
101	102	103	104	105	106	107	108	109	110	111	112	113	114	115	116	117	118	119	120	121	122	123	124	125	126	127	128	129	130	131	132	133	134	135	136	137	138	139	140	141	142	143	144	145	146	147	148	149	150	151	152	153	154	155	156	157	158	159	160	161	162	163	164	165	166	167	168	169	170	171	172	173	174	175	176	177	178	179	180	181	182	183	184	185	186	187	188	189	190	191	192	193	194	195	196	197	198	199	200	

19 Note. 1-8: *Coreoperca herzi* (Hongcheon), 9-21: *Coreoperca herzi* (Keumshan), 22-25: *Coreoperca herzi* (Yangyang), 26-29: *Coreoperca herzi* (Gokseong), 30-35: *Coreoperca herzi* (Hwasun), 36-37: *Coreoperca herzi* (Ulsan), 38-69: *Coreoperca herzi* (Cheongsong), 70: *Coreoperca herzi* (Gumi), 71-73: *Coreoperca herzi* (Gumwi), 74-78: *Coreoperca herzi* (Seongju), 79-88: *Coreoperca herzi* (Sancheong), 89-94: *Coreoperca herzi* (Miryang), 95-100: *Coreoperca herzi* (Uiju), 101-106: *Coreoperca kawamebari* (Tamjin), 107: *Coreoperca kawamebari* (Jangheung), 108: *Coreoperca kawamebari* (Fukuoka), 109: *Coreoperca witeheadi* (Guangxi), 110: *Siniperca scherzeri* (Sancheong), 111: *Siniperca scherzeri* (Keumshan), 112: *Siniperca scherzeri* (Jeonju), 113: *Siniperca scherzeri* (Goksenong), 114-117: *Siniperca scherzeri* (Sancheong), 118: *Siniperca chuatsi* (Gumi), 119-120: *Siniperca scherzeri* (Dandong), 121-123: *Siniperca scherzeri* (Cheongdo), 124-125: *Siniperca chuatsi* (Beijing), 126: *Siniperca chuatsi* (Guangdong), 127: *Lateolabrax japonicus* (Kyushu), 128: *Nippon spinosus* (Jeju), 129: *Epinephelus awara* (Jeju), 130: *Beryx splendens* (Fukuoka), 131: *Centropomus undecimalis*, 132: *Malakichthys wakiyae* (Nagasaki).

201	202	203	204	205	206	207	208	209	210	211	212	213	214	215	216	217	218	219	220	221	222	223	224	225	226	227	228	229	230	231	232	233	234	235	236	237	238	239	240	241	242	243	244	245	246	247	248	249	250	251	252	253	254	255	256	257	258	259	260	261	262	263	264	265	266	267	268	269	270	271	272	273	274	275	276	277	278	279	280	281	282	283	284	285	286	287	288	289	290	291	292	293	294	295	296	297	298	299	300
-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----

4. 포화도 분석

염기서열을 이용한 계통학적 분석시 오류를 야기시킬 수 있는 염기서열의 포화 여부를 확인하기 위하여 모든 코돈과 각 코돈을 대상으로 포화도 분석을 실시하였다(Fig. 2, 3). 그 결과, 분석된 코돈 위치 대부분에서, transition(TS)이 transversion(TV) 보다 빨리 축적되었으며 첫 번째 코돈과 두 번째의 코돈 위치에서의 transition과 transversion들은 Kimura 2-parameter가 증가함에 따라 거의 선형으로 축적되어지만 세 번째 코돈 위치에서 transition의 포화현상을 관찰 할 수 있었다. 그러나 모든 코돈 위치를 대상으로 한 분석결과 세 번째 코돈 위치에서의 포화현상은 상쇄되어서 Kimura 2-parameter가 증가함에 따라 TS+TV는 거의 선형으로 축적되어 포화현상은 관찰되지 않았다.



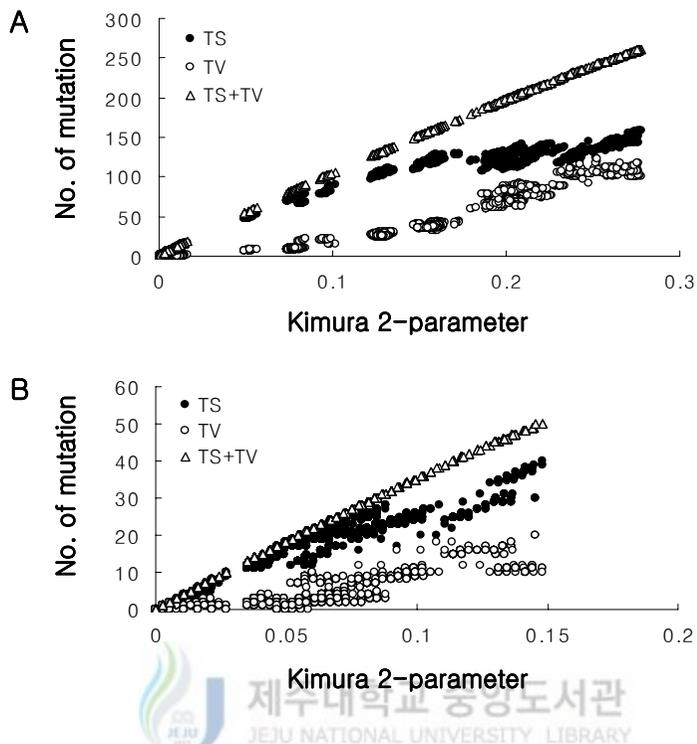


Fig. 2. Relationships between the observed mutations, transition (TS) and transversion (TV), and Kimura 2-parameter observed either at all codon positions (A) or at first codon positions (B).

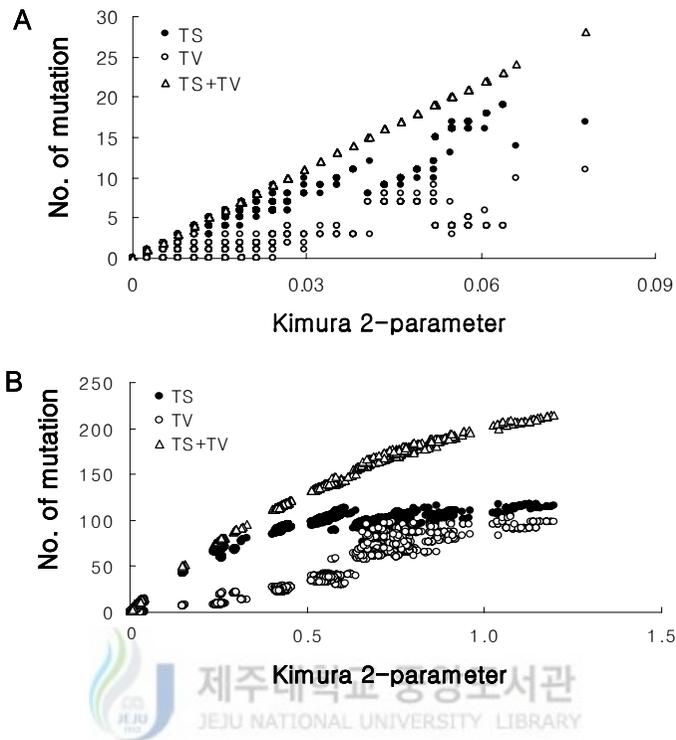


Fig. 3. Relationships between the observed mutations, transition (TS) and transversion (TV), and Kimura 2-parameter observed either at second codon positions (A) or at third codon positions (B).

5. 계통분석

계통수(Phylogenetic tree)는 거리(distance)에 근거한 방법으로 작성되었다. 포화된 자료는 계통관계의 추론에 있어서 오류를 야기시킬 수 있으므로(Meyer, 1993), 계통분류학적 분석시 포화 현상(단일 nucleotide 부위에서 숨겨진 다중 치환)을 고려해야 한다. 이 연구에서는 포화 현상 분석 결과, 세 번째 코돈 위치에서 transition이 축적되어 약간의 포화 현상을 보였지만 모든 코돈 위치를 대상으로 한 분석 결과 포화현상이 상쇄되어 뚜렷한 포화현상이 관찰되지 않았기 때문에 모든 코돈 위치를 대상으로 하여 계통수를 작성하였다.

Fig. 4는 sinipercid 어류의 5종 126미와 분류참조군 6종의 계통수를 나타낸 것으로써, *Coreoperca* 어류와 *Siniperca* 어류는 단진화군을 이루었다.

Sinipercid 어류 중 꺾지(*C. herzi*)는 흥천, 금산, 양양 지역 clade 1을 형성하였고, 곡성과 화순 지역은 clade 2를 형성하였다. 나머지 지역인 울진, 청송, 구미, 군위, 성주, 산청, 밀양 및 울주 등은 clade 3을 형성하였으며, 이들 clade는 높은 bootstrap 값을 나타내었다.

꺾저기(*C. kawamebari*)는 *Coreoperca* 어류 중 가장 먼저 분화가 일어났고 그 후 우리나라와 일본으로 동시에 분리되었으며, 99%의 높은 bootstrap 값으로 확인되었다. 그리고 꺾지와 *Coreoperca whiteheadi*의 분화시기는 50%의 상대적으로 낮은 bootstrap 값을 고려하면 꺾저기와 비슷한 시기에 같이 분화하였거나 꺾저기의 분화시기보다 약간 늦게 일어난 것으로 추론 할 수 있었다.

쏘가리속의 어류는 공동의 조상종으로부터 다금바리(*Niphon spinosus*)와 동시에 분화되었지만 46%의 낮은 bootstrap 값이 나타나 명확하지 않았다. 쏘가리 속 어류 중 *Siniperca chuatsi*는 *Siniperca scherzeri*보다 먼저 분화된 것을 확인 할 수 있었으며, 단둥에서 서식하고 있는 *Siniperca scherzeri*는 중국 청도 표본과 가깝게 그룹을 형성하여 우리나라의 개체군과 다른 군으로 분리되었으며, 99%의 높은 bootstrap 값으로 확인되었다. 또한 *Coreoperca*와 *Siniperca*의 분화는 비록 낮은 bootstrap 값을 나타내고 있지만 공동 조상종으로부터 동시에 분화가 일어난 것으로 관찰되었다.

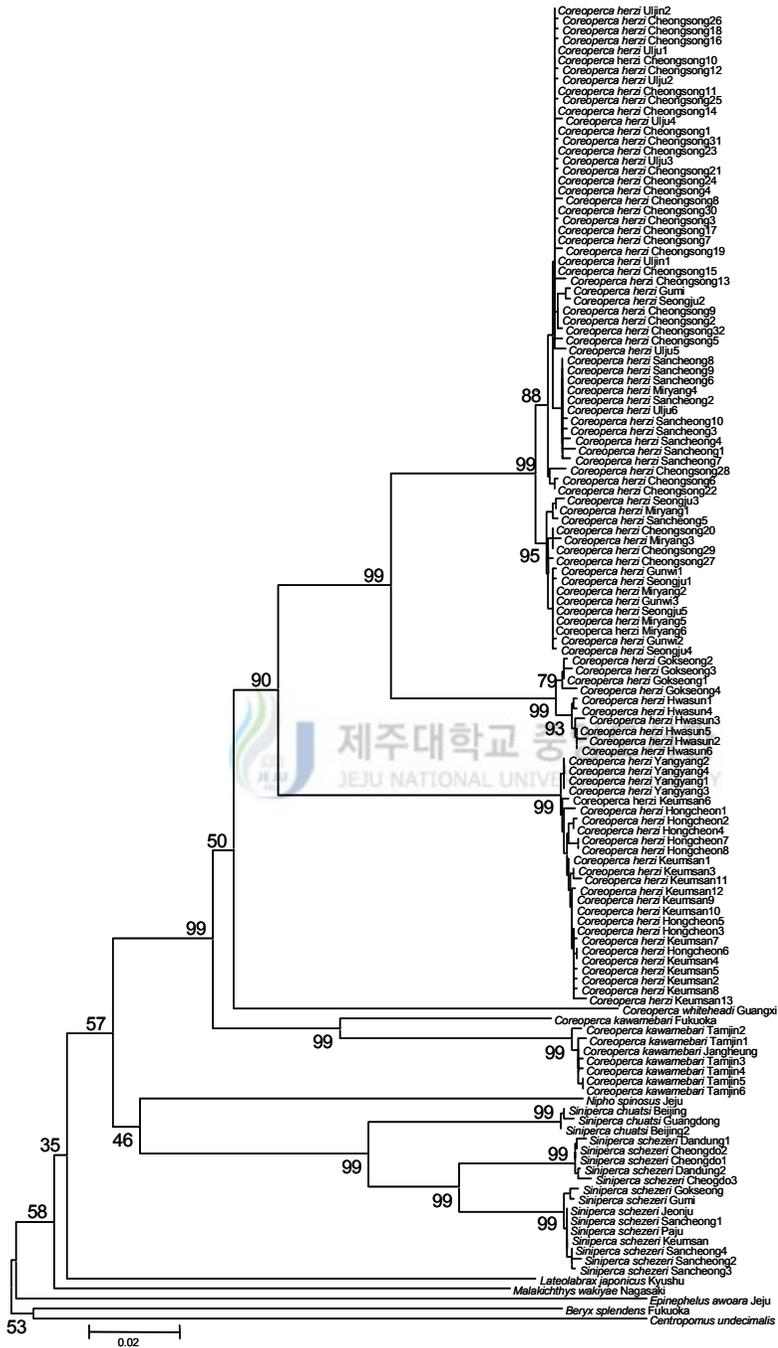


Fig. 4. Neighbor joining tree based on cytochrome *b* DNA sequences obtained from 126 individuals of siniperid fishes and 6 outgroup species.

6. 형태 형질

유전자뿐만 아니라 형태 형질인 계수형질, 계측형질 및 골격형질의 차이점과 공통점은 정확한 종간의 분류학적 연구에 자료를 제공해준다. 일반적으로 형태적 형질 중 외부형태를 관찰함으로써 동정이나 형태적 특징의 비교를 손쉽게 할 수 있기 때문에 분류형질로 사용되어 논문이나 도감에 기재되고 있다. 그러나, 같은 종이라 할지라도 지리적인 고립과 같은 환경적인 요인으로 인해 많은 유전자 차이를 나타낼 수 있으며 외부 형태적으로 다양한 변이를 나타낼 수 있다.

Sinipercid 어류의 유전자 양상을 조사한 결과, 꺾지는 지역적 분포에 따라 각 개체간 최대 12.1%의 염기서열 차이를 나타냈으며 쏘가리는 각 개체간 최대 5.3%의 염기서열 차이를 나타내어 유전적 차이에 따른 형태 형질의 변이를 조사하였다. 꺾지와 쏘가리의 각각 지느러미 극·연조수, 비늘 수의 계수형질 비교 결과는 Table 8, 9에 나타냈으며 Table 10은 쏘가리의 계측형질을 나타내었다.

꺾지 어류의 지역별 등지느러미 극조 수는 홍천, 금산, 양양을 포함하는 한강과 금강 수계의 경우 전체 20미에서 14-15개로 나타났으며 그 중 19미가 14개였고, 곡성과 화순 지역을 포함하는 영산과 섬진수계에서 전체 10미를 조사한 결과 13개였고, 울진, 청송, 구미, 군위, 성주, 밀양, 산청 및 울주를 포함하는 낙동강수계에서 전체 30미에서 12-13개로 나타났으며 그 중 28미가 13개였다. 연조수는 한강과 금강 수계의 경우 11-13개가 나타났으며 16미가 12개였고, 영산과 섬진수계에서 13개, 낙동강수계에서 11-14개로 19미가 13개였다. 가슴지느러미 수는 한강과 금강 수계경우 12-13개로 19미가 13개, 영산과 섬진수계에서 12-14개로 8미가 13개, 낙동강수계에서 13-15개로 25미가 14개였다. 배지느러미의 극·연조수는 각각 1개와 5개로 각 수계간 차이는 나타나지 않았으며 뒷지느러미의 극조수는 3개로 각 수계간 차이가 관찰되지 않았다. 뒷지느러미 연조수는 한강과 금강 수계에서 8-9개로 19미가 8개, 영산과 섬진수계에서 9개, 낙동강수계에서 7-10개로 20미가 9개였다. 꼬리지느러미의 연조수는 한강과 금강 수계의 경우 17-19개로 18미가 17개, 영산과 섬진수계에서 16-18개로 7미가 17개, 낙동강수계에서 17-18개로 25미가 18개였다. 새파수는 7개로 각 수계간 차이는 관찰되지 않았다. 옆줄 상부 비늘수는 한강과 금강 수계에서 17-19개, 영산과 섬진수계에서 16-22개, 낙동강수계에서 15-17개였다. 옆줄 하부 비늘수는 한강과 금강 수계에서 25-33개, 영산과 섬진수계에서 25-35개, 낙동강 수계에서 24-31개였다. 옆줄 비늘수는 한강과 금강 수계에서 56-72개, 영산과 섬진수계에서 65-72개, 낙동강 수계에서 63-74개였다. 척추골수는 30-32개로 평균 31개가 나타나 수계간 차이가 없었다. 따라서 수계별 꺾지의 계수형질의 특징적인 차이는 등지느러미의 극·연조수, 가슴지느러미 연조수, 뒷지느러미 연조수 및 꼬리지느러미 연조수에서 나타났다.

Table 8. Measurement of meristic characters observed in *Coreoperca herzi*

Characters	River-System Han & Gyeon	Youngsan & Sumjin	Nakdong
Number of specimen	20	10	30
Dorsal fin spines	14-15(14)	13	12-14(13)
Dorsal fin rays	11-13(12)	13	11-14(13)
Pectral fin rays	12-13(13)	12-14(13)	12-15(14)
Ventral fin spines	1	1	1
Ventral fin rays	5	5	5
Anal fin spines	3	3	3
Anal fin rays	8-9(8)	9	7-10(9)
Caudal fin rays	17-19(17)	16-18(17)	17-18(18)
Gill rakers	7	7	7
Scales above lateral line	17-19	16-22	15-17
Scales below lateral line	25-33	25-35	24-31
Pored scales on lateral line	56-72	65-72	63-74
Vertebrae	30-32(31)	30-32(31)	30-32(31)

The value in parenthesis indicates the mean.



한편 쏘가리의 경우 지역별 등지느러미 극조수는 우리나라의 표본인 전체 5미에서 12-13개였으며 그 중 4미가 13개였고, 단등과 청도는 각각 4미와 6미에서 모두 12개였다. 등지느러미 연조수는 모든 지역에서 12-13개로 평균 13개였다. 가슴지느러미 연조수는 우리나라의 경우 14-16개로 평균 15개였고, 단등과 청도의 경우 14-15개로 평균 15개였다. 배지느러미 극조와 연조수는 각각 1개와 5개로 모든 지역에서 동일하였다. 뒷지느러미 극조수는 3개로 같았다. 뒷지느러미 연조수는 모든 지역에서 9개로 같지만 우리나라의 쏘가리 1미는 8개를 나타냈다. 꼬리지느러미 연조수는 모든 지역에서 17-18개가 나타났다. 새파수는 우리나라의 경우 4-6개로 3미가 6개가 나타났으며 단등과 청도의 경우는 4-5개가 나타났다. 옆줄 상부의 비늘수는 우리나라에서 22-26개, 단등에서 25-28개, 청도에서 22-27개로 지역별 차이가 거의 없었다. 옆줄 하부의 비늘수는 우리나라에서 50-62개, 단등에서 72-78개, 청도에서 50-62개가 관찰되었다. 옆줄 비늘수는 우리나라에서 112-117개, 단등에서 117-123개, 청도에서 113-123개로 지역별 차이는 없었다. 척추골수는 우리나라에서 27개, 단등과 청도에서 28개로 관찰되었다. 따라서 지역별 쏘가리의 계수형질의 특징적인 차이점은 등지느러미 극조수, 새파수 및 척추골수에서 나타났으며, 단등과 청도지역의 쏘가리는 우리나라 쏘가리와 비교하여 형태형질에서 차이를 보였다.

쏘가리의 계측형질을 조사한 결과, 우리나라 쏘가리의 전장은 17.9-28.5 cm (n=5)이며 단등의 경우는 24.6-31.4 cm (n=4), 청도의 경우는 20.9-24.6 cm (n=6) 범위였다.

Table 10은 전장과 두장에 대한 지역별 쏘가리의 계측형질을 조사한 것으로써, 전장에 대한 표준체장, 두장 길이, 항문장 앞까지 길이, 등지느러미 높이, 꼬리자루 길이, 위턱 길이, 눈의 직경, 등지느러미 높이, 꼬리자루 길이 및 양안간격에 비는 유사한 경향을 보였다.

한편, 전장에 대한 꼬리지느러미 길이의 비는 우리나라($19.8 \pm 1.2\%$)와 단등지역($19.5 \pm 0.7\%$)에 비해 청도지역($16.2 \pm 3.7\%$)이 낮은 경향을 보였으며, 전장에 대한 체고의 비는 단등지역($24.4 \pm 2.4\%$)과 청도지역($24.0 \pm 1.7\%$)에 비해 우리나라($21.8 \pm 1.5\%$)가 낮은 경향을 보였다. 전장에 대한 등지느러미 길이의 비는 단등지역($42.0 \pm 1.5\%$)과 우리나라($42.2 \pm 1.6\%$)에 비해 청도지역($44.1 \pm 1.2\%$)이 다소 높은 경향을 보였으며 뒷지느러미 길이의 비는 단등지역($16.2 \pm 3.3\%$)과 청도지역($16.3 \pm 1.5\%$)에 비해 우리나라($13.9 \pm 1.0\%$)가 낮은 경향을 보였다.

두장에 대한 위턱, 눈의 직경 및 양안간격의 비는 유사한 경향을 보였지만 위턱인 경우는 우리나라에서 $43.0 \pm 2.7\%$, 단등에서 $46.1 \pm 3.1\%$, 청도에서 $48.7 \pm 1.2\%$ 를 나타내어서 지역에 따라 차이를 보였다.

Table 9. Measurement of meristic characters observed in *Siniperca scherzeri*

Characters	Population		
	Korea	Dandong	Cheongdo
Number of specimen	5	4	6
Dorsal fin spines	12-13(13)	12	12
Dorsal fin rays	12-13(13)	12-13(13)	12-14(13)
Pectral fin rays	14-16(15)	14-15(15)	14-15(15)
Ventral fin spines	1	1	1
Ventral fin rays	5	5	5
Anal fin spines	3	3	3
Anal fin rays	8-9(9)	9	9
Caudal fin rays	17-18	17-18	17-18
Gill rakers	4-6(6)	4-5	4-5
Scales above lateral line	22-26	25-28	22-27
Scales below lateral line	50-62	72-78	50-62
Pored scales on lateral line	112-117	117-123	113-123
Vertebrae	27	28	28

The value in parenthesis indicates the mean.



Table 10. The percentage proportion of estimated metrical characters to either total length (TL) or head length (HL) of *Siniperca scherzeri*

Characters	Population		
	Korea	Dandong	Cheongdo
Total length(cm)	17.9-28.2	24.6-31.4	20.9-24.6
Against total length			
Standard length	81.6±0.9	81.8±2.1	82.2±1.4
Caudal fin length	19.8±1.2	19.5±0.7	16.2±3.7
Head length	30.8±1.2	32.3±1.4	31.6±1.2
Preal length	58.7±2.2	59.6±2.8	59.9±2.8
Body depth	21.8±1.5	24.4±2.4	24.0±1.7
Length of origin of dorsal fin	29.6±0.4	30.6±1.5	29.7±1.5
Dorsal fin length	42.0±1.5	42.2±1.6	44.1±1.2
Anal fin length	13.9±1.0	16.2±3.3	16.3±1.5
Caudal peduncle depth	8.3±0.7	9.1±0.4	9.1±0.3
Snout length	9.4±1.3	9.0±1.0	8.8±1.0
Eye diameter	5.4±1.2	5.6±0.4	5.5±0.3
Longest dorsal spine height	7.3±1.7	6.1±0.8	6.9±0.6
Pectoral fin length	13.7±0.2	14.1±1.1	13.1±1.7
Vectral fin length	13.9±0.7	14.5±1.4	15.2±1.2
Logest anal spine height	8.5±1.0	9.1±0.9	9.0±1.7
Caudal peduncle length	10.0±1.8	10.2±1.2	8.6±1.3
Upper jaw	13.2±0.7	14.9±0.8	15.4±0.7
Interorbital width	5.9±0.7	7.0±1.4	6.5±0.8
Against head length			
Snout length	30.6±4.4	27.8±2.1	27.7±2.9
Eye diameter	17.5±3.5	17.4±1.4	17.4±1.1
Upper jaw	43.0±2.7	46.1±3.1	48.7±1.2
Interorbital width	19.0±1.6	21.7±4.2	20.7±2.3

IV. 고찰

미토콘드리아 DNA는 핵 DNA와 비교할 때 크기가 작으며 일반적으로 유전자 재조합이 일어나지 않고 모계유전을 하기 때문에 진화양상이 보다 단순하다는 이점을 가지고 있다. 최근 염기서열 결정법의 개선으로 인하여 다양한 계통진화학적 의문을 해결하는 연구에 많이 이용되고 있으며, 특히 미토콘드리아 DNA 내의 cytochrome *b* 유전자 서열을 이용한 활발히 연구가 어류를 대상으로 진행되고 있다(Kocher and Stepien, 1997). Song et al (1998)은 cytochrome *b* 유전자의 염기서열을 이용하여 Percidae의 분류를 재검토하였고, Etheostomatinae와 Luciopercinae 내의 소형 저서어류의 독립적인 진화에 대한 계통분류학 증거를 제시하였다. 게다가, cytochrome *b* 유전자의 염기서열은 Atlantic cod (Carr and Marshall, 1991), Pacific sockeye salmon (Bickham et al., 1995)에 있어서 종내 변이를 탐지하는데도 사용되었다.

한편, 많은 연구자(Song et al., 1998; Nei and Kumar, 2000)들이 정확한 계통수를 작성하기 위해서는 각 코돈 위치들 간의 치환율 변이를 고려하는 것이 중요하다고 하였다. 따라서, 일부 저자(Birolly et al., 1998)들은 첫 번째와 두 번째 코돈 위치에서의 transition과 transversion만을 이용하거나 모든 코돈 위치에서의 transversion만을 이용하여 계통수를 작성하였다. 그렇지만 여러 연구자(Song et al., 1988; Brito et al., 1997)들은 유연관계가 다소 먼 분류 간의 계통수를 작성하는데 있어 3가지 코돈 위치에서의 모든 자료를 이용하였다. 이 연구결과 세 번째 코돈 위치에서 transition이 transversion보다 빨리 축적됨을 확인할 수 있었고, transition의 포화현상을 확인할 수 있었지만 모든 코돈 위치를 대상으로 포화도조사에서는 transition이 상쇄로 되어서 뚜렷한 포화현상은 관찰할 수 없었기 때문에 모든 코돈 위치에서의 염기서열 자료를 이용하여 계통수를 작성하였다.

우리나라는 크고 작은 산맥으로 인해 짧고 좁은 하천들이 많이 형성되어 있어 각기 독특한 지리적 특성들을 갖고 있다. 이러한 환경에서 서식하는 담수어류는 지리적인 고립에 의한 종의 분화나 유전적 다양성이 나타날 수 있다. 한반도의 지세가 현재와 같은 윤곽을 띠게 된 것은 신생대 3기 상신세(Miocene) 후기로 알려져 있다. 특히 우리나라의 어류상은 신생대 제 3기를 상신세(上新世)에 이미 분포하고 있었던 어류와 신생대 제 4기의 3-4회 빙하기를 거치는 동안 형성되었던 고황하수계(Paleo-Hwang Ho) 및 고아무르수계(Paleo Amur River)의 어류들이 우리나라의 각 하천으로 침입하여 중국계, 북방계 및 남방계의 어류로 구성되었다는 보고(Lee, 1981; Lindberg, 1972)와 신생대 빙하기 시대동안 우리나라의 각 하천으로 침입하여 종 분화를 거치면서 형성된 결과로만 보는 설(Son, 1995)이 있어 학자 마다 견해의 차이를 보인다. 휴전선 이남에 서식하고 있는 이들 어류는 40종의 한국특산어류를 포함하여 총 96종의 순담수어류가 서

식하고 있으며(Kim, 1997) 이들 담수어류상에 관해 Mori (1936)는 연해주지역, Amur 지역 및 한국지역으로 구분하였고 한국지역은 다시 서한아지역, 중한아 지역, 동한아지역 및 남한아지역으로 세분하였다. 그후 Choi (1973)는 이를 동한아지역과 서남한아지역으로 양분하였고, Jeon (1980)은 동한아지역, 남한아지역, 서한아지역으로 구분하였으며 Jeon (1983; 1986)은 다시 미꾸리와 어류와 농어과 어류의 분포에 따라 남한아지역을 노령산맥에서 태백산맥의 동쪽지역인 강원도 남대천까지 포함하여 재수정하였다. 이러한 우리나라의 담수어류의 분포구계(distribution map)설정에 있어 학자에 따라 견해의 차이를 보이고 있다.

*Coreoperca*에 속한 꺾지(*C. herzi*)와 꺾저기(*C. kawamebari*)는 우리나라의 강이나 하천에 분포하며 꺾지는 한반도에서만 존재하는 고유종으로 각 수계별 개체군간에 최대 138 bp의 염기서열 차이가 나는 것을 확인할 수 있었다. 이러한 염기서열의 차이를 근거하여 흥천, 금산 및 양양지역을 동일한 그룹으로 묶었으며 양양지역은 한강과 금강수계에 포함되지 않는 지역이지만 북한강 상류로부터 인위적으로 이식되었다는 보고가 있다(Jeon, 1980; 1986). 또한 곡성과 화순은 동일한 그룹으로, 그리고 낙동강 수계를 이루고 있는 나머지 지역인 울진, 청송, 구미, 상주, 울주, 산청, 밀양 및 군위 지역의 동일한 그룹으로 묶었다. 이러한 개체군간의 염기서열의 차이는 태백산맥과 소백산맥 그리고 노령산맥으로 인한 서식지의 격리때문인 것으로 사료된다. 계통수 분석을 통한 꺾지의 기원은 금산·흥천지역과 곡성·화순·낙동강 지역으로 대표되는 두개의 집단을 형성하였다가 어느 시기에 낙동강 수계의 지역과 곡성, 화순지역으로 대표되는 영산섬진강 수계로 분리되어 전체적으로 3개의 집단을 보이며 집단간 유전자의 분명한 차이를 나타내었다. 이와 같은 오랜 동안의 유전적 격리는 꺾지의 외부 형태 차이에서도 발견할 수 있었다. 즉, 등지느러미 극·연조수, 가슴지느러미 연조수, 뒷지느러미 연조수 및 꼬리지느러미 연조수의 차이를 나타내었다. Fu et al (1999)은 새로운 *Coreoperca* 어류의 화석을 근거로 초기 Miocene 시대에서 siniperid 어류의 분화가 시작되었다고 추정하고 있으며, 여러 지역에서 Miocene 시기에 형성된 지층에서 *Coreoperca* 어류와 *Siniperca* 어류의 화석이 발견되었다(Yabumoto and Uyeno, 2000). 이러한 화석과 계통수를 근거하여 꺾지는 지금으로부터 약 1250만년 전에 우리나라에 유입된 것으로 사료된다.

꺾저기는 우리나라의 탐진강에 서식하고 있으며 일본의 경우에는 서부지역에 분포한다. 우리나라와 일본의 꺾저기는 개체군간 106 bp의 염기서열 차이를 보였다. 일본 꺾저기는 20만년 전 Riss 빙하기에 한반도 남부와 일본 서부가 연결되어 대륙으로부터 일본으로 꺾저기의 이주된 것이라고 추정하고 있다(Toshio and Jeon, 1996). 이 연구에서는 꺾지의 조상형인 어류와 동시에 분화되었으며 우리나라와 일본으로 분화된 시기는 지금으로 약 1000만년 전에 분화된 것으로 추정된다.

*Siniperca*에 속하는 쏘가리(*Siniperca scherzeri*)는 우리나라와 중국의 하천에 분포하

고 있다. 쏘가리의 계통진화관계에 대하여 Nishimura (1967)는 쏘가리 속 중 빙하기 말기에 *Siniperca chuatsi*가 마지막으로 분화 되었다고 보고하고 있지만 이 연구에 의하면 *Siniperca scherzeri*보다 *Siniperca chuatsi*의 분화가 먼저 일어났으며 그 시기는 지금으로 약 850만년 전인 것으로 추정된다. 또한, 중국과 우리나라의 쏘가리가 서로 분리된 시기는 약 500만년 전에 일어나는 것으로 사료된다. *Siniperca scherzeri*의 각 개체간 염기서열 차이는 최대 61 bp가 나타났으며 이러한 유전적 차이는 등지느러미의 극조수, 세파수 및 척추골수의 차이에 영향을 준 것으로 사료된다.

꼭저기는 *Coreoperca* 어류 중 *Coreoperca*의 공동 조상으로부터 가장 먼저 분화가 일어났으며 그 후 한국과 일본으로 분리되었다. 꼭저는 꼭저의 조상종으로부터 *Coreoperca whiteheadi*와 서로 독립적으로 분화된 것으로 보이나 특히 꼭저와 *Coreoperca whiteheadi*의 분화에서 낮은 bootstrap 값을 나타내어 분명한 유연관계는 알 수 없었다. 따라서 이들 3종의 분화 시기는 꼭저가 먼저 분화했거나 이들 3종이 비슷한 시각에 각각 분화된 것으로 사료된다.

Siniperca 어류와 *Coreoperca* 어류는 공동의 조상으로부터 독립적으로 진화되었으며 그 후 *Siniperca*와 다금바리(*Nippon spinosus*)의 분화가 일어난 것으로 보이나 낮은 bootstrap 값으로 인하여 분명한 유연관계는 알 수 없었다. 따라서 정확한 계통분류학적 관계를 알기 위해서 유연종의 보강을 통한 보다 세밀한 연구가 필요하다고 생각된다.

또한, Nishimura (1967)는 *Coreoperca*에서 *Siniperca*가 진화된 것이라 보고하였지만 이 연구결과 비록 낮은 bootstrap 값을 나타내고 있지만 *Siniperca*와 *Coreoperca*의 공동 조상으로부터 분화가 일어난 것으로 나타나서 기존의 연구 결과와 달랐다.

따라서, 우리나라 sinipercid 어류의 기원은 꼭저의 경우에는 빙하기보다 이전인 middle Miocene에 벌써 한반도 주변 지역에 분포하여 유전적인 격리가 시작되었고, 이들은 이후 계속된 지리적인 격리에 의해 현재와 같은 큰 유전적인 차이를 나타내고 있으며 한국과 중국의 쏘가리는 Miocene 후기에서 Pliocene 전기에 유전적인 격리가 시작되었다고 생각된다. 결과적으로, 우리나라 담수어류의 기원은 종에 따라 시기적으로 다른 기원을 가지고 한반도에 분포하며 오늘날의 담수 어류상을 나타내는 것으로 생각된다.

V. 요약

이 연구는 cytochrome *b* 유전자 서열을 이용하여 sinipercid 어류 사이에 분자계통진화적 관계와 이를 바탕으로 하여 한반도 분포 기원 및 유전적, 형태적 차이를 조사하였다.

그 결과 cytochrome *b* 유전자 서열은 1141 bp이며 시작 코돈 ATG으로 시작하여 종결 코돈 TAA으로 종결됐다. 서열분석을 통해 1140 bp를 이용하여 cytochrome *bc1* complex를 암호화하고 있는 380 개의 아미노산으로 이루어진 ORF (Open Reading Frame)를 가지고 있는 것으로 추정되었다.

걱지(*Coreoperca herzi*) 내 유전자 차이는 각 개체간 최대 138 bp로 전체 염기서열 중 12.1%에서 나타났고 걱저기(*Coreoperca kawamebari*)는 각 개체간 최대 106 bp로 전체 염기서열 중 9.2%에서 차이를 보였다. 또한 쏘가리(*Siniperca scherzeri*)는 각 개체간 최대 61 bp로 전체 염기서열 중 5.3%의 차이를 나타냈고 *Siniperca chuatsi*는 각 개체간 4 bp로 전체 염기서열 중 0.4%의 차이를 보였다. 이러한 유전자의 차이는 걱지의 경우 등지느러미 극연조수, 가슴지느러미 연조수, 뒷지느러미 연조수 및 꼬리지느러미 연조수의 차이에 영향을 주었으며 쏘가리의 경우 등지느러미 극조수와 척추골수의 차이에 영향을 준 것으로 사료되었다.

유전적 거리(genetic distance)에 근거한 방법을 이용하여 11종 132마리의 계통수를 작성하였다. 그 결과 걱지속(Genus *Coreoperca*)는 monophyletic group 임을 보여주고 있다. 걱지는 크게 3개의 단진화군(Clade)으로 구성되었으며 clade 1은 홍천과 금산 그리고 양양 지역이며 높은 bootstrap 값에 의하여 뒷받침되었다. clade 2는 곡성과 화순 지역이며 높은 bootstrap 값에 의하여 뒷받침되었다. clade 3은 울진, 청송, 구미, 성주, 산청, 밀양, 울주 및 군위 지역이다. 이러한 결과를 통해 걱지(*Coreoperca herzi*)간 분포는 태백산맥과 소백산맥 그리고 노령산맥에 의해 격리되어서 서로 다른 그룹을 형성한 것으로 사료된다. *Coreoperca kawamebari*는 *Coreoperca*의 공동 조상으로부터 가장 먼저 분화하였으며 그 후 걱지와 *Coreoperca whiteheadi*의 분화가 일어난 것으로 나타났으나, 걱지와 *Coreoperca whiteheadi* 분화에서 낮은 bootstrap 값을 나타내어 분명한 유연관계는 알 수 없었다. 따라서, 이들 3종의 *Coreoperca*는 비슷한 시각에 분화되었을 것으로 생각된다. 그리고 우리나라와 일본의 걱저기(*Coreoperca kawamebari*)는 clade를 형성하였고 높은 bootstrap 값에 의하여 뒷받침되었다. 쏘가리 속인 경우 *Siniperca*의 공동 조상으로부터 *Siniperca chuatsi*가 가장 먼저 분화하였으며 그 후 쏘가리(*Siniperca scherzeri*)의 분화가 일어났다. 특히 쏘가리는 이 연구에서 조사한 sinipercid 어류 중 제일 늦게 분화된 것으로 나타났다. 이러한 결과를 종합해볼 때,

sinipercid 어류의 기원은 빙하기 보다 훨씬 이전에 이들 어류들이 한반도에 분포하였으며 이러한 결과로 미루어볼 때 한반도에서의 담수어류의 기원은 종에 따라 시기적으로 차이를 가지고 한반도에 침투하여 분포지역을 형성을 한 것으로 추정된다.



VI. 참고문헌

- Alarcón, J.A., A. Magoulas, T. Georgakopoulos, E. Zouros and M.C. Alvarez. 2004. Genetic comparison of wild and cultivated European populations of the gilthead sea bream (*Sparus aurata*). *Aquaculture*, 230: 65-80.
- Allegrucci, G., A. Caccone and V. Sbordoni. 1999. Cytochrome *b* sequence divergence in the European sea bass (*Dicentrarchus labrax*) and phylogenetic relationship among some Perciformes species. *J. Zool. Syst. Evol. Res.*, 37: 149-156.
- Anderson, S., A.T. Bankier, B.G. Barrell, M.H.L. de Bruijin, A.R. Coulson, J. Drouin, I.C. Eperon, D.P. Nierlich, B.A. Roe, F. Sanger, P.H. Schreier, A.J.H. Smith, R. Staden and I.G. Young. 1981. Sequence and organization of the human mitochondrial genome. *Nature*, 290: 457-465.
- Aposolidis, A.P., Z. Mamuris and C. Triantaphyllidis. 2000. Phylogenetic relationships among four species of Mullidae (Perciformes) inferred from DNA sequences of mitochondrial cytochrome *b* and 16S rRNA genes. *Biochem. System. and Ecol.*, 29: 901-909.
- Bang, I.C., Y.K. Nam, N.C. Hwan, J.T. Park and K.H. Han 2001. Cytogenetic analysis of three Centropomidae species in Korea. *J. Korean Fish. Soc.*, 34(1): 17-20. (in Korean)
- Bickham, J.W., C.C. Wood and J.C. Patton. 1995. Biogeographic implications of cytochrome *b* sequences and allozymes in sockeye (*Oncorhynchus nerka*). *J. Hered.*, 86: 140-144.
- Briolay, J., N. Galtier, R.M. Brito and Y. Bouvet. 1998. Molecular phylogeny of Cyprinidae inferred from cytochrome *b* DNA sequences. *Mol. Phylo. Evol.*, 8(3): 435-442.
- Brilo, R.M., J. Briolay, N. Galtier, Y. Bouvet and M.M. Coelho. 1997. Phylogenetic

- relationships within genus *Leuciscus* (Pisces, Cyprinidae) in Portuguese fresh waters. based on mitochondrial DNA cytochrome *b* sequences. Mol. Phylogenet. Evol., 8(3): 435-442.
- Carr, S.M. and H.D. Marshall. 1991. Detection of intraspecific DNA sequence variation in the mitochondrial cytochrome *b* gene of Atlantic cod (*Adus morhua*) by the polymerase chain reaction. Can. J. Fish. Aquat. Sci., 48: 48-52.
- Cheng, Q. and B. Zheng. 1987. Systematic synopsis of Chinese fishes. Science Press, Beijing, 284-286. (in Chinese)
- Choi, K.C. 1973. On the geographical distribution of fresh water fishes south of DMZ in Korea. Korean J. Lim., 6: 29-36. (in Korean)
- Chyung, M.K. 1977. The fishes of Korea. Iljinsa Publ. Co., Seoul, 302-305. (in Korean)
- Fu, C.P., L.H. Zhang and Y.J. Xing. 1999. Discovery of fossil *Coreoperca* (Perciformes) in China. Vertebrata Palasitia, 37(3): 212-227. (in Chinese)
- Gye, M.C., K.H. Jung and B.S. Yoo. 1997. Studies on the reproduction of *Coreoperca herzi* (Perciformes; Percichthyidae) in the streams flowing into Pukhan River. Korean J. Environ. Biol., 15(2): 201-205. (in Korean)
- Han, K.H., J.T. Park, B.M. Kim, S.H. Oh, S.H. Lee and D.S. Jin. 2000. Spawning behavior and early life history of aucha perch, *Coreoperca kawamebari* from Korea. Korean J. Ichthyol., 12(2): 129-136. (in Korean)
- Han, K.H., J.T. Park, G.H. Jung, J.K. Cho, S.H. Oh and C.S. Hong. 1999. Seeding production of Korean aucha perch, *Coreoperca herzi*. Bull. Mar. Sci. Ins. Yosu Fisheries Univ., 8: 103-110. (in Korean)
- Han, K.H., J.T. Park, G.H. Jung, W.K. Lee, J.Y. Lee and I.C. Bang. 1998. Spawning behavior and early life history of Korean aucha perch, *Coreoperca herzi*

- Herzenstein. Journal of Aquaculture, 11(1): 49-58. (in Korean)
- Hubbs, C.L. and K.F. Lagler. 1964. Fishes of the Great Lakes region. Univ. Michigan Press, pp. 19-26.
- Hwang, Y.J. and C.G. Choi. 1995. On the ichthyofauna of the Tamjin river system. Korean J. Ichthyol., 7(2): 135-139. (in Korean)
- Inoue, J.G., M. Miya, J. Aoyama, S. Ishikawa, K. Tsukamoto and M. Nishida. 2001. Complete mitochondrial DNA sequence of the Japanese eel *Anguilla japonica*. Fisheries Science, 67: 118-125.
- Jeon, S.R. 1986. Studies on the key and distribution of serranid peripheral fresh-water fishes from Korea. Ph.D. Thesis SMWU, 18: 335-355. (in Korean)
- Jeon, S.R. 1983. Studies on the distribution and key of Cobitididae fishes (Cypriniformes) from Korea. Coll. Thesis SMWU, 11: 289-321. (in Korean)
- Jeon, S.R. 1980. Studies on the distribution of fresh-water fishes from Korea. Ph.D. Thesis, Choong-Ang Univ., 85 pp. (in Korean)
- Johns, G.C. and J.C. Avise. 1998. A comparative summary of genetic distances in the vertebrates from the mitochondrial cytochrome *b*. Mol. Biol. Evol., 15(11): 481-490.
- Kim, I.S. 1997. Illustrated encyclopedia of fauna and flora of Korea. Vol. 37. Freshwater fish. Ministry of Education, 629 pp. (in Korean)
- Kocher, T.D. and C.A. Stepien. 1997. Molecular systematics of fishes. Academic Press, New York, 314 pp.
- Kumar, S., K. Tamura and M. Nei. 2004. Integrated software for molecular evolutionary genetics analysis and sequence alignment. Briefings in Bioinformatics, 5(2): 150-163.

- Lee, S.C. 1981. 中國淡水魚類的 分布區劃. 科學出版社, 北京, 292 pp. (in Chinese)
- Lee, W.K., S.I. Jang and J.Y. Lee. 1998. Studies on early life history of the Korean mandarin fish *Siniperca scherzeri* (Perciformes: Centropomidae). Korean J. Ichthyol., 10(1): 1-10. (in Korean)
- Lindberg, G. 1972. 現世淡水魚類の起源. 東海大學出版部, 366 pp. (in Japanese)
- Nakabo, T. 1993. Fishes of Japan with pictorial keys to the species. Tokai Univ. Press, Tokyo, 1162 pp. (in Japanese)
- Nei, M. and S. Kumar. 2000. Molecular evolution and phylogenetics. Oxford Univ. Press, New York, 333 pp.
- Nelson, J.S. 1994. Fishes of the world. John Wiley & Sons, New York, 2-89.
- Nishimura, S. 1967. Origin and history of the far-eastern freshwater *Serranid siniperca* and its allied genera (Teleostei: Percidae). Bull. Osak. Museu. Nat. His., 20: 13-30. (in Japanese)
- Meyer, A. 1993. Evolution of mitochondrial DNA in fishes. pp. 1-38. *In* Molecular biology frontiers, biochemistry and molecular biology of fishes, Vol. 2. Hochachka, P.W. and T.P. Mommsen eds. Elsevier Sci. Pub. AM, 470 pp.
- Mori, T. 1936. Studies on the geographical distribution of fresh water fishes in Korea. Bull. Biogeogr. Soc. Japan, 6: 35-61.
- Masuda, H., K. Amaoka, C. Araga, T. Ueno and T. Yoshino. 1984. The fishes of the Japanese archipelago. Tokai Univ. Press, Tokyo, 370 pp. (in Japanese).
- Park, J.T. 2001. Phylogenetic study of the Centropomidae (Pisces, Perciformes) in Korea. Ph.D. Thesis, Yosu National University, 124 pp. (in Korean)
- Roberts, C.D. 1993. Comparative morphology of spined scales and their phylogenetic significance in the Teleostei. Bull. Mar. Sci., 52(1): 60-113.

- Shirai, S.M., Y. Yabumoto, I.S. Kim and C.G. Zhang. 2003. Phylogeny of siniperid fishes and their relatives inferred from mtDNA cytochrome *b* gene: a preliminary study. Bull. Kitakyushu Mus. Nat. Hist. Hum. Hist., Ser. A, 1: 45-49. (in Japanese)
- Son, Y.M. 1995. On the piscigeography of the freshwater of islands in Korea. Proceeding of '95 ichthyofauna and characteristics of freshwater ecosystem in Korea. 51-62. (in Korean)
- Song, C.B., T.N. Near and L.M. Page. 1998. Phylogenetic relations among percid fishes as inferred from mitochondrial cytochrome *b* DNA sequence data. Mol. Phylo. Evol., 10(3): 343-353.
- Toshio, O. and S.R. Jeon. 1996. Genetic differentiation of the genus *Coreoperca* (Pisces: Serranidae) from Korea. Korean J. Lim., 29(4): 387-391. (in Korean)
- Yabumoto, Y. and T. Uyeno. 2000. *Inabaperca taniurai*, a new genus and species of miocene percoid fish from Tottori Prefecture, Japan. Bull. Natn. Sci. Mus., Tokyo, Ser. C, 26(3,4): 93-106.



감사의 글

석사학위 과정동안 학문의 길이 힘들때 마다 곁에서 자상하게 도닥여 주시고 한편으로 엄하게 꾸짖으시며 졸업 논문 준비부터 마무리까지 꼼꼼하게 살피주신 송춘복 교수님께 깊은 감사의 마음을 전합니다. 그리고 논문을 정성껏 심사해 주시고 격려를 아끼지 않으셨던 허문수, 여인규 교수님께 감사의 말씀을 드립니다. 또한 학위 과정 중 배움의 길로 인도해 주시고 따뜻하게 저를 지켜봐 주신 정상철 교수님, 이기완 교수님, 노섬 교수님, 최광식 교수님, 이제희 교수님, 전유진 교수님, 이경준 교수님, 박근태 교수님께 깊이 감사드립니다.

이 연구를 위해 귀한 샘플을 제공해 주신 낚시 동호회인 격지 사랑의 회원님들과 운영자이신 강태원님께 깊은 감사의 말씀을 전합니다. 특히 청송격지를 제공해 주신 김병철님, 태화강 격지를 제공해 주신 김홍운님, 구미·성주격지와 구미쏘가리를 제공해 주신 임광섭님, 밀양격지를 제공해 주신 이성덕님께 감사의 말씀을 전합니다. 또한, 산청격지를 제공해 주신 한국쏘가리연구소의 김진규 소장님, 울진격지 샘플 채집을 도와주신 경상북도 수산자원개발연구소의 박무역 박사님, 경북격지를 제공해 주신 경상북도 민물고기연구센터의 유동제 박사님, 금강격지 채집을 도와주신 순천향대학교의 마채우 교수님, 양양격지를 제공해 주신 수산과학원 민물고기연구소의 이철호님, 섬진·영산격지를 제공해 주신 한국 민물고기과학관의 김동민님, 가평격지와 임진강 쏘가리를 제공해주신 수산과학원 내수면생태연구소의 이종관 소장님과 김치홍님께 감사의 말씀을 전합니다. 또한, 참고문헌 수집을 도와주신 서원대학교의 손영목 교수님, 중국에서 유학 온 왕린 및 일본에서 유학 온 미시구찌님께 감사의 말씀을 전합니다.

그리고 실험기간동안 크고 작은 여러 가지 도움을 준 우리 어류유전육종실현실의 오상규, 원영득, 양윤철, 한송현, 조미란, 양혜영 그리고 박사과정인 Reza에게 고마운 마음을 전합니다. 또한 석사 과정동안 서로 격려를 아끼지 않았던 동기인 문영건, 양정환에게 감사의 말을 전합니다.

마지막으로 저를 위해 묵묵히 일만 하시며 늘 최선을 다하라고 충고와 조언을 해주신 아버님과 볼 때 마다 격려를 이끼시지 않았던 김명환, 김형진 두분 형님께 감사의 마음을 드립니다. 저의 교향인 평대리 친구들과 부수남, 오승현에게 고마운 말을 전하며 이 연구를 마무리하려 합니다.