



저작자표시-비영리-변경금지 2.0 대한민국

이용자는 아래의 조건을 따르는 경우에 한하여 자유롭게

- 이 저작물을 복제, 배포, 전송, 전시, 공연 및 방송할 수 있습니다.

다음과 같은 조건을 따라야 합니다:



저작자표시. 귀하는 원저작자를 표시하여야 합니다.



비영리. 귀하는 이 저작물을 영리 목적으로 이용할 수 없습니다.



변경금지. 귀하는 이 저작물을 개작, 변형 또는 가공할 수 없습니다.

- 귀하는, 이 저작물의 재이용이나 배포의 경우, 이 저작물에 적용된 이용허락조건을 명확하게 나타내어야 합니다.
- 저작권자로부터 별도의 허가를 받으면 이러한 조건들은 적용되지 않습니다.

저작권법에 따른 이용자의 권리는 위의 내용에 의하여 영향을 받지 않습니다.

이것은 [이용허락규약\(Legal Code\)](#)을 이해하기 쉽게 요약한 것입니다.

[Disclaimer](#)

碩士學位論文

한국산 전갱이과(Carangidae) 어류의  
분자계통분류학적 관계 및 분자동정에 관한 연구

濟州大學校 大學院

海洋生命科學科

金 俊 祥

2012年 2月

한국산 전갱이과(Carangidae) 어류의  
분자계통분류학적 관계 및 분자동정에 관한 연구

指導教授 宋春福

金俊祥

이 論文을 理學 碩士學位 論文으로 提出함

2012 年 2 月

金俊祥의 理學碩士 學位論文을 認准함

審査委員長 허문수 (印)

委 員 전유진 (印)

委 員 송춘복 (印)

濟州大學校 大學院

2012 年 2 月

# Molecular Phylogenetic Relationships and Identification of Korean Carangid Fishes

Joon Sang 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 Life Science  
GRADUATE SCHOOL  
JEJU NATIONAL UNIVERSITY

February, 2012

## 목 차

Abstract .....	i
I. 서 론 .....	1
II. 재료 및 방법 .....	5
1. 실험표본 .....	5
2. 형태형질 측정 .....	5
3. Total DNA 추출 .....	5
4. PCR 증폭 .....	6
5. 염기서열 결정 및 자료 분석 .....	7
6. PCR-RFLP .....	8
III. 결 과 .....	11
1. 전갱이과 미기록종의 기재 .....	11
1) <i>Caranx melampygyus</i> 형태적 특징과 분포 .....	11
2) <i>Scomberoides lysan</i> 형태적 특징과 분포 .....	13
2. 분자계통분류학적 연구 .....	17
1) 염기 구성 편차 및 염기서열 분석 .....	17
2) 유전적 다양성 .....	22
3) 계통유연관계 분석 .....	27
3. 분자동정 .....	39
IV. 고 찰 .....	44
1. 미기록종의 형태적 특징 .....	44
2. 분자계통분류 .....	45
3. 분자동정 .....	47
V. 요약 .....	48
VI. 참고문헌 .....	50
감사의 글 .....	56

## Abstract

The family Carangidae consists of 4 subfamilies, 32 genera, and about 140 species worldwide, whereas there are 3 subfamilies, 16 genera, and 31 species in the Korean waters. Most of these fishes are commercially very important, but their phylogenetic relationships have not been clarified yet. Hence, this study was attempted not only to elucidate molecular phylogenetic relationships among Korean carangid fishes including two newly recorded species in Korea, but also to verify banding patterns of the PCR-RFLP (Polymerase Chain Reaction-Restriction Fragment Length Polymorphism) of the cytochrome oxidase 1 gene for precise identification of carangid eggs and larvae.

Two carangid species, newly collected in Korea, were identified as *Caranx melampygus* and *Scomberoides lysan*. *C. melampygus* is distinguishable from the congeneric species of *C. sexfasciatus* by the following characteristics: no black spot on upper edge of gill cover, the upper jaw not reached posterior margin of eyes, and yellow pectoral fin in juveniles. *S. lysanis* characterized by having head and upper lip connected with skin tissues, no scute on lateral line, and 4 to 5 pairs of black spots on both sides of lateral line.

With DNA sequences representing one nuclear recombination activating gene 2 (Rag2) and two mitochondrial genes, cytochrome *b* (Cytb) and cytochrome oxidase 1 (CO1), phylogenetic analyses have been performed based on neighbor-joining(NJ), maximum parsimony(MP) and maximum likelihood(ML) method of phylogenetic reconstruction with two outgroup species, *Scombrops boops* and *Leiognathus nuchalis*.

As a result, in all analyses with the nuclear Rag2, the current subfamilial classification (Carangini, Naucratiini, Scomberodini, and Trachinotini) appeared to be acceptable and monophyly of each of the subfamily

Carangini and Naucratiini was statistically supported with high bootstrap values, but the support of monophyly for each of the subfamily Scomberodini and Trachinotini was nonetheless unresolved due to a single terminal taxon. The analyses with the mitochondrial *cytb* and CO1 revealed that phylogenetic relationships among subfamilies were not determined because of low statistical support, and the subfamily Carangini was a unique taxon statistically supported as monophyletic subfamily. At the genus level, although the genus *Seriola* appeared to be a paraphyletic taxon grouping with the genus *Naucrates* in most of analyses, these relationships were not statistically supported. Monophyly of the five *Carangoides* species was also rejected because of the frequently changed tree topologies and low bootstrap values.

Finally, the first banding patterns of the PCR-RFLP of the CO1 gene could be divided into a total of 13 groups, and the second banding patterns of each group formed one to four different types of DNA bands. Then each of band types could be assigned to 23 different fish species for simple and precise identification of carangid fishes including their eggs and larvae.

## I. 서론

전갱이과(Carangidae) 어류는 Jacks, Scads, Trevallies, Pampanos 등의 많은 이름으로 불리고 있으며, 태평양, 대서양, 인도양의 전 세계 열대성, 온대성 해역에 널리 분포하고 있다(Gushiken, 1983; Smith-Vaniz, 1999; Nelson, 2006). 이들은 상업적으로 매우 유용한 어류로써, 현재 전세계적으로 4 아과(Subfamily), 32 속(Genus), 140 종(Species)이 보고되었으며(Nelson, 2006), 주변 해역인 일본에서 23속 57종(Gushiken, 1983), 대만에서 22속 54종(Lin and Shao, 1999), 우리나라에서는 16속, 31종이 보고 되었다(Kim et al., 2005; Park et al., 2007; Kim et al., 2008; Lim et al., 2010).

대부분의 전갱이과 어류는 바다에 서식하지만 일부 어린 유어는 담수에서도 생활하며, 강한 육식성 어류이고, 원양의 다양한 수층에서 생활한다(Gushiken, 1983). 이러한 전갱이과 어류는 측선위에 모비늘(Scutes)이 존재하거나, 뒷지느러미 앞쪽에 분리된 1~2개의 가시가 있는 점 등에서 다른 어류와 쉽게 구별된다.

초기 전갱이과 어류에 대한 연구는 형태학적 특징 및 분포, 회유등의 생태학적 특징을 기반으로 이루어졌다. 특히 내부형태적 특징인 골격에 대하여 많은 어류학자들이 관심을 가지고 조사 연구를 하였는데, 전갱이과 어류와 고등어과 어류의 두 개골을 비교하여 유연관계를 추정 한 Starks (1911)의 연구를 시작으로 최근에는 새로운 분류기준으로 쓰이는 gill-arch skeleton을 비교하여 전갱이과 어류내에서의 병치매가리(*Parastromateus niger*)의 위치 및 다른 속, 아과의 유연관계를 비교한 연구(Hilton et al., 2010)까지 다양한 연구들이 활발하게 수행되고 있다.

Smith-Vaniz (1984)는 내부, 외부 형태학적 분류형질을 이용하여 Carangoids에 속하는 5개과(Nematistiidae, Carangidae, Coryphaenidae, Rachycentridae, Echeneididae) 및 전갱이과 내의 속(genus)간 유연관계를 비교, 분석하여 전갱이과가 단계통군(monophyletic group)을 이룬다는 가설을 제시하였고, 이전에는 병치매가리과로 독립되어 있었던 병치매가리를 전갱이과 내로 편입 시켜야 한다고 주장하였다. Gushiken (1988)은 일본 근해산 전갱이과 어류의 골격 및 외부 형태적 특징을 기술하여 전체적으로 Smith-Vanniz (1984)의 분류체계를 따랐지만 그가 제시하지 못한 전갱이아과(Caranginae) 내에서의 속(genus)간의 유연관계를 강조하면



서 전갱이과는 종간 혹은 속간의 형태가 유사하고 분류학적 재검토가 부족했기 때문에 속명변경, 동종 및 이종 등의 문제로 분류학적 혼란이 많이 일어나고 있다고 보고 하였다. 그리고 현재에도 논란이 되고 있는 *Kaiwarinus* 및 *Carangichthys* 두 속을 추가시켰다.

우리나라에서는 Kim (2000)이 한국산 전갱이과 어류 16속 25종에 대하여 골격을 포함하는 내부형태학적 특징 뿐 만 아니라 외부형태학적 특징을 비교 분석하여 이들의 속간, 종간의 유연관계를 제시하였다. 그는 형태학적 특징을 바탕으로 작성한 형질 행렬표(character matrix)를 이용하여 전갱이과 어류를 크게 3개의 그룹으로 설명하였다. 하지만 2번째 그룹인 방어아과에 빨판매가리가 같이 묶여 기존의 계통분류학적 연구들과 다른 결과를 보였고, 방어속, 가라지속 내의 종간의 유연관계도 선행되어진 연구와 차이를 보인다고 보고하면서 DNA 염기서열을 이용한 유전학적인 분석기법의 필요성을 언급하였다.

최근 분자계통학적 연구에서 이용되고 있는 핵 유전자와 미토콘드리아 유전자 염기서열분석 방법은 여러 연구자들에 의해 만들어진 기존의 가설에 대한 내용을 뒷받침하거나 새로운 가설을 제시하고 있다. 핵 유전자 중 하나인 Recombination Activating Gene 2(Rag2) 유전자는 면역 글로빈과 T-세포 수용체 유전자의 재결합에 관련된 단백질을 인코딩하는 유전자로서 척추동물의 전반에 걸쳐서 관찰되고 있으며(Brinkmann et al., 2004), 염기서열이 잘 보존되어 있고 진화를 잘 반영하는 것으로 알려져 있어 어류의 계통분류학적 연구에 많이 사용되고 있다(Fernández, 2004; Roje, 2009). 그리고 미토콘드리아 유전자는 모계유전을 하므로 유전자 재조합 (gene recombination)이 일어나지 않아 종내 혹은 종간의 일련의 점진적인 변화를 관찰할 수 있어 진화적 유연관계를 밝히고 이해하는데 매우 유용하게 사용되고 있다(Irwin et al., 1991; Zhu et al., 1994). 미토콘드리아 유전자 중 하나인 Cytochrome *b*(Cyt*b*)는 보존적인 부분과 반보존적인 영역을 동시에 포함하고 있고 그 단백질 산물은 구조와 기능 및 진화의 측면에서 가장 잘 연구된 분자들 중의 하나이며(Esposti et al., 1993), 또 다른 하나인 Cytochrome Oxidase 1(CO1) 유전자는 세 번째 codon의 치환율이 높은 특성을 가지고 있어 척추동물의 분류군에 있어서 종을 구분하는데 유용하다고 알려져 있다(Baldwin et al., 1996; Hoeh et al., 1996).

유전자 염기서열을 이용한 전갱이과 어류의 분자계통분류학적 연구는 전 세계에

서 두루 이루어지고 있다. 미국의 Reed et al. (2002)은 *Cytb* 유전자를 이용하여 18속 50종에 대한 아과, 속, 종간의 유연관계를 나타내었고, 브라질의 Viaczorek et al. (2002)은 16S rRNA 유전자를 이용하여 Neighbor-Joining 방법을 통해 전갱이과 어류 4속 10종에 대한 계통분류학적 연구를 수행하였다. 그리고 Karaiskou et al. (2003)과 Bekatas and Belduz (2008)는 미토콘드리아 DNA를 이용하여 각각 그리스와 터키에서 서식하는 가라지속(*Trachurus*) 어류에 대한 분자계통분류학적 연구를 수행하였다. Persis et al. (2009)은 인도 해역에 서식하는 전갱이과 어류를 체형에 따라 5가지 그룹(Black pomfrets, Trevellies, Scads, Queen fishes, Papanos)으로 분류하여 이에 따른 종내에서의 유전적 계통유연관계를 해석하였다. 또한, 우리나라 주변국인 중국에서 각각 control region, 16S rRNA 유전자를 이용하여 8속 9종의 속간, 종간의 유연관계를 밝히고(Zhu et al., 2007; Zhu et al., 2008), cytochrome *b* 유전자를 이용하여 12속 23종에 대한 계통분류학적 연구를 수행하였다(Zhu et al., 2007).

한편, 어류의 분류, 생태, 자원량의 평가 등에 있어서 어류의 초기 생활사에 대한 연구는 중요한 부분을 차지하고 있다. 하지만 해산어류의 알은 식별 형질이 뚜렷한 소수의 어종을 제외하고는 동정에 있어 많은 어려움이 따른다. 또한 종 동정 형질로 이용되는 난막의 형태, 투명도, 유구의 개수, 초기 발생단계의 배아 형태 등은 난의 보존 상태에 따라 식별하는데 어려움을 줄 수 있다. 이로 인해 일부 어류를 제외한 대부분의 알은 분류 대상에서 제외되어 기타 어란으로 표기되어 출현 개체 수만을 나타내고 있는 실정이며, 자치어의 경우에도 20~30%는 목(Order), 과(Family) 또는 속(Genus) 수준까지만 동정되거나 미동정종(identified species)으로 발표되고 있다. 따라서 형태형질을 이용한 종동정의 한계를 극복하기 위해 최근 PCR(Polymerase Chain Reaction)방법을 이용한 분자생물학적 연구기법이 시도되고 있다. 특히 PCR-RFLP(Restriction Fragment Length Polymorphism) 방법은 DNA를 염기서열화 할 때 발생하는 비용과 시간을 단축하여 경제적인 측면과 정확한 종동정에 유용하다고 알려져 있다(Cocolin et al., 2000; Dooly et al., 2005; Wang et al., 2006). 이러한 PCR-RFLP 방법은 전 세계적인 DNA barcoding 사업의 일환으로 다양한 종의 염기서열 데이터가 축적되어지고 있어(Ward et al., 2005; Ivanova et al., 2007; Ward et al., 2008) 알·자치어의 종동정에 더욱 유용할 것으로 사료된다.

따라서 본 연구의 목적은 첫째, 제주도 연안에서 새롭게 채집한 전갱이과 미기록어류 2종의 형태학적 특징을 기술하고, 둘째, 아직까지 우리나라에서 이루어지고 있지 않은 전갱이과 어류의 분자계통유연관계와 유전적 다양성에 대한 연구를 통하여 진화와 유전적 특징을 구명하며, 셋째, 형태학적으로 동정이 어려운 난, 자치어의 신속하고 정확한 동정을 위해 한국산 전갱이과 어류(성어)를 제한효소로 처리하여 band pattern을 비교분석하여 분자동정 검색표를 작성하였다.

## II. 재료 및 방법

### 1. 실험표본

본 연구에 사용된 표본은 2010년 8월부터 2011년 8월까지 제주도 및 남해(부산) 주변 해역에서 대형선망, 근해연승, 연안채낚기 어업에 의한 수협위판 어종 및 제주도 동문시장에서 구입하거나 정치망어선에 직접 승선하여 채집한 어종을 대상으로 하였다. 빨판매가리(*Trachinotus baillonii*)는 부경대학교 김진구 교수님으로부터 조직을 제공 받았다.

조사 후 표본은 제주대학교 해양과학대학 어류유전육종실험실의 표본실(Jeju National University, JNU)에 등록, 보관하였다(Table 1).

### 2. 형태형질 측정

현재 국내에 보고되지 않은 미기록 어류 2종(3개체)의 형태형질의 특징을 알아보기 위해서 등지느러미, 가슴지느러미, 배지느러미 및 뒷지느러미의 극조수와 연조수 그리고 새파수 등을 계수하였고, 계측형질은 표준체장, 두장, 안경, 체고, 지느러미 길이, 미병장 등을 표준체장, 두장에 대한 비율로 나타내었다. 기본적인 계수와 계측방법은 Nakabo (2002) 방법을 따랐으며, 그 외는 Gushiken (1983)을 참조하였다.

### 3. Total DNA 추출

30-50 mg의 간이나 기저 근육조직으로부터 Bioneer Genomic DNA Extraction Kit (USA Bioneer, Inc.)을 이용하여 total DNA 시료를 추출하였다. DNA의 농도는 분광광도계(He λios β, Unicam Ltd, UK)를 이용하여 260 nm와 280nm에서의 흡광도를 측정하여 확인하였다.

#### 4. PCR 증폭

핵 DNA 내의 Recombination Activating Gene 2(Rag2) 영역과 미토콘드리아 DNA 내의 Cytochrome *b*(Cyt*b*) Cytochrome Oxidase 1(CO1)을 증폭하기 위하여 NCBI의 GenBank로부터 전갱이과 어류들의 가장 보존성이 높은 염기서열을 확보한 후 다중정렬 하여 forward primer와 reverse primer를 제작하였으며 CO1의 forward primer는 내부의 universal primer cocktails (Ivanova et al. 2006)을 사용하였다(Table 2). 이를 이용하여 각각 Rag2는 총 956 bp, Cyt*b*는 1,141 bp, CO1은 1,551 bp를 증폭하였다.

PCR 반응은 약 100 ng/ $\mu$ l의 genomic DNA 1  $\mu$ l, 10 pmol의 각각의 primer 2.5  $\mu$ l, 10XEx *Taq* reaction buffer 5 $\mu$ l, dNTP Mixture 5 $\mu$ l, *TaKARa Ex Taq* polymerase 0.25 $\mu$ l를 섞은 후, 최종 volume이 50 $\mu$ l가 되도록 3차 증류수를 혼합하여 *TaKaRa* PCR Thermal Cycler Dice (TP600, Takara Bio Inc.)에서 반응시켰다. PCR 반응 주기는 Rag2의 경우, 최초의 denaturing step을 위하여 94°C에서 2분 동안 1회 반응시키고, 그 후 반복주기로써 94°C에서 45초, primer annealing을 위해 53°C에서 1분, primer extension을 위해 72°C에서 2분씩 총 34회를 반응시켰고, 최종적으로 72°C에서 7분 동안 마지막 extension을 실시하였다.

Cyt*b*의 경우, 최초의 denaturing step을 위해 94°C에서 2분 동안 1회 반응시키고, 그 후 반복주기로써 94°C에서 45초, primer annealing을 위해 43°C에서 1분 40초, primer extension을 위해 72°C에서 2분씩 총 34회를 반응시켰고, 최종적으로 72°C에서 7분 동안 마지막 extension을 실시하였다.

CO1의 경우, 최초의 denaturing step을 위해 94°C에서 2분 동안 1회 반응시키고, 그 후 반복주기로써 94°C에서 45초, primer annealing을 위해 53°C에서 2분, primer extension을 위해 72°C에서 2분씩 총 34회를 반응시켰고, 최종적으로 72°C에서 7분 동안 마지막 extension을 실시하였다.

PCR 증폭산물은 1X TAE buffer에 0.5 $\mu$ g/ml ethidium bromide가 첨가된 0.8% agarose (LE Agarose, Cambrex Co.) gel에 PCR 증폭 산물과 1-kb DNA ladder (Takara Co.)를 동시에 loading하여 band의 크기를 비교한 후 유전자를 확인하였다. 그 후 효과적으로 증폭된 산물을 Gel Extraction Kit (Takara Bio Inc., Japan)으로 정제하였다.

## 5. 염기서열 결정 및 자료 분석

정제된 PCR 증폭산물의 sequencing 반응은 전문업체에 의뢰하여 실시하였다. 이를 통해 얻은 자료는 DNAssist (version 2.2) 프로그램을 이용하여 다중 정렬하였고, 육안으로 확인하여 보정하였다.

염기조성, 상호비교 (pairwise comparison)를 위한 염기치환 양상, codon usage 및 각 개체 또는 개체군의 유전거리는 MEGA 5.05 (Tamura et al., 2011) 프로그램으로 계산하였다.

계통진화 분석 시 한 개의 염기에서 두 번 이상의 돌연변이(mutation)가 일어남으로써 생기는 포화 현상은 분석 오류를 유발할 수 있기 때문에 각 codon 위치에서 Kimura-2-parameter 모델로 계산된 distance에 대한 transition 변이와 transversion 변이수를 plotting함으로써 포화도(level of saturation)를 추정하였다.

계통학적 분석은 MEGA 5.05 (Tamura et al., 2011) 프로그램을 이용하여 Neighbor joining(NJ), Maximum parsimony(MP) 및 Maximum likelihood(ML) 계통수를 작성하였다. NJ, MP 방법을 이용한 분석 결과는 계통수에 생성된 각각의 internal node에 대한 신뢰성을 확인하기 위하여 10,000회의 bootstrapping 통계검증(Felsenstein, 1985)을 실시하였다. 계통수의 극성을 결정하기 위한 참조분류군(outgroup)으로는 게르치과(Pomatomidae)의 게르치(*Scombrops boops*), 주둥치과(Leiognathidae)의 주둥치(*Leiognathus nuchalis*)를 사용하였다.

## 6. RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism)

CO1 유전자를 PCR 증폭하기 위한 primer는 미토콘드리아 DNA 내의 CO1 유전자 내부와 주변부 tRNA 서열을 기초로 제작하였으며, forward primer는 CO1 내부의 universal primer cocktails (Ivanova et al., 2006)을 사용하였으며, reverse primer는 tRNA<sup>SEU</sup> 지역을 이용하였다.

PCR 반응은 약 0.1-0.3  $\mu\text{g}$ 의 genomic DNA, 10  $\mu\text{M}$  primers (forward primer와 reverse primer), 각각 2.5  $\mu\text{l}$ ; 10x PCR buffer, 5  $\mu\text{l}$ ; 2.5 mM dNTP, 5  $\mu\text{l}$ ; Ex-Taq polymerase (Takara Bio Inc., Japan), 1 unit를 넣은 다음, 초순수를 이용하여 최종 volume이 50  $\mu\text{l}$ 가 되도록 하였다. PCR 반응주기는 denaturation 94°C 에서 2분 동안 반응시킨 후, denaturation 94°C 45초, annealing 53°C 1분, extension 72°C에서 1분 40초를 총 30회 반복주기를 주었고, 최종 extension 72°C에서 7분간 반응하였다. 증폭된 PCR 산물은 gel purification kit (Bioneer co.)을 이용하여 정제를 한 후 염기서열을 결정하였다. 종 특이적인 PCR-RFLP band 양상이 나타나는 제한효소를 선택하여 종별 제한효소를 처리하여 실험을 수행하였다. 제한효소 처리 방법은 두 개의 방법으로 수행하였으며, 첫 번째 제한효소는 각 개체를 묶을 수 있는 grouping band 양상과 두 번째 제한효소는 grouping 된 개체 간 종을 동정할 수 있는 band 양상으로 가상의 PCR-RFLP band 양상을 통해 선택하였다. Grouping 제한효소 처리방법은 약 0.1-0.3  $\mu\text{g}$ 의 PCR product; 10x restriction buffer, 5  $\mu\text{l}$ ; HincII와 HindIII (Takara Bio Inc., Japan), 1 unit를 넣은 다음, 초순수를 이용하여 최종 volume이 15  $\mu\text{l}$ 가 되도록 하였다. 종 동정 제한효소 처리방법은 약 0.1-0.3  $\mu\text{g}$ 의 PCR product; 10x restriction buffer, 5  $\mu\text{l}$ ; NlaIII (NEB Inc., England), 1 unit를 넣은 다음, 초순수를 이용하여 최종 volume이 15  $\mu\text{l}$ 가 되도록 하였다. 반응이 끝난 제한효소 처리 산물은 1.5% agarose gel에서 전기 영동하여 band 크기를 확인하였으며, 각각의 band 양상을 촬영하여 도식화 하였다.

Table 1. Species, sampling locality and deposite number of carangid fishes

Species	Korean name	Locality	Deposite number
<i>Trachinotus baillonii</i>	빨판매가리	중문동	PKU4351
<i>Scomberoides lysan</i>	가칭	대포동	JNU57
<i>Alectis ciliaris</i>	실전갱이	성산리	JNU67
<i>Carangoides dinema</i>	채찍유전갱이	애월리	JNU426
<i>Carangoides oblongus</i>	미늘전갱이	귀덕리	JNU424
<i>Carangoides ferdau</i>	흑전갱이	동복리	JNU72
<i>Carangoides orthogrammus</i>	노랑점무늬유전갱이	동복리	JNU73
<i>Carangoides uii</i>	유전갱이	신산리	JNU425
<i>Caranx sexfasciatus</i>	줄전갱이	대포동	JNU3
<i>Caranx melampygus</i>	가칭	대포동	JNU4
<i>Decapterus maruadsi</i>	가라지	귀덕리	JNU479
<i>Decapterus muroadsi</i>	갈고등어	부산	JNU406
<i>Decapterus macarellus</i>	풀가라지	귀덕리	JNU48
<i>Elagatis bipinnulata</i>	참치방어	귀덕리	JNU45
<i>Kaiwarinus equula</i>	갈전갱이	제주시 동문시장	JNU27
<i>Naucrates ductor</i>	동갈방어	제주시 동문시장	JNU136
<i>Selar crumenophthalmus</i>	새가라지	김녕리	JNU22
<i>Seriola dumerili</i>	젯방어	귀덕리	JNU47
<i>Seriola lalandi</i>	부시리	제주시 동문시장	JNU430
<i>Seriola quinqueradiata</i>	방어	귀덕리	JNU51
<i>Seriola rivoliana</i>	낫젯방어	김녕리	JNU480
<i>Seriolina nigrofasciata</i>	매지방어	애월리	JNU488
<i>Trachurus japonicus</i>	전갱이	김녕리	JNU490
<i>Uraspis helvola</i>	민전갱이	제주시 동문시장	JNU199
<i>Scombrops broops*</i>	게르치	김녕리	JNU18
<i>Leiognathus nuchalis*</i>	주둥치	낙동강하구	JNU99

\* indicates outgroup species



Table 2. List of PCR primer used in this study

Primer name	Primer sequence (5'-3')	Source
Rag2		
Car_Rag2_F1	GTAAAACGACGGCCAGTTGCTGTTT GYCGCCTYGACCC	This study
Car_Rag2_R1	CGCTCTAGAACTAGTGGATCAGGCA GCATTTGATCCARTAGCC	This study
Car_Rag2_F2	GTAAAACGACGGCCAGTCGYACCCCA AATAAYGAGAT	This study
Car_Rag2_R2	CGCTCTAGAACTAGTGGATCCTGCT GYCYTCCAGCTCRTG	This study
Cytb		This study
Glu_F3	ACCACCGTTGTHNTTCAACTA	This study
Thr_R3	CGGYTTACAAGRCCGRYGTCT	This study
CO1		This study
CO1_22F	TTCTCCACCAACCAYAARGAYATYGG	Ivanova et al. 2006
SER_Thran1	GGGGTTCDAYTCCYYCCTTTCT	This study

### III. 결과

#### 1. 형태학적 특징 및 분류

##### 1) *Caranx melampygus* Cuvier, 1833

*Caranx melampygus* Cuvier, 1833

(Fig. 1; Table 3)

*Caranx melampygus* Cuvier, in Cuvier and Valenciennes, 1833: 116 (New Guinea); Dor, 1984: 127 (Red Sea); Gushiken in Masuda et al., 1984: 155 (Japan); Allen and Swainston, 1988: 72 (Australia); Chen et al., 1997:64 (Nansha Island, China); Lin and Shao, 1999: 55 (Taiwan); Heemstra and Heemstra, 2004: 305 (South Africa); Randall, 2007: 230 (Hawaii).

**관찰표본** : JNU 20100818 (표준체장 113.0 mm), 정치망, 제주도 서귀포시 대포동.

**기재** : D. VIII- I, 23, P. i, 21, V. I, 5, A. II- I, 19, 새파수. 5+ 18, 측선상의 모비늘수. 37. 계측형질 및 계수형질은 Table 3에 나타내었다. 몸은 타원형으로 측편 되어있으며, 머리의 위와 아랫부분은 약간 경사져있다. 주둥이 끝은 뾰족하며, 길이는 눈길이보다 길다. 눈에는 지검(adipose eyelid)이 희미하게 발달되어있다. 윗턱 끝은 눈 중앙을 지나지만 뒤쪽 끝까지는 이르지 못한다. 측선 전반부는 굽어져 있으며, 제 2등지느러미의 4번째 연조 아래에서 직선 모양으로 꼬리지느러미에 도달한다. 측선의 굽은 부분은 직선 부분보다 짧다. 직선 부분의 측선위에 단단하고, 잘 발달된 모비늘(scutes)이 있다. 흉부는 비늘로 완전히 덮혀 있다. 체색은 신선 할 때 등쪽은 어두운 회색, 배쪽은 은회색이다. 등지느러미, 꼬리지느러미는 회색이고, 끝가장자리는 검은색이다. 가슴지느러미의 양 끝은 투명하지만, 중앙부분은 노란색이다. 배지느러미의 시작부분은 노란색이고 뒤쪽부분은 회색이다.

**분포** : 홍해(Dor, 1984), 아프리카 남부(Heemstra and Heemstra, 2004), 오스

트레일리아(Allen and Swainston, 1988), 중국 남부(Chen et al., 1997), 대만(Lin and Shao, 1999), 한국(제주도, 본 연구), 일본(Gushiken in Masuda et al., 1984), 하와이(Randall, 2007)의 인도-태평양의 열대 및 아열대해역(Smith-Vaniz, 1999)에 분포한다.

2) *Scomberoides lysan* (Forsskål, 1775)

*Scomberoides lysan* (Forsskål, 1775)

(Fig. 2; Table 4)

*Scomber lysan* Forsskål, 1775: 54 (type locality, Red Sae).

*Scomberoides lysan*: Gushiken in Masuda et al., 1984: 153 (Japan);  
Smith-Vaniz, 1986: 655 (Seychelles); Kuitert, 1993: 178 (Australia);  
Lin and Shao, 1999: 64 (Taiwan); Randall, 2007: 237 (Hawaii).

**관찰표본** : JNU 20100930-1 (표준체장 334.0 mm), 정치망, 제주도 서귀포시 대포동; JNU 20100930-2 (표준체장 354.0 mm), 정치망, 제주도 서귀포시 대포동.

**기재** : D. VII- I, 20, P. i, 17, V. I, 5, A. II- I, 18~19, 새파수. 7+1+16. 계측형질 및 계수형질은 Table 4에 나타내었다. 몸은 길쭉한 계란형으로 측편되어 있다. 몸의 위쪽과 아래쪽은 거의 대칭형이다. 주둥이 끝은 뾰족하며, 머리 위쪽부분은 약간 오목하다. 윗 입술과 주둥이 사이는 피부조직(skin)으로 연결되어 있다. 위턱 끝은 눈 뒤쪽 끝까지 이른다. 아래턱 이는 2열로 분리되어 있고, 크기는 비슷하다. 몸 중앙의 비늘은 서로 깊숙이 박혀(embedded) 있으며 그 끝은 창모양(lanceolate)이다. 등지느러미와 뒷지느러미는 서로 대칭형으로, 뒤쪽 연조부분은 토막지느러미 형태(semidetached finets)로 되어 있다. 측선은 불규칙적인 형태이지만, 뒤쪽은 거의 직선형으로 되어 있다. 체색은 신선 할 때 등쪽은 회색을 띤 청색, 배쪽은 하얀색이다. 측선 위와 아래 사이에 4~5쌍의 검은 점이 존재한다. 등지느러미, 가슴지느러미, 꼬리지느러미는 검고, 배지느러미와 뒷지느러미는 투명하다. 뒷지느러미의 3~4번째 연조부분에는 검은 점이 존재한다.

**분포** : 홍해(Forsskål, 1775), 아프리카 동부의 세이셸제도(Smith-Vaniz, 1986), 오스트레일리아(Kuitert, 1993), 대만(Lin and Shao, 1999), 한국(제주도, 본 연구), 일본(Masuda et al., 1984), 하와이(Randall, 2007)의 인도-태평양의 열대 및 아열대해역(Smith-Vaniz, 1999)에 분포한다.



Fig. 1. *Caranx melampygus* JNU 20100818, 113.0 mm SL, Set net, Dae-Po, Jeju Island, Korea.



Fig. 2. *Scomberoides lysan* (Forsskål, 1775) JNU 20100930, 334.0mm SL, Set net, Dae-Po, Jeju Island, Korea.

Table 3. Comparison of the morphological characters of *Caranx melampygus*

Morphological characters	Present study	Gushiken (1983)	Lin and Shao (1999)
Standard length (mm)	113 (n=1)	125~207 (n=6)	327~355 (n=2)
Counts			
Dorsal fin rays	VIII- I , 23	VIII- I , 22~23	VIII- I , 22~24
Pectoral fin rays	i ,21	i ,19~20	i ,20
Ventral fin rays	I , 5	-	-
Anal fin rays	II- I , 19	II- I , 18~20	II- I , 19~20
Caudal fin rays	20	-	-
Gill rakers	5+18	7~8+18~19	7~8+18~20
Scutes	37	36~42	36~42
in % of standard length			
Body width	13.7	-	-
Body depth	42.4	-	-
Head length	28.5	-	-
Predorsal fin length	38.1	-	-
Prepectral fin length	30.0	-	-
Preventral fin length	31.6	-	-
Preanal fin length	60.6	-	-
Largest dorsal fin ray	16.4	-	-
Largest pectoral fin ray	29.2	-	-
Largest ventral fin ray	12.9	-	-
Largest anal fin ray	14.3	-	-
Upper jaw length	11.2	-	-
Snout length	8.4	-	-
Interorbital length	8.9	-	-
Orbital length	7.6	-	-
Caudal peduncle length	7.3	-	-
Caudal peduncle depth	4.2	-	-
in % of head length			
Upper jaw length	39.1	-	-
Snout length	29.5	-	-
Interorbital length	31.4	-	-
Orbital length	26.7	-	-

Table 4. Comparison of the morphological characters of *Scomberoides lysan*

Morphological characters	Present study	Gushiken (1983)	Lin and Shao (1999)
Standard length (mm)	334~354 (n=2)	106~335 (n=12)	174~265 (n=2)
Counts			
Dorsal fin rays	VII- I , 20	VII- I , 20~21	VII- I , 19~20
Pectoral fin rays	i ,17	i ,17~18	i ,17~18
Ventral fin rays	I , 5	-	-
Anal fin rays	II- I , 18~19	II- I , 18	II- I , 17~18
Caudal fin rays	16~17	-	-
Gill rakers	7+1+16	7~8+17~18	7~9+17~18
Scutes	37	36~42	36~42
in % of standard length			
Body width	10.1~11.3	-	-
Body depth	26.2~27.2	-	-
Head length	20.9~21.0	-	-
Predorsal fin length	49.4~49.7	-	-
Prepectral fin length	22.3~22.5	-	-
Preventral fin length	23.4~24.3	-	-
Preanal fin length	47.9~50.3	-	-
Largest dorsal fin ray	9.9~10.7	-	-
Largest pectoral fin ray	10.9~11.7	-	-
Largest ventral fin ray	10.3~10.8	-	-
Largest anal fin ray	8.8~9.6	-	-
Upper jaw length	10.6	-	-
Snout length	6.1~6.3	-	-
Interorbital length	6.8	-	-
Orbital length	3.3~3.5	-	-
Caudal peduncle length	5.3~5.6	-	-
Caudal peduncle depth	4.9~5.0	-	-
in % of head length			
Upper jaw length	50.5~50.8	-	-
Snout length	29.2~30.3	-	-
Interorbital length	32.4~32.7	-	-
Orbital length	15.7~16.8	-	-

## 2. 분자계통분류학적 특징

### 1) 염기 구성 편차 및 염기서열 분석

전갱이과 어류 (Carangids)의 분자계통분석을 위해 사용된 24종에 대한 Recombination Activating Gene 2, Cytochrome *b*, Cytochrome Oxidase 1 유전자의 염기서열을(Rag2는 956 bp, *Cytb*는 1,141 bp, CO1은 1,551 bp) 다중정렬 하여 확인하였다.

그 결과 조사된 이들 24종의 미토콘드리아 genome의 부분적인 유전자 순서는 일반적인 척추동물의 유전자 순서와 동일하였다( $tRNA^{Glu} - Cytb - tRNA^{Thr} - tRNA^{Pro}, tRNA^{Tyr} - CO1 - tRNA^{Ser}$ ). 각 유전자의 염기서열에 있어서 염기조성과 편차, codon usage를 Table 5~8에 나타내었다. Table 7, 8는 이들 24종의 *Cytb*, CO1 미토콘드리아 유전자들이 현재까지 연구된 다른 척추동물들처럼 불균등한 염기조성을 가지고 있다는 것을 보여주고 있다. 즉, 전체적으로 낮은 G(Guanine) 염기조성과 거의 균일한 나머지 T(Thymine), C(Cytosine) 및 A(Adenine)의 염기조성을 보여주고 있다. 특히 지금까지 연구된 어류에서처럼(Meyer, 1993; Song et al., 1998; Allegrucci et al., 1999), 첫 번째 코돈 위치에서는 거의 균일한 염기조성을 보이는 반면에 두 번째와 세 번째 코돈 위치에서는 T, C, A에 비하여 G 염기조성이 상대적으로 낮았다. 또한 첫 번째 코돈 위치에서 계산된 염기조성 편차는 두 번째와 세 번째 코돈 위치에서의 편차보다 더 작았다(*Cytb*, all : 0.15, first : 0.04, second : 0.22, third : 0.26; CO1, all : 0.15, first : 0.04, second : 0.15, third : 0.31). 이러한 결과는 기존에 연구된 percid 어류들에서도 나타나고 있다(all : 0.139, first : 0.045, second : 0.217, third : 0.227; Song et al., 1998).

정렬된 24종의 미토콘드리아 유전자 중 *Cytb*의 염기서열은 ATG 개시코돈으로 시작하여 종결코돈(stop codon)으로 예상되는 마지막 염기(T)를 포함하여 총 1,141 bp의 nucleotide들로 이루어져 있었다. 이중 486개의 variable site들과 655개의 conserved site로 구성되었고, variable site 중 414개의 parsimony informative site를 포함하였다. CO1 유전자의 염기서열은 GTG 개시코돈으로 시작하여 TAA 종결코돈으로 끝났으며 총 1,551 bp의 nucleotide들로 이루어져 있었다. 이중 540개의 variable site들과 1,011개의 conserved site로 구성되었고, variable site 중 485개의 parsimony informative site를 포함하였다. 핵 유전자인 Rag2의 염기서열은 965 bp의 nucleotide들로 이루어져 있으며, 302개의 variable site들과 654개의 conserved site로 구성되었고, variable site 중 177개의 parsimony informative site를 포함하였다.



Table 5. Codon usage observed in the cytochrome *b* gene of carangids

UUU(F)	8.0(0.51)	UCU(S)	3.8(1.02)	UAU(Y)	3.5(0.49)	UGU(C)	0.3(0.22)
UUC(F)	23.5(1.49)	UCC(S)	9.0(2.45)	UAC(Y)	10.6(1.51)	UGC(C)	2.7(1.78)
UUA(L)	4.2(0.41)	UCA(S)	7.5(2.04)	UAA(*)	0.0(0.00)	UGA(W)	11.4(1.8)
UUG(L)	1.0(0.10)	UCG(S)	1.0(0.27)	UAG(*)	0.0(0.00)	UGG(W)	1.3(0.20)
CUU(L)	13.8(1.36)	CCU(P)	3.7(0.70)	CAU(H)	2.5(0.43)	CGU(R)	1.4(0.67)
CUC(L)	22.6(2.22)	CCC(P)	11.3(2.13)	CAC(H)	9.4(1.57)	CGC(R)	1.2(0.59)
CUA(L)	14.6(1.43)	CCA(P)	5.3(1.00)	CAA(Q)	5.3(1.74)	CGA(R)	4.4(2.14)
CUG(L)	5.0(0.49)	CCG(P)	0.9(0.17)	CAG(Q)	0.8(0.26)	CGG(R)	1.2(0.59)
AUU(I)	11.2(0.80)	ACU(T)	5.1(0.82)	AAU(N)	4.3(0.45)	AGU(S)	0.2(0.06)
AUC(I)	16.9(1.20)	ACC(T)	11.7(1.86)	AAC(N)	14.5(1.55)	AGC(S)	0.6(0.16)
AUA(M)	4.0(0.92)	ACA(T)	7.2(1.14)	AAA(K)	7.8(1.72)	AGA(*)	0.0(0.00)
AUG(M)	4.7(1.08)	ACG(T)	1.2(0.19)	AAG(K)	1.3(0.28)	AGG(*)	0.0(0.00)
GUU(V)	5.7(0.90)	GCU(A)	4.7(0.60)	GAU(D)	2.2(0.40)	GGU(G)	3.6(0.57)
GUC(V)	10.6(1.68)	GCC(A)	12.3(1.58)	GAC(D)	8.7(1.60)	GGC(G)	9.8(1.53)
GUA(V)	8.0(1.27)	GCA(A)	12.7(1.63)	GAA(E)	4.8(1.73)	GGA(G)	9.4(1.47)
GUG(V)	1.0(0.15)	GCG(A)	1.5(0.19)	GAG(E)	0.8(0.27)	GGG(G)	2.8(0.44)

The number indicates percentage frequency of the codons.

All frequencies are average over carangids taxa. The termination codons were indicated by asterisks and the value in parathesis indicates the bias of codon useage.

Table 6. Codon usage observed in the cytochrome oxidase 1 gene of carangids

UUU(F)	15.8(0.75)	UCU(S)	5.7(1.25)	UAU(Y)	6.3(0.69)	UGU(C)	0.0(0.00)
UUC(F)	26.3(1.25)	UCC(S)	7.1(1.56)	UAC(Y)	11.8(1.31)	UGC(C)	1.0(2.00)
UUA(L)	9.0(0.87)	UCA(S)	8.8(1.91)	UAA(*)	1.0(4.00)	UGA(W)	15.7(1.85)
UUG(L)	0.6(0.06)	UCG(S)	1.1(0.24)	UAG(*)	0.0(0.00)	UGG(W)	1.3(0.15)
CUU(L)	16.2(1.58)	CCU(P)	9.3(1.34)	CAU(H)	3.9(0.40)	CGU(R)	1.6(0.70)
CUC(L)	12.5(1.21)	CCC(P)	7.8(1.13)	CAC(H)	15.5(1.60)	CGC(R)	1.5(0.67)
CUA(L)	18.5(1.81)	CCA(P)	8.3(1.20)	CAA(Q)	5.3(1.78)	CGA(R)	5.2(2.31)
CUG(L)	4.9(0.47)	CCG(P)	2.3(0.33)	CAG(Q)	0.7(0.22)	CGG(R)	0.7(0.31)
AUU(I)	23.0(1.15)	ACU(T)	7.5(0.88)	AAU(N)	5.2(0.68)	AGU(S)	0.8(0.16)
AUC(I)	17.1(0.85)	ACC(T)	8.0(0.94)	AAC(N)	10.1(1.32)	AGC(S)	4.0(0.88)
AUA(M)	9.8(0.79)	ACA(T)	16.0(1.88)	AAA(K)	7.9(1.97)	AGA(*)	0.0(0.00)
AUG(M)	14.8(1.21)	ACG(T)	2.6(0.30)	AAG(K)	0.1(0.03)	AGG(*)	0.0(0.00)
GUU(V)	14.2(1.30)	GCU(A)	12.2(1.00)	GAU(D)	4.0(0.53)	GGU(G)	7.9(0.67)
GUC(V)	10.9(1.00)	GCC(A)	20.8(1.72)	GAC(D)	11.0(1.47)	GGC(G)	12.3(1.05)
GUA(V)	15.8(1.46)	GCA(A)	13.7(1.13)	GAA(E)	9.2(1.67)	GGA(G)	18.2(1.55)
GUG(V)	2.6(0.24)	GCG(A)	1.8(0.15)	GAG(E)	1.8(0.33)	GGG(G)	8.6(0.73)

The number indicates percentage frequency of the codons.

All frequencies are average over carangids taxa. The termination codons were indicated by asterisks and the value in parathesis indicates the bias of codon useage.

Table 7. Base composition at each codon position in the mitochondrial cytochrome *b* gene of carangids

species	Codon composition															
	All				1st				2nd				3rd			
	T	C	A	G	T1	C1	A1	G1	T2	C2	A2	G2	T3	C3	A3	G3
<i>Carangoides ferdau</i>	28.9	32.1	24.4	14.6	22.6	27.6	23.9	26.0	40.8	25.8	20.3	13.2	23.4	42.9	28.9	4.7
<i>Carangoides dinema</i>	27.3	33.8	23.9	14.9	22.6	27.6	23.9	26.0	40.5	26.1	20.3	13.2	18.9	47.9	27.6	5.5
<i>Carangoides orthogrammus</i>	27.5	33.8	23.9	14.7	22.8	27.6	23.6	26.0	40.5	26.1	20.3	13.2	19.2	47.9	27.9	5.0
<i>Carangoides oblongus</i>	27.1	34.2	24.7	14.0	22.0	28.1	24.7	25.2	40.5	26.1	20.3	13.2	18.7	48.4	29.2	3.7
<i>Carangoides uii</i>	28.1	32.6	24.7	14.5	23.4	26.8	24.1	25.7	40.5	26.1	20.3	13.2	20.5	45.0	29.7	4.7
<i>Decapterus muroadsi</i>	27.7	33.2	23.2	15.9	23.9	26.5	23.1	26.5	40.5	26.1	20.0	13.4	18.7	47.1	26.6	7.6
<i>Decapterus maruadsi</i>	27.5	33.3	23.7	15.5	22.8	27.3	23.6	26.2	40.5	26.1	20.0	13.4	19.2	46.6	27.4	6.8
<i>Decapterus macarellus</i>	26.6	34.4	23.7	15.3	22.8	27.3	23.4	26.5	40.5	26.1	20.0	13.4	16.6	49.7	27.6	6.1
<i>Sela crumenophthalmus</i>	31.1	30.8	23.0	15.1	24.1	25.7	23.6	26.5	40.5	26.1	20.0	13.4	28.7	40.5	25.5	5.3
<i>Trachurus japonicus</i>	27.8	32.9	24.2	15.2	22.0	27.8	22.8	27.3	40.5	26.1	20.0	13.4	20.8	44.7	29.7	4.7
<i>Kaiwarinus equula</i>	27.8	33.0	22.5	16.7	23.4	26.5	23.9	26.2	40.5	26.1	20.0	13.4	19.5	46.6	23.7	10.3
<i>Alectis ciliaris</i>	29.3	31.7	24.3	14.7	23.4	26.5	24.1	26.0	40.5	26.3	20.0	13.2	23.9	42.4	28.7	5.0
<i>Caranx sexfasciatus</i>	28.2	32.1	24.9	14.8	23.6	26.5	23.6	26.2	40.5	26.1	20.0	13.4	20.5	43.7	31.1	4.7
<i>Caranx melampygus</i>	28.3	32.0	25.0	14.7	23.6	26.5	23.6	26.2	40.5	26.1	20.0	13.4	20.8	43.4	31.3	4.5
<i>Seriola dumerili</i>	27.2	33.3	23.8	15.7	24.1	26.5	23.6	25.7	41.3	25.5	20.3	12.9	16.1	47.9	27.6	8.4
<i>Seriola lalandi</i>	26.6	34.5	23.0	15.9	23.4	27.6	23.4	25.7	41.1	25.8	20.0	13.2	15.3	50.3	25.8	8.7
<i>Seriola quinqueradiata</i>	26.7	33.8	23.4	16.0	23.9	27.0	23.4	25.7	41.3	25.8	20.0	12.9	15.0	48.7	26.8	9.5
<i>Seriola rivoliana</i>	27.3	33.1	24.6	14.9	24.4	26.2	23.6	25.7	41.3	25.5	20.0	13.2	16.3	47.6	30.3	5.8
<i>Seriolina nigrofasciata</i>	27.6	33.7	23.1	15.6	24.4	26.8	23.9	24.9	41.3	25.8	20.0	12.9	17.1	48.4	25.5	8.9
<i>Elagatis bipinnulata</i>	28.3	32.8	24.1	14.8	24.1	27.3	23.4	25.2	40.5	26.1	20.0	13.4	20.3	45.0	28.9	5.8
<i>Uraspis helvola</i>	27.4	33.9	23.7	15.0	23.1	26.8	24.1	26.0	40.5	26.1	20.3	13.2	18.7	48.9	26.6	5.8
<i>Scomberoides lysan</i>	26.8	34.3	24.3	14.6	21.8	29.4	24.7	24.1	41.3	26.1	19.5	13.2	17.4	47.4	28.7	6.6
<i>Naucrates ductor</i>	29.4	32.1	22.5	16.0	24.9	26.0	23.9	25.2	41.3	25.8	20.3	12.6	22.1	44.5	23.4	10.0
<i>Trachinotus baillonii</i>	27.4	32.3	25.4	14.8	22.3	28.6	23.6	25.5	40.3	26.3	19.5	13.9	19.7	42.1	33.2	5.0
Mean	27.8	33.1	23.9	15.2	23.3	27.1	23.7	25.9	40.7	26.0	20.0	13.2	19.5	46.2	28.0	6.4
Bias*	0.15				0.04				0.22				0.26			

The frequencies are shown as percentages.

\* : 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 8. Base composition at each codon position in the mitochondrial cytochrome oxidase 1 gene of carangids.

species	Codon composition															
	All				1st				2nd				3rd			
	T	C	A	G	T1	C1	A1	G1	T2	C2	A2	G2	T3	C3	A3	G3
<i>Alectis ciliaris</i>	31.2	25.5	25.6	17.7	22.2	21.3	25.0	31.5	41.0	25.7	18.0	15.3	30.4	29.6	33.8	6.2
<i>Carangoides dinema</i>	29.7	26.8	25.6	17.9	20.9	22.6	24.8	31.7	41.0	25.7	18.0	15.3	27.3	32.1	34.0	6.6
<i>Kaiwarinus equula</i>	29.4	27.2	24.2	19.1	21.7	22.1	24.2	32.1	41.0	25.7	18.2	15.1	25.5	33.8	30.4	10.3
<i>Carangoides ferdau</i>	30.4	26.1	25.4	18.1	21.7	21.9	24.8	31.7	41.0	25.7	18.0	15.3	28.4	30.8	33.5	7.4
<i>Naucrates ductor</i>	28.6	28.4	23.5	19.5	21.9	21.9	24.4	31.9	41.0	25.5	18.2	15.3	23.0	37.7	28.0	11.2
<i>Caranx melampygus</i>	30.4	26.3	25.3	18.1	21.9	21.9	24.2	32.1	40.8	25.9	18.0	15.3	28.4	31.1	33.7	6.8
<i>Carangoides oblongus</i>	29.9	26.7	25.6	17.9	21.1	22.4	24.8	31.7	41.0	25.7	18.0	15.3	27.5	31.9	34.0	6.6
<i>Carangoides orthogrammus</i>	30.0	26.4	24.8	18.8	21.3	22.2	24.8	31.7	41.0	25.7	18.0	15.3	27.9	31.1	31.5	9.5
<i>Caranx sexfasciatus</i>	30.8	25.8	25.3	18.1	22.2	21.5	24.2	32.1	40.8	25.9	18.0	15.3	29.4	30.0	33.8	6.8
<i>Carangoides uii</i>	29.5	26.9	25.1	18.5	21.5	21.9	24.8	31.9	41.0	25.7	18.2	15.1	26.1	33.1	32.3	8.5
<i>Decapterus macarellus</i>	28.3	28.5	24.2	19.0	21.1	22.4	24.6	31.9	41.0	25.7	18.2	15.1	22.8	37.3	30.0	9.9
<i>Decapterus maruadsi</i>	29.1	27.5	24.4	18.9	21.3	22.2	24.6	31.9	41.0	25.7	18.2	15.1	25.1	34.6	30.6	9.7
<i>Decapterus muroadsi</i>	28.6	27.9	24.4	19.1	21.9	21.7	24.6	31.9	41.0	25.7	18.2	15.1	22.8	36.4	30.4	10.4
<i>Scomberoides lysan</i>	27.2	29.8	25.4	17.6	20.1	23.0	25.0	31.9	40.8	25.7	18.0	15.5	20.7	40.6	33.3	5.4
<i>Sela crumenophthalmus</i>	29.5	26.8	25.1	18.6	22.1	21.5	24.4	32.1	40.8	25.7	18.2	15.3	25.5	33.3	32.9	8.3
<i>Seriola dumerili</i>	28.4	29.1	23.7	18.8	21.5	22.2	24.0	32.3	41.0	25.5	18.2	15.3	22.6	39.7	28.8	8.9
<i>Seriola lalandi</i>	28.4	28.7	23.9	19.0	21.9	21.9	24.4	31.9	41.0	25.5	18.2	15.3	22.2	38.7	29.2	9.9
<i>Seriolina nigrofasciata</i>	29.9	27.4	23.3	19.5	22.2	21.5	24.2	32.1	41.0	25.5	18.2	15.3	26.3	35.2	27.5	11.0
<i>Seriola quinqueradiata</i>	28.8	28.2	23.5	19.6	21.7	22.1	24.2	32.1	41.0	25.5	18.2	15.3	23.6	36.9	28.0	11.4
<i>Seriola rivoliana</i>	28.7	28.5	23.9	18.9	21.1	22.6	24.0	32.3	41.0	25.5	18.2	15.3	24.0	37.3	29.6	9.1
<i>Trachurus japonicus</i>	30.4	26.6	24.3	18.6	21.9	21.9	24.6	31.7	41.0	25.7	18.2	15.1	28.4	32.3	30.2	9.1
<i>Uraspis helvola</i>	30.0	26.6	25.9	17.6	21.3	22.2	24.8	31.7	41.0	25.7	18.2	15.1	27.7	31.7	34.6	6.0
<i>Elagatis bipinnulata</i>	28.9	28.1	24.1	18.8	21.1	22.4	24.6	31.9	41.0	25.5	18.2	15.3	24.8	36.4	29.6	9.3
<i>Trachinotus bailloni</i>	30.1	27.0	25.7	17.2	21.3	22.4	25.3	30.9	40.8	25.7	18.0	15.5	28.2	32.9	33.7	5.2
Mean	29.4	27.4	24.7	18.5	21.5	22.1	24.5	31.9	41.0	25.7	18.1	15.2	25.8	34.4	31.4	8.5
Bias*	0.15				0.04				0.15				0.31			

The frequencies are shown as percentages.

\* : 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.

## 2) 유전적 다양성

Recombination Activating Gene 2(Rag2), Cytochrome *b*(Cyt*b*), Cytochrome Oxidase 1(CO1) 에 대한 유전적인 다형을 Kimura-2-parameter 거리에 의해 나타내었다.

Rag2에서는 노랑점무늬유전갱이(*Carangoides orthogrammus*)와 흑전갱이(*Carangoides ferdau*)가 0.003으로 종간 최소값을 나타내었고, 다음으로 잭방어(*Seriola dumerili*)와 낮젓방어(*Seriola rivoliana*)가 0.006으로 나타났다. 참조분류군(outgroup)과의 비교에서는 게르치(*Scombrops broops*)와 참치방어(*Elagatis bipinulata*)가 0.107로 유전거리가 가장 가깝게 나타났다(Table 9). 亞科간의 관계에서는 전갱이亞科(Caranginae)와 방어亞科(Naucratinae)가 0.107-0.143으로 특히, 매지방어(*Seriolina nigrofasciata*)와 낮젓방어는 거리가 가장 먼 갈고등어(*Decapterus muroadsi*)보다 참조분류군인 게르치와의 거리(각각, 0.131, 0.125)가 더 가까웠다. 전갱이아과의 속간 유전거리에서 갈전갱이(*Kaiwarinus equula*)는 가라지속(*Decapterus*)과 전갱이속(*Trachurus*)과의 거리가 각각 0.035-0.047, 0.036으로 유전갱이속(*Carangoides*)과의 거리 0.040-0.047보다 가깝게 나타났다. 실전갱이(*Alectis ciliaris*)와 민전갱이(*Uraspis helvola*)는 유전갱이속과의 거리가 각각 0.029-0.036, 0.019-0.023로 비교적 가까운 거리를 나타내었다. 방어아과의 속간 유전거리에서는 동갈방어(*Naucrates ductor*)가 방어속(*Serila*) 어류와 0.014-0.025로 전갱이과 어류 중 속간 유전거리가 가장 가깝게 나타났다. 속 內에서의 유전거리는 유전갱이속이 0.003-0.019, 가라지속이 0.013-0.021, 방어속이 0.006-0.016으로 나타났다.

Cyt*b*에서는 방어(*Seriola quinqueradiata*)와 부시리(*Seriola lalandi*)가 0.085로 종간 최소값을 나타내었고, 다음으로 노랑점무늬유전갱이(*Carangoides orthogrammus*)와 흑전갱이(*Carangoides ferdau*)가 0.088로 나타났다. 참조분류군과의 비교에서는 체형이 유사한 게르치와 전갱이(*Trachurus japonicus*)가 0.241로 유전거리가 가장 가깝게 나타났다(Table 10).

전갱이아과와 방어아과의 유전거리는 0.188-0.264로, 비교대상인 Rag2와 CO1보다 멀었고, 각각의 아과들은 참조분류군과의 거리에서도 세 유전자 중 가장 멀게 나타났다. 전갱이아과의 속간 유전거리에서 갈전갱이는 가라지속 및 전갱이속 어류

와의 거리가 각각 0.164-0.189, 0.171로 유전갱이속 어류와의 거리인 0.170-0.203보다 가깝게 나타났다. 실전갱이와 민전갱이는 유전갱이속과의 거리가 각각 0.138-0.166, 0.133-0.145로 비교적 가까운 거리를 나타내었다. 방어아과의 속간 유전거리에서는 동갈방어가 방어속 어류와 0.130-0.169로 비교적 가깝게 나타났다. 속 內에서의 유전거리는 유전갱이속이 0.088-0.154, 가라지속이 0.100-0.134, 방어속이 0.085-0.143으로 나타났다.

CO1에서는 부시리와 방어가 0.051로 종간 최소값을 나타내었고, 다음으로 줄전갱이와 미기록종이 0.054로 가까웠다. 참조분류군과의 비교에서는 민전갱이와 게르치의 거리가 0.198로써 가장 가깝게 나타났다(Table 11). 전갱이아과와 방어아과의 유전거리는 0.165-0.218로 나타났으며, 전갱이아과와 참조분류군 2종과의 거리는 0.209-0.264, 방어아과와 참조분류군 2종과의 거리는 0.213-0.255로 나타났다. 전갱이아과의 속간 유전거리에서 갈전갱이는 가라지속 및 전갱이속 어류와의 거리가 각각 0.137-0.144, 0.124로써, 전갱이속과 갈전갱이와의 거리는 유전갱이속 어류와 갈전갱이의 거리인 0.136-0.145보다 가깝게 나타났다. 실전갱이와 민전갱이는 유전갱이속과의 거리가 각각 0.127-0.147, 0.115-0.129로 비교적 가까운 거리를 나타내었다. 방어아과의 속간 유전거리에서는 동갈방어가 방어속 어류와 0.086-0.121로 비교적 가깝게 나타났다. 속 內에서의 유전거리는 유전갱이속이 0.055-0.161, 가라지속이 0.068-0.080, 방어속이 0.051-0.098로 나타났다.

Table 9. Kimura-2-parameter distance among species of carangid fishes in the recombination activating gene 2

	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	
<i>Alectis ciliaris</i>	[ 1]																									
<i>Carangoides dinema</i>	[ 2]	0.036																								
<i>Carangoides oblongus</i>	[ 3]	0.032	0.019																							
<i>Carangoides orthogrammus</i>	[ 4]	0.029	0.018	0.003																						
<i>Carangoides uii</i>	[ 5]	0.052	0.047	0.042	0.040																					
<i>Carangoides ferdau</i>	[ 6]	0.069	0.061	0.056	0.056	0.051																				
<i>Kaiwarinus equula</i>	[ 7]	0.069	0.061	0.061	0.061	0.056	0.024																			
<i>Caranx melampygius</i>	[ 8]	0.071	0.060	0.056	0.056	0.039	0.061	0.065																		
<i>Caranx sexfasciatus</i>	[ 9]	0.066	0.058	0.056	0.054	0.035	0.059	0.059	0.013																	
<i>Decapterus macarellus</i>	[10]	0.074	0.071	0.066	0.064	0.047	0.070	0.072	0.021	0.017																
<i>Decapterus maruadsi</i>	[11]	0.072	0.063	0.058	0.056	0.036	0.064	0.069	0.035	0.030	0.044															
<i>Decapterus muroadsi</i>	[12]	0.075	0.073	0.070	0.067	0.048	0.068	0.065	0.057	0.055	0.061	0.059														
<i>Trachurus japonicus</i>	[13]	0.032	0.024	0.023	0.019	0.046	0.061	0.058	0.059	0.055	0.068	0.059	0.065													
<i>Selar crumenophthalmus</i>	[14]	0.117	0.110	0.110	0.110	0.115	0.113	0.108	0.121	0.118	0.130	0.124	0.117	0.107												
<i>Uraspis helvola</i>	[15]	0.129	0.124	0.121	0.120	0.125	0.123	0.129	0.126	0.128	0.138	0.137	0.142	0.124	0.078											
<i>Elagatis bipinnulata</i>	[16]	0.134	0.129	0.123	0.122	0.128	0.128	0.135	0.131	0.135	0.143	0.142	0.141	0.131	0.086	0.037										
<i>Naucrates ductor</i>	[17]	0.121	0.116	0.111	0.110	0.115	0.116	0.121	0.119	0.121	0.133	0.127	0.131	0.114	0.066	0.014	0.028									
<i>Seriolina nigrofasciata</i>	[18]	0.122	0.117	0.111	0.110	0.116	0.117	0.122	0.120	0.122	0.134	0.126	0.133	0.118	0.070	0.019	0.031	0.010								
<i>Seriola lalandi</i>	[19]	0.124	0.119	0.114	0.112	0.120	0.116	0.124	0.124	0.126	0.138	0.132	0.134	0.119	0.071	0.018	0.028	0.008	0.010							
<i>Seriola quinqueradiata</i>	[20]	0.129	0.124	0.119	0.117	0.125	0.121	0.129	0.129	0.131	0.143	0.138	0.139	0.124	0.073	0.025	0.032	0.013	0.016	0.006						
<i>Seriola dumerili</i>	[21]	0.150	0.135	0.135	0.135	0.149	0.150	0.153	0.149	0.149	0.156	0.151	0.156	0.137	0.117	0.131	0.144	0.121	0.126	0.125	0.132					
<i>Seriola rivoliana</i>	[22]	0.134	0.123	0.123	0.123	0.125	0.125	0.125	0.132	0.130	0.139	0.138	0.129	0.124	0.088	0.101	0.107	0.096	0.101	0.098	0.100	0.099				
<i>Scomberoides lysan</i>	[23]	0.145	0.145	0.140	0.139	0.142	0.146	0.140	0.155	0.150	0.153	0.160	0.154	0.143	0.107	0.130	0.131	0.117	0.121	0.120	0.125	0.141	0.115			
<i>Trachinotus bailloni</i>	[24]	0.219	0.217	0.217	0.214	0.218	0.225	0.216	0.240	0.234	0.238	0.247	0.220	0.217	0.207	0.213	0.211	0.211	0.211	0.213	0.217	0.249	0.221	0.166		
<i>Scombrops boops</i>	[25]	0.284	0.256	0.248	0.258	0.260	0.258	0.262	0.253	0.241	0.242	0.245	0.260	0.241	0.276	0.266	0.250	0.280	0.279	0.278	0.268	0.277	0.271	0.278	0.265	
<i>Leiognathus nuchalis</i>	[26]	0.304	0.307	0.294	0.281	0.282	0.297	0.300	0.276	0.305	0.292	0.301	0.288	0.285	0.312	0.276	0.286	0.346	0.315	0.308	0.310	0.302	0.309	0.283	0.298	0.299

Table 10. Kimura-2-parameter distance among species of carangid fishes in the cytochrome *b*

	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	
<i>Alectis ciliaris</i>	[ 1]																									
<i>Carangoides dinema</i>	[ 2]	0.137																								
<i>Carangoides oblongus</i>	[ 3]	0.138	0.090																							
<i>Carangoides orthogrammus</i>	[ 4]	0.166	0.139	0.143																						
<i>Carangoides uii</i>	[ 5]	0.162	0.139	0.142	0.154																					
<i>Carangoides ferdau</i>	[ 6]	0.164	0.137	0.142	0.088	0.153																				
<i>Kaiwarinus equula</i>	[ 7]	0.191	0.173	0.181	0.170	0.203	0.184																			
<i>Caranx melampygus</i>	[ 8]	0.164	0.141	0.156	0.145	0.158	0.146	0.181																		
<i>Caranx sexfasciatus</i>	[ 9]	0.176	0.169	0.161	0.158	0.177	0.155	0.187	0.139																	
<i>Decapterus macarellus</i>	[10]	0.175	0.173	0.170	0.178	0.171	0.165	0.169	0.160	0.177																
<i>Decapterus maruadsi</i>	[11]	0.195	0.175	0.187	0.169	0.188	0.163	0.164	0.166	0.176	0.100															
<i>Decapterus muroadsi</i>	[12]	0.195	0.198	0.192	0.192	0.197	0.172	0.189	0.191	0.189	0.112	0.134														
<i>Trachurus japonicus</i>	[13]	0.180	0.166	0.170	0.166	0.186	0.173	0.171	0.160	0.185	0.137	0.142	0.167													
<i>Selar crumenophthalmus</i>	[14]	0.217	0.200	0.194	0.207	0.204	0.198	0.213	0.190	0.191	0.201	0.210	0.223	0.198												
<i>Uraspis helvola</i>	[15]	0.153	0.145	0.136	0.144	0.136	0.133	0.177	0.165	0.181	0.168	0.165	0.188	0.178	0.190											
<i>Elagatis bipinnulata</i>	[16]	0.196	0.191	0.188	0.194	0.201	0.199	0.203	0.196	0.204	0.201	0.202	0.205	0.198	0.214	0.200										
<i>Naucrates ductor</i>	[17]	0.254	0.251	0.243	0.249	0.249	0.250	0.238	0.241	0.256	0.225	0.213	0.241	0.247	0.243	0.235	0.235									
<i>Seriolina nigrofasciata</i>	[18]	0.237	0.244	0.228	0.225	0.235	0.233	0.243	0.232	0.250	0.221	0.243	0.244	0.218	0.264	0.245	0.224	0.200								
<i>Seriola lalandi</i>	[19]	0.226	0.227	0.217	0.234	0.224	0.233	0.229	0.216	0.245	0.199	0.209	0.218	0.215	0.242	0.212	0.216	0.130	0.180							
<i>Seriola quinqueradiata</i>	[20]	0.243	0.231	0.223	0.226	0.221	0.229	0.228	0.218	0.235	0.213	0.207	0.227	0.222	0.251	0.222	0.213	0.133	0.163	0.085						
<i>Seriola dumerili</i>	[21]	0.223	0.208	0.210	0.216	0.221	0.215	0.215	0.217	0.217	0.211	0.222	0.207	0.213	0.247	0.216	0.199	0.169	0.165	0.127	0.143					
<i>Seriola rivoliana</i>	[22]	0.222	0.209	0.207	0.196	0.216	0.202	0.215	0.210	0.213	0.198	0.217	0.205	0.207	0.234	0.207	0.200	0.164	0.157	0.134	0.137	0.088				
<i>Scomberoides lysan</i>	[23]	0.275	0.250	0.247	0.234	0.257	0.240	0.251	0.237	0.248	0.244	0.244	0.242	0.243	0.259	0.248	0.241	0.280	0.288	0.264	0.257	0.269	0.266			
<i>Trachinotus bailloni</i>	[24]	0.242	0.235	0.225	0.218	0.240	0.218	0.249	0.238	0.251	0.234	0.236	0.246	0.229	0.258	0.245	0.232	0.265	0.271	0.257	0.256	0.258	0.248	0.231		
<i>Scombrops boops</i>	[25]	0.284	0.256	0.248	0.258	0.260	0.258	0.262	0.253	0.241	0.242	0.245	0.260	0.241	0.276	0.266	0.250	0.280	0.279	0.278	0.268	0.277	0.271	0.278	0.265	
<i>Leiognathus nuchalis</i>	[26]	0.304	0.307	0.294	0.281	0.282	0.297	0.300	0.276	0.305	0.292	0.301	0.288	0.285	0.312	0.276	0.286	0.346	0.315	0.308	0.310	0.302	0.309	0.283	0.298	0.299



Table 11. Kimura-2-parameter distance among species of carangid fishes in the cytochrome oxidase 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	
<i>Alectis ciliaris</i>	[ 1]																									
<i>Carangoides dinema</i>	[ 2]	0.129																								
<i>Carangoides oblongus</i>	[ 3]	0.147	0.055																							
<i>Carangoides orthogrammus</i>	[ 4]	0.133	0.124	0.119																						
<i>Carangoides uii</i>	[ 5]	0.127	0.128	0.142	0.161																					
<i>Carangoides ferdau</i>	[ 6]	0.137	0.121	0.117	0.067	0.152																				
<i>Kaiwarinus equula</i>	[ 7]	0.148	0.136	0.140	0.141	0.145	0.142																			
<i>Caranx melampygus</i>	[ 8]	0.134	0.143	0.152	0.144	0.141	0.146	0.137																		
<i>Caranx sexfasciatus</i>	[ 9]	0.134	0.147	0.147	0.138	0.143	0.138	0.140	0.054																	
<i>Decapterus macarellus</i>	[10]	0.161	0.154	0.161	0.154	0.160	0.152	0.144	0.159	0.159																
<i>Decapterus maruadsi</i>	[11]	0.147	0.144	0.156	0.145	0.151	0.155	0.137	0.146	0.154	0.068															
<i>Decapterus muroadsi</i>	[12]	0.163	0.161	0.162	0.164	0.148	0.153	0.144	0.169	0.167	0.076	0.080														
<i>Trachurus japonicus</i>	[13]	0.138	0.151	0.159	0.137	0.153	0.132	0.124	0.145	0.140	0.124	0.103	0.132													
<i>Selar crumenophthalmus</i>	[14]	0.157	0.168	0.173	0.172	0.170	0.171	0.149	0.165	0.156	0.182	0.174	0.174	0.159												
<i>Uraspis helvola</i>	[15]	0.127	0.115	0.120	0.129	0.141	0.126	0.137	0.146	0.153	0.153	0.147	0.153	0.145	0.154											
<i>Elagatis bipinnulata</i>	[16]	0.168	0.176	0.188	0.176	0.175	0.179	0.175	0.188	0.187	0.174	0.165	0.174	0.184	0.178	0.176										
<i>Naucrates ductor</i>	[17]	0.190	0.208	0.209	0.212	0.202	0.202	0.208	0.194	0.198	0.205	0.206	0.207	0.215	0.193	0.204	0.170									
<i>Seriolina nigrofasciata</i>	[18]	0.212	0.209	0.213	0.218	0.211	0.206	0.208	0.211	0.211	0.199	0.204	0.203	0.207	0.205	0.205	0.179	0.150								
<i>Seriola lalandi</i>	[19]	0.182	0.190	0.192	0.202	0.193	0.194	0.187	0.196	0.200	0.187	0.189	0.185	0.203	0.183	0.192	0.156	0.086	0.119							
<i>Seriola quinqueradiata</i>	[20]	0.194	0.203	0.203	0.200	0.194	0.190	0.192	0.187	0.196	0.202	0.204	0.200	0.209	0.187	0.197	0.167	0.099	0.122	0.051						
<i>Seriola dumerili</i>	[21]	0.195	0.200	0.198	0.193	0.193	0.198	0.195	0.209	0.205	0.195	0.199	0.192	0.210	0.187	0.204	0.168	0.114	0.132	0.086	0.098					
<i>Seriola rivoliana</i>	[22]	0.193	0.192	0.190	0.186	0.196	0.189	0.181	0.203	0.196	0.188	0.189	0.184	0.204	0.185	0.201	0.156	0.121	0.135	0.087	0.095	0.056				
<i>Scomberoides lysan</i>	[23]	0.191	0.199	0.199	0.204	0.199	0.203	0.204	0.205	0.197	0.188	0.192	0.197	0.209	0.193	0.196	0.175	0.189	0.203	0.188	0.198	0.195	0.186			
<i>Trachinotus bailloni</i>	[24]	0.187	0.193	0.197	0.195	0.187	0.185	0.187	0.189	0.191	0.197	0.198	0.205	0.188	0.197	0.174	0.170	0.185	0.184	0.179	0.186	0.189	0.175	0.178		
<i>Scombrops boops</i>	[25]	0.215	0.233	0.220	0.216	0.223	0.214	0.214	0.209	0.211	0.225	0.227	0.230	0.211	0.217	0.198	0.232	0.213	0.215	0.213	0.225	0.216	0.214	0.238	0.210	
<i>Leiognathus nuchalis</i>	[26]	0.254	0.261	0.254	0.257	0.250	0.245	0.258	0.239	0.240	0.250	0.254	0.260	0.264	0.254	0.240	0.255	0.246	0.251	0.235	0.245	0.246	0.234	0.246	0.236	0.228

### 3) 계통유연관계 분석

Recombination activating gene 2(Rag2), cytochrome *b*(Cyt*b*), cytochrome oxidase 1(CO1) 유전자를 이용한 계통수(Phylogenetic tree)는 단순성의 원칙(parsimony)과 거리(distance)에 근거한 방법으로 작성하였으며, 작성된 계통수는 총 9개로 각각 Fig. 3~11에 나타내었다.

Rag2 유전자를 이용한 계통수들을 살펴보면 Neighbor-Joining(NJ), Maximum Parsimony(MP), Maximum Likelihood(ML)에서 전갱이과는 모두 2종의 참조분류군에 대해 단진화군(monophyletic group)을 이루고 있음을 알 수 있었다. 이 결과는 NJ, MP, ML 계통수의 bootstrap값이 각각 100%, 99%, 99%로 강하게 지지하고 있었다.(Fig. 3, 4, 5).

NJ 계통수에서 전갱이과는 4개의 亞科를 형성하고 있었다(Fig. 3). 가라지속(*Decapterus*)의 가라지(*D. maruadsii*), 갈고등어(*D. muroadsii*), 풀가라지(*D. macarellus*), 전갱이속(*Trachurus*)의 전갱이(*T. japomicus*), 갈전갱이속(*Kaiwarinus*)의 갈전갱이(*K. equula*), 새가라지속(*Selar*)의 새가라지(*S. crumenophthalmus*), 술전갱이속(*Caranx*)의 미기록종(*C. melampygyus*), 줄전갱이(*C. sexfasciatus*), 실전갱이속(*Alectis*)의 실전갱이(*A. ciliaris*), 민전갱이속(*Uraspis*)의 민전갱이(*U. helvola*), 마지막으로 유전갱이속(*Carangoides*)의 미늘전갱이(*C. dinema*), 노랑점무늬유전갱이(*C. orthogrammus*), 흑전갱이(*C. ferdau*)는 전갱이亞科(Caranginae)를 이루었고, *Scomberoides lysan*은 독립된 어종으로 미기록종속(*Scomberoides*)의 미기록종亞科(Scomberoidinae)를 나타내었으며, 빨판매가리속(*Trachinotus*)의 빨판매가리(*T. baillonii*)는 빨판매가리아과(Trachinotinae)를 나타내었다. 참치방어속(*Elagatis*)의 참치방어(*E. bipinnulata*), 매지방어속(*Seriolina*)의 매지방어(*S. nigrofasciata*), 방어속(*Seriola*)의 부시리(*S. lalandi*), 방어(*S. quinqueradiata*), 잣방어(*S. dumerili*), 낫잣방어(*S. rivoliana*)는 방어亞科(Naucratinae)를 이루었다. 각각의 아과를 자세히 살펴보면, 전갱이아과는 bootstrap값이 100%으로 단진화군을 이루는 것을 알 수 있었다. 초기 분화순서는 낮은 bootstrap 값을 나타내어 통계학적으로 명확하게 밝힐 수가 없었으나 새가라지, 갈전갱이, 전갱이, 가라지속 어류들로 이어지는 분화순서는 비교적 높은 bootstrap값으로 지지하고 있었고, 유전갱이속 어류들은 이들과 sister group을 이루었다.

미기록종아과와 빨판매가리아과는 서로 1종만을 포함하고 있기 때문에 이들의 구체적인 유연관계를 논하기는 어렵지만, 현재 형태학적인 연구를 바탕으로 한 분류체

계(Scomberoidinae, Trachinotinae)를 대부분의 학자들이 따르고 있어 2개의 아과로 분류 할 수 있었다. 그리고 이들은 98%의 높은 bootstrap값을 나타내었다.

방어아과는 단진화군을 이루는 것을 관찰 할 수 있었다. 방어아과에서는 참치방어가 가장 먼저 분화되었고, 다음으로 매지방어가 분화 되었음을 알 수 있었다. 이는 각각 90%, 100%의 높은 bootstrap값으로 지지하고 있었지만 방어속 어류에 동갈 방어속의 동갈방어가 같이 묶여 paraphyletic group을 나타내었다.

MP 계통수는 NJ 계통수와 비슷한 양상을 보였다(Fig. 4). 하지만 미기록종아과+ 빨판매가리아과와 방어아과가 sister group을 이룬 NJ 계통수와는 달리 MP 계통수에서는 전갱이아과와 방어아과가 sister group 형성하였고 이들은 다시 미기록종아과+ 빨판매가리아과와 sister group을 이루는 형태를 관찰 할 수 있었다.

ML 계통수에서도 각 아과의 속간, 종간의 계통유연 관계는 NJ, MP 계통수와 비슷한 모습을 보였다(Fig. 5). 하지만 전갱이과의 초기 분화시기에 높은 bootstrap값(99%)으로 전갱이아과, 방어아과, 미기록종아과+ 빨판매가리아과가 동시에 분화되는 모습을 볼 수 있었다.

*Cytb* 유전자를 이용하여 작성한 계통수를 살펴보면, 3가지 계통수(NJ, MP, ML) 모두에서 전갱이과는 단진화군을 나타내었다. 하지만 다소 낮은 bootstrap값으로 참조분류군과의 계통유연관계를 명확히 밝혀 낼 수는 없었다(Fig. 6, 7, 8).

NJ 계통수는 *Rag2* 유전자의 계통수와 같이 4개의 아과를 형성하였다(Fig 6). 전갱이아과는 단진화군을 이루고 있으며, 새가라지가 가장먼저 분화되었다(bootstrap:88%). 갈전갱이는 전갱이, 가라지속 어류들과 가깝게 묶임을 알 수 있었고 유전갱이속 어류들은 실전갱이, 민전갱이와 같이 묶여 paraphyletic group을 이루었다. *Rag2* 유전자 NJ 계통수에서와 같이 방어아과는 단진화군을 이루었지만 bootstrap값이 57%로 낮았고, 방어속 어류와 매지방어속의 매지방어가 같이 묶여 paraphyletic group을 이루었다. MP 계통수에서는 술전갱이속 어류들의 위치에서 차이를 보였다. 즉 *Rag2*에서는 술전갱이속 어류들이 가라지속, 전갱이속, 갈전갱이속, 새가라지속 어류들과 sister group을 이루었으나, *Cytb*에서 술전갱이속 어류들은 유전갱이속, 실전갱이속, 민전갱이속 어류들과 sister group을 나타내었다.(Fig. 7).

CO1 유전자를 이용하여 작성한 계통수를 보면, 3가지 계통수에서 모두 같은 bootstrap값인 98%로 전갱이과의 단진화군을 강하게 지지하고 있었다(Fig 9, 10, 11). CO1 유전자의 NJ 계통수는 *Cytb* 유전자의 NJ 계통수와 비슷한 양상을 띠었다(Fig. 9). 전갱이아과는 99%의 높은 bootstrap값으로 단계통군을 이루었으며, 새가라지가 가장 먼저 분화하였다. 유전갱이속 어류와 실전갱이, 민전갱이가 같이 묶였고, 갈전갱이는 가라지속 어류, 전갱이와 가깝게 묶였다. 나머지 3개의 아과 역시

단진화군을 이루었지만, 초기 분화시기의 bootstrap값이 낮아 이들의 뚜렷한 계통 유연관계를 밝히기는 어려웠다. 그러나 방어아과 내에서의 유연관계는 Rag2, Cytb 유전자의 NJ 계통수와 같이 동갈방어와 방어속 어류들이 같이 묶이는 현상을 볼 수 있었다. ML 계통수에서는 방어아과에 속하는 참치방어가 전갱이아과, 미기록종 아과+ 빨판매가리아과 같이 묶여 방어아과가 paraphyletic group을 나타내어 Rag2, CO1 유전자의 결과와 다른 모습을 볼 수 있었다(Fig. 11).

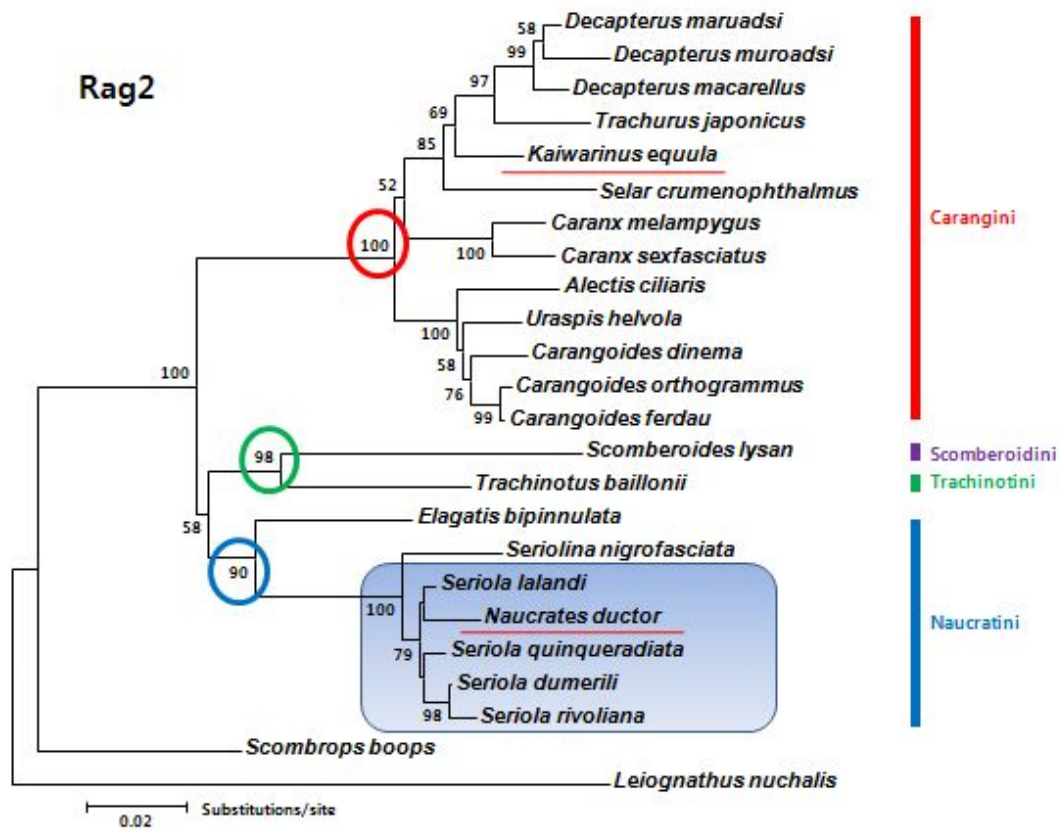


Fig. 3. Neighbor-Joining (NJ) tree based on recombination activating gene 2 DNA sequences obtained from 14 genera with 22 species of family Carangidae and 2 outgroups. Bootstrap values are displayed over 50% internal nodes.

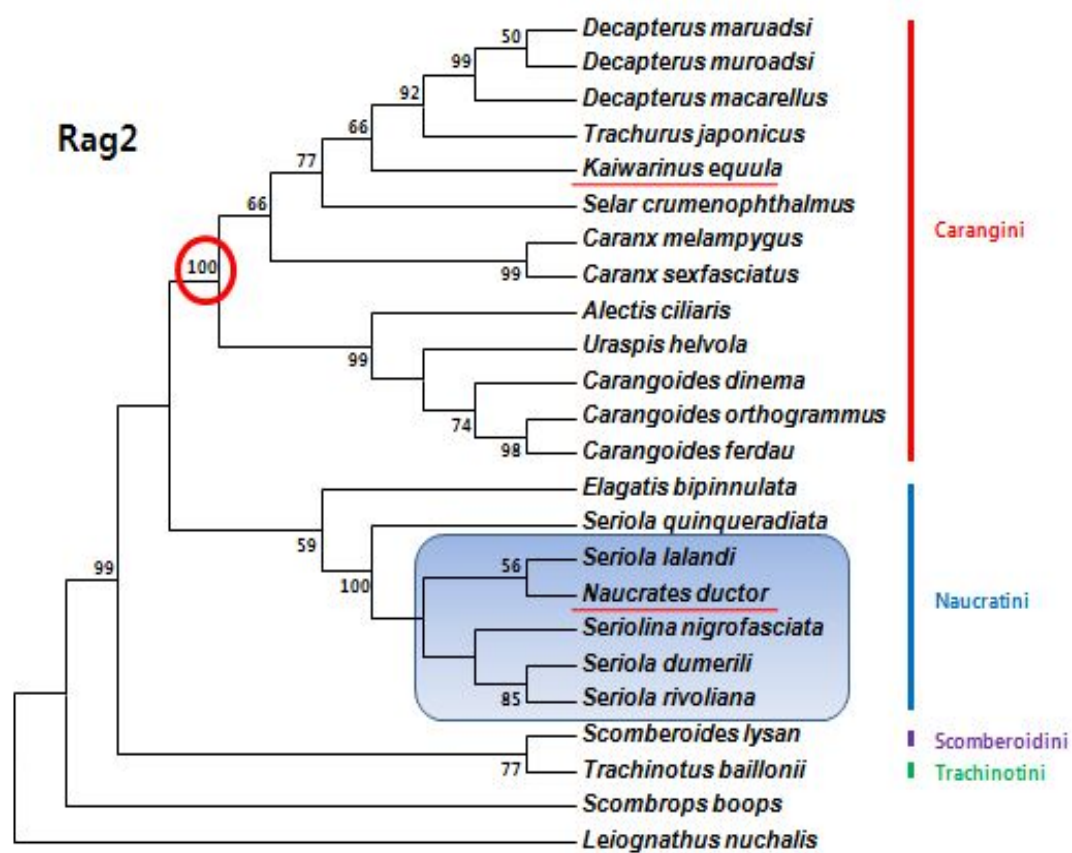


Fig. 4. Maximum-parsimony (MP) bootstrap consensus tree (tree length=684) based on recombination activating gene 2 DNA sequences obtained from 14 genera with 22 species of family Carangidae and 2 outgroups. Bootstrap values are displayed over 50% internal nodes.

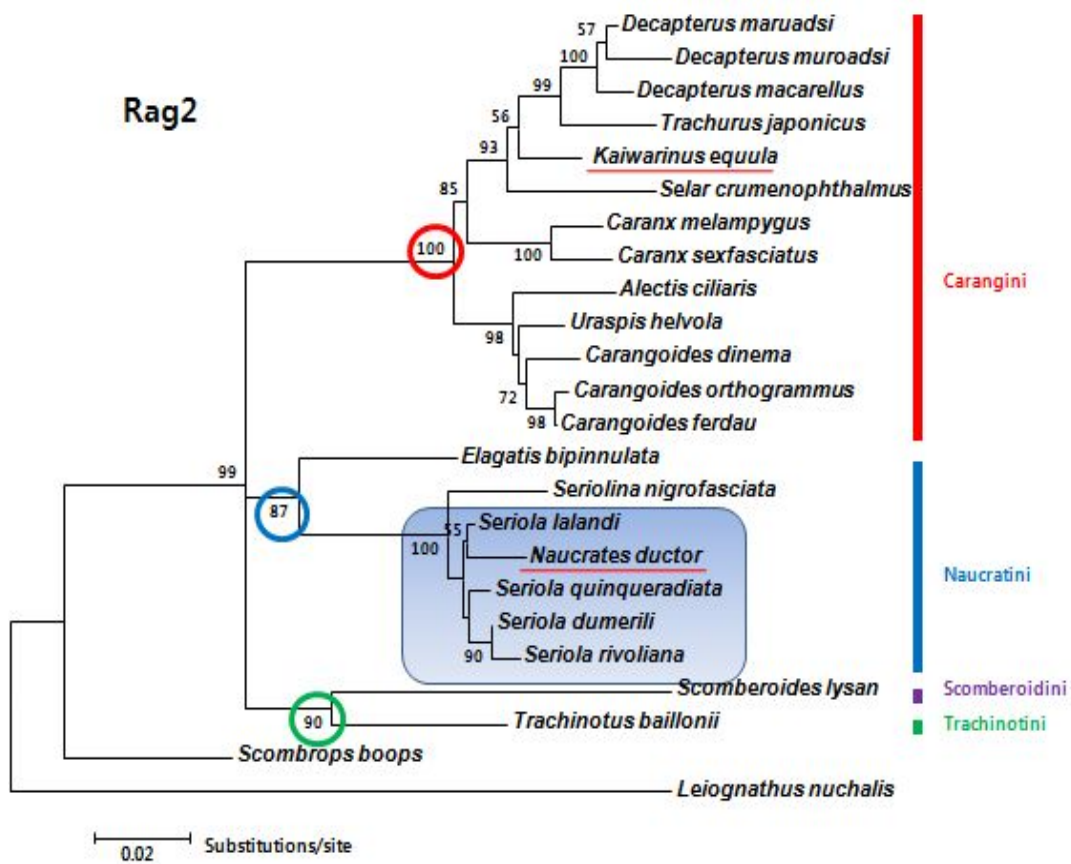


Fig. 5. Maximum-likelihood (ML) tree based on recombination activating gene 2 DNA sequences obtained from 14 genera with 22 species of family Carangidae and 2 outgroups. Bootstrap values are displayed over 50% internal nodes.

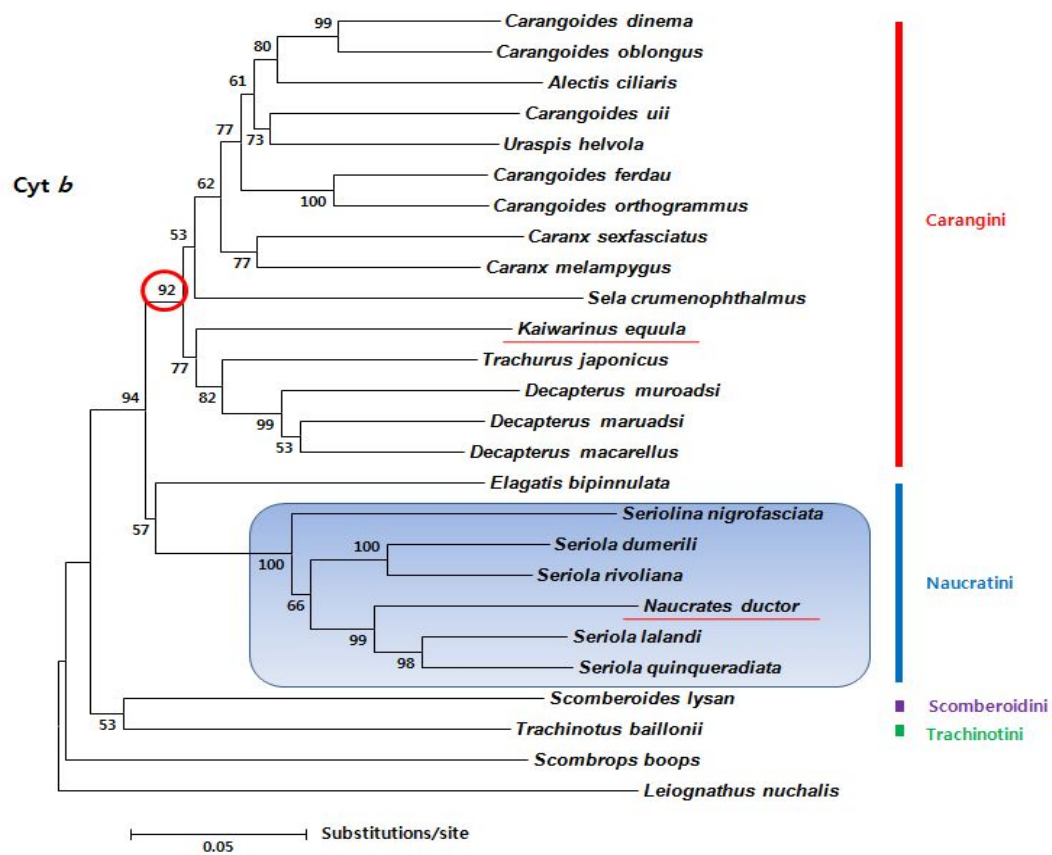


Fig. 6. Neighbor-Joining (NJ) tree based on cytochrome *b* DNA sequences obtained from 14 genera with 24 species of family Carangidae and 2 outgroups. Bootstrap values are displayed over 50% internal nodes.



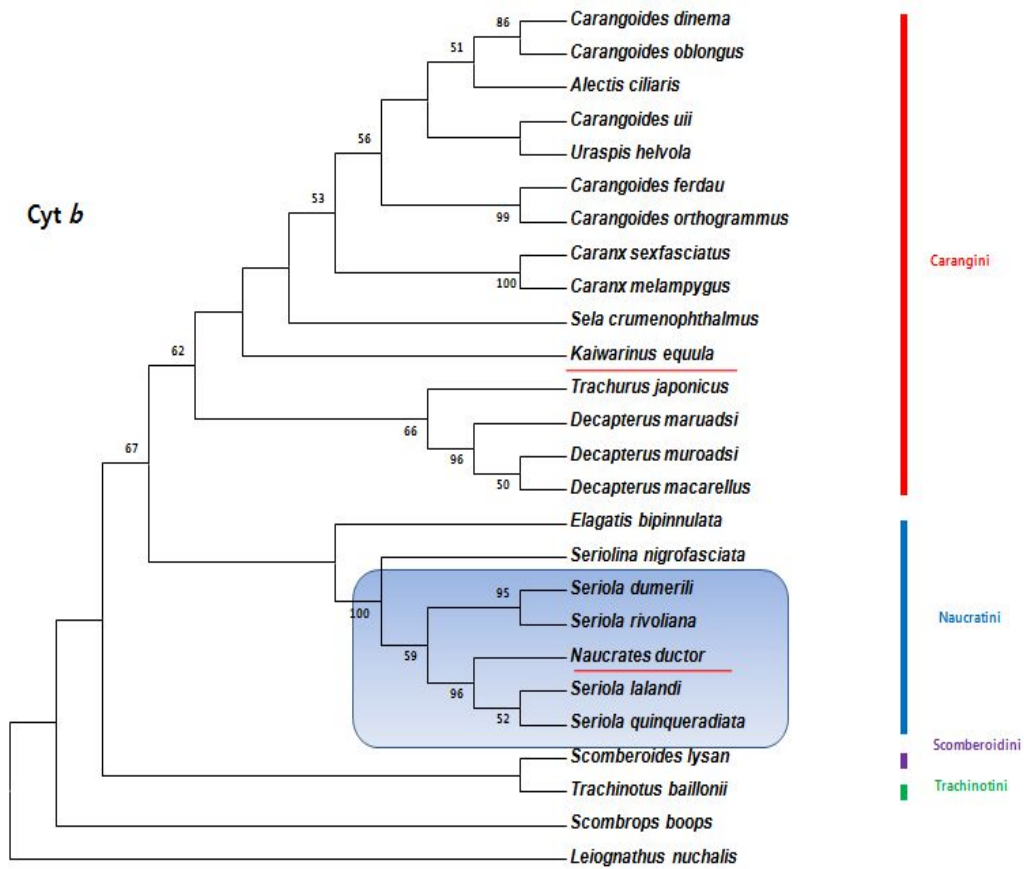


Fig. 7. Maximum-parsimony (MP) bootstrap consensus tree (tree length=2595) based on cytochrome *b* DNA sequences obtained from 14 genera with 24 species of family Carangidae and 2 outgroups. Bootstrap values are displayed over 50% internal nodes.

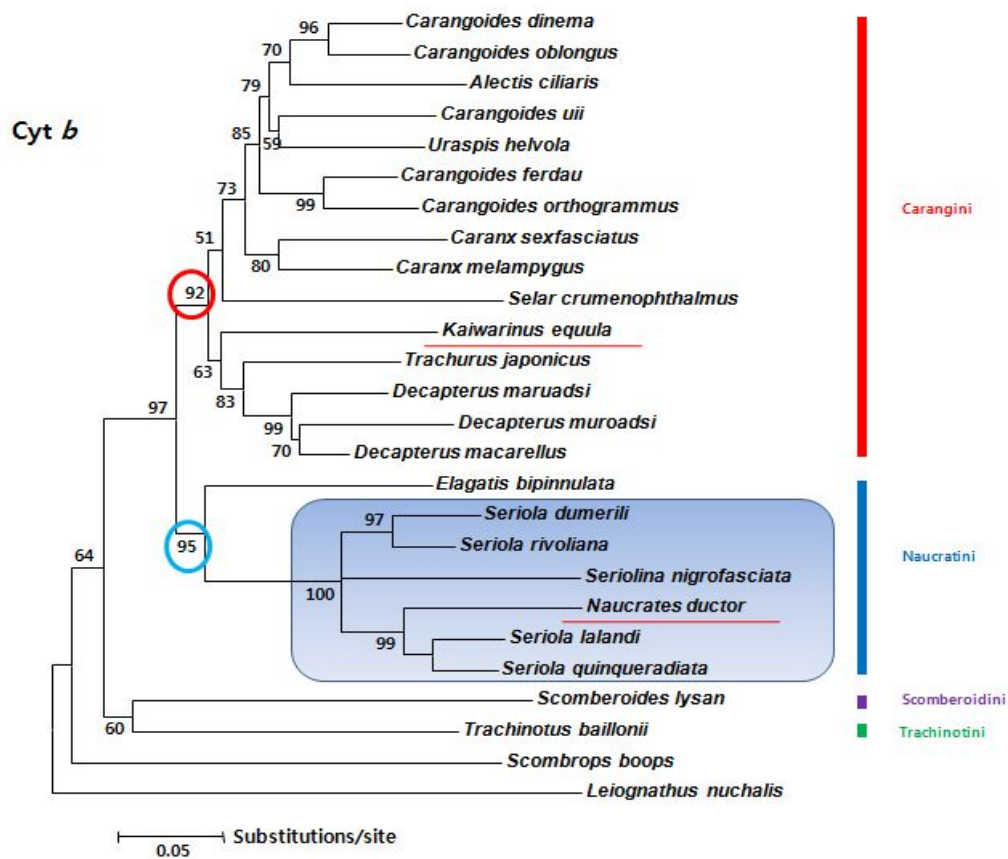


Fig. 8. Maximum-likelihood (ML) tree based on cytochrome *b* DNA sequences obtained from 14 genera with 24 species of family Carangidae and 2 outgroups. Bootstrap values are displayed over 50% internal nodes.

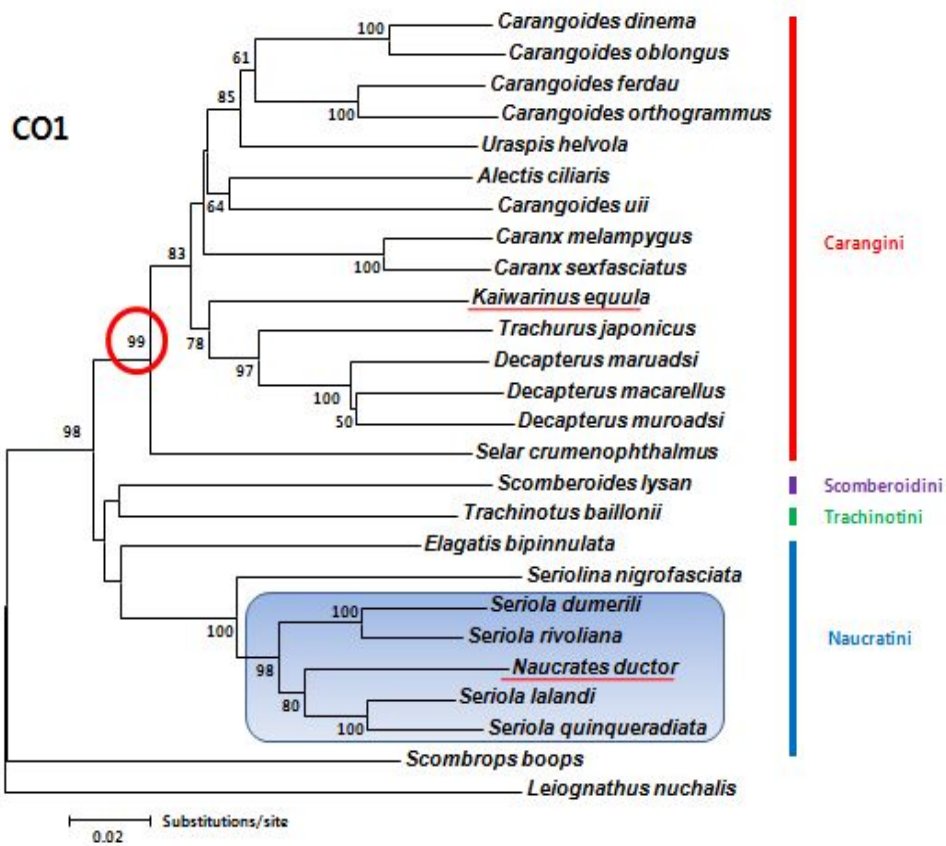


Fig. 9. Neighbor-Joining (NJ) tree based on cytochrome oxidase 1 DNA sequences obtained from 14 genera with 24 species of family Carangidae and 2 outgroups. Bootstrap values are displayed over 50% internal nodes.

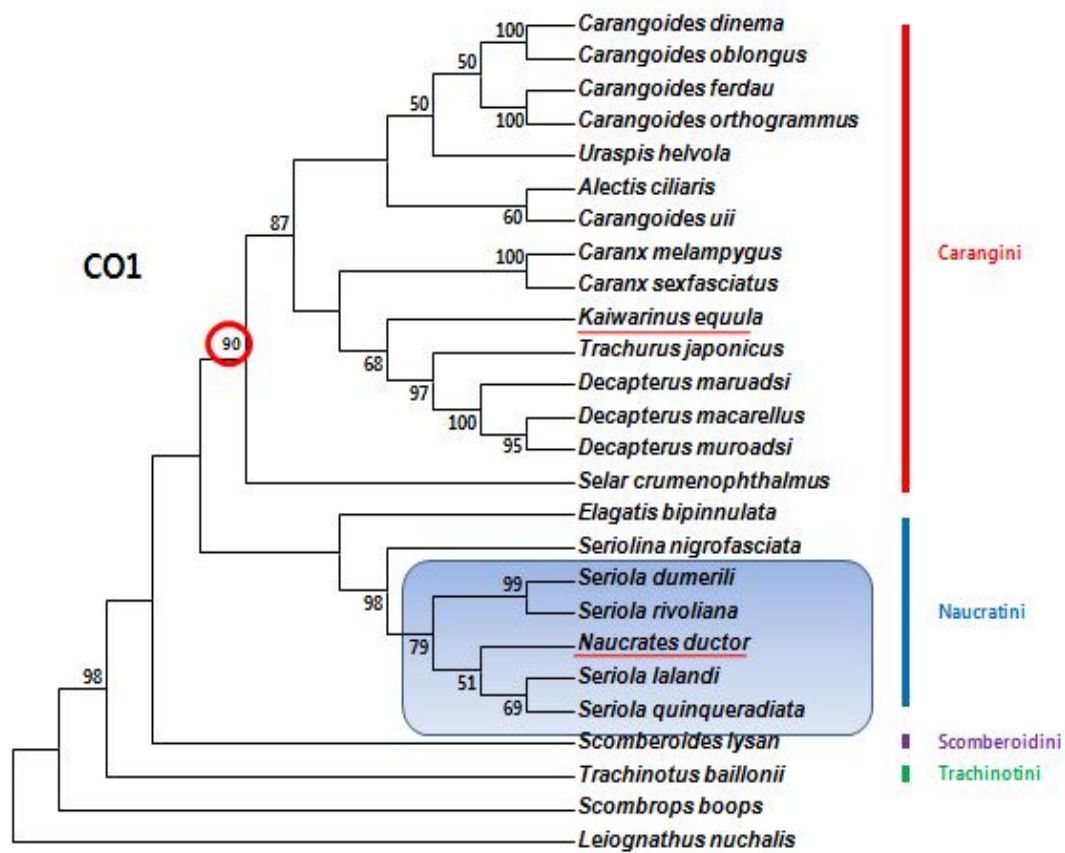


Fig. 10. Maximum-parsimony (MP) bootstrap consensus tree (tree length=2889) based on cytochrome oxidase 1 DNA sequences obtained from 14 genera with 24 species of family Carangidae and 2 outgroups. Bootstrap values are displayed over 50% internal nodes.

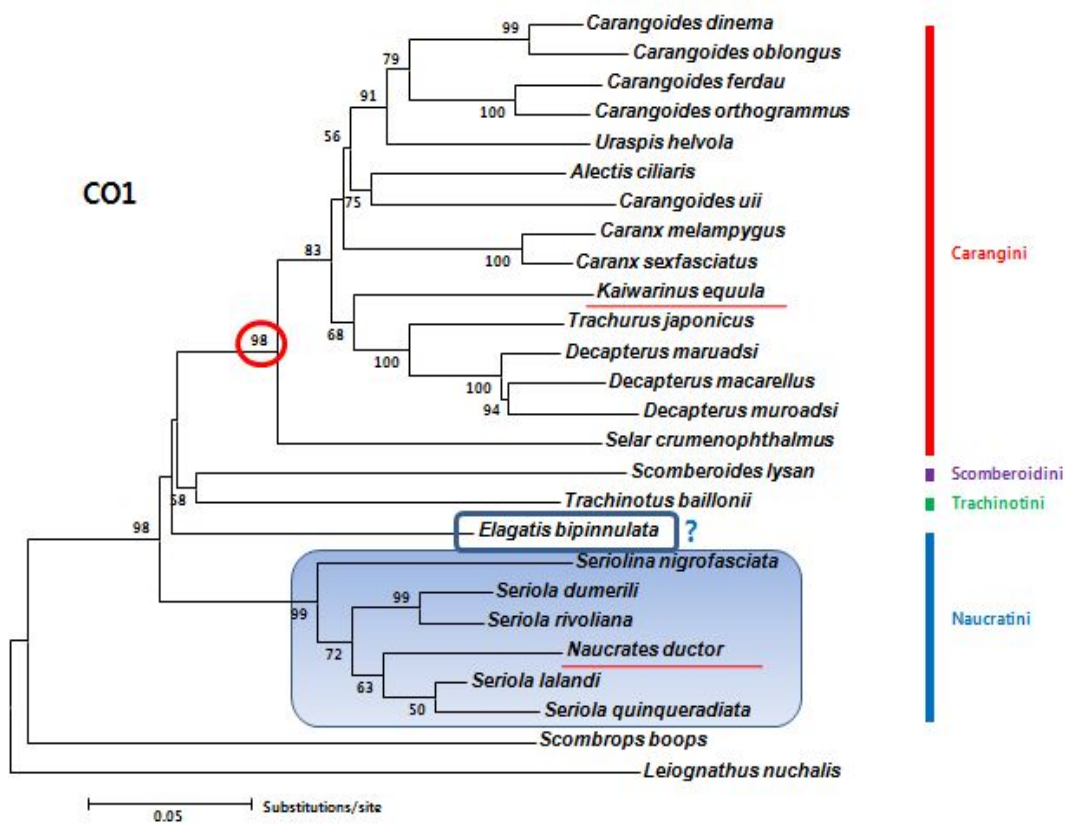


Fig. 11. Maximum-likelihood (ML) tree based on cytochrome oxidase 1 DNA sequences obtained from 14 genera with 24 species of family Carangidae and 2 outgroups. Bootstrap values are displayed over 50% internal nodes.

### 3. 분자동정

Cytochrome Oxidase 1(CO1) DNA를 증폭하여 제한효소 HincII(A)+HindIII(B)를 처리한 결과 23종의 전갱이과 어류들은 13개의 group을 이루었고, 제한효소 NlaIII(C)를 처리하여 각각의 group들은 1~4종의 특이적인 band pattern을 형성하였다(Fig. 12, 13).

Group 1은 가라지, 실전갱이, 전갱이, 동갈방어으로써 제한효소 A+B의 반응이 없었고, 제한효소 C를 처리한 결과 가라지 8개, 실전갱이 8개, 전갱이 8개, 동갈방어 13개의 종마다 특이적인 band 양상을 이루는 것을 관찰 할 수 있었다. Group 2는 낫젓방어으로써 제한효소 A+B를 처리한 결과 1468, 105 bp 2개의 band를 형성하였고, 제한효소 C에서는 종특이적인 8개의 band를 관찰 할 수 있었다. Group 3은 *Caranx melampygyus*와 줄전갱이로써 제한효소 A+B를 처리한 결과 1468, 77, 28 bp의 3가지 band를 형성하였고, 제한효소 C에서는 *C. melampygyus* 7개, 줄전갱이 8개의 특이적 band를 형성하였다. Group 4는 *Scomberoides lysan*의 단일 group으로 제한효소 A+B에서는 1295, 278 bp band, C에서는 종특이적인 8개의 band를 나타내었다. Group 5는 노랑점무늬유전갱이, 흑전갱이, 유전갱이로써 제한효소 A+B처리 결과 1166, 407 bp의 2가지 grouping band를 형성하였고, 제한효소 C에서는 각각 4개, 4개, 9개의 종 특이적인 band를 나타내었다. Group 6은 갈고등어, 부시리, 젓방어이며 제한효소 A+B에서 875, 698 bp band, C에서는 각각 7개, 10개, 8개의 크기가 다른 종 특이적인 band를 형성하였다. Group 7은 갈전갱이, 새가라지이며 제한효소 A+B 처리 결과 798, 698, 78 bp의 grouping band를 관찰 할 수 있었고, 제한효소 C에서는 갈전갱이는 5개, 새가라지는 9개의 band를 형성하였다. Group 8은 매지방어, group 9는 방어이며 각각 11개, 7개의 특이적인 band를 나타내었다. Group 10은 풀가라지, 민전갱이로써 제한효소 A+B 처리 결과 698, 468, 407 bp의 band, C의 처리 결과 풀가라지는 8개, 민전갱이는 6개의 종 특이적인 band를 나타내었다. Group 11~13에는 1종씩 포함되었으며 group 11은 참치방어, 12는 빨판매가리, 13은 미늘전갱이로 확인되었다. 종을 동정하기 위한 C 효소 처리에서는 각각 6개, 10개, 6개의 특이적인 band 양상을 관찰 할 수 있었다.

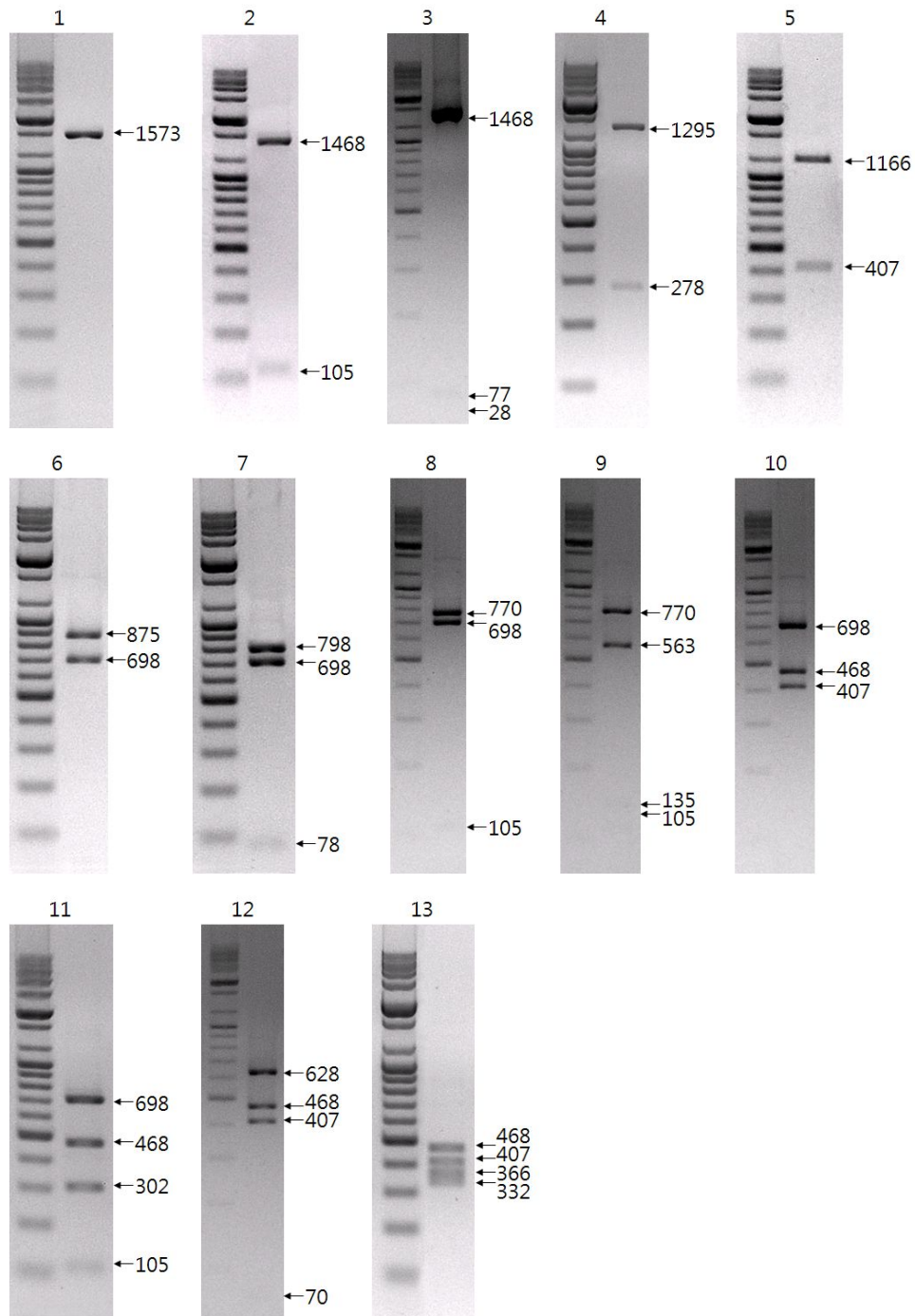


Fig. 12. First band group based on the PCR-RFLP analysis of the CO1 gene after digestion with HincII+ HindIII.

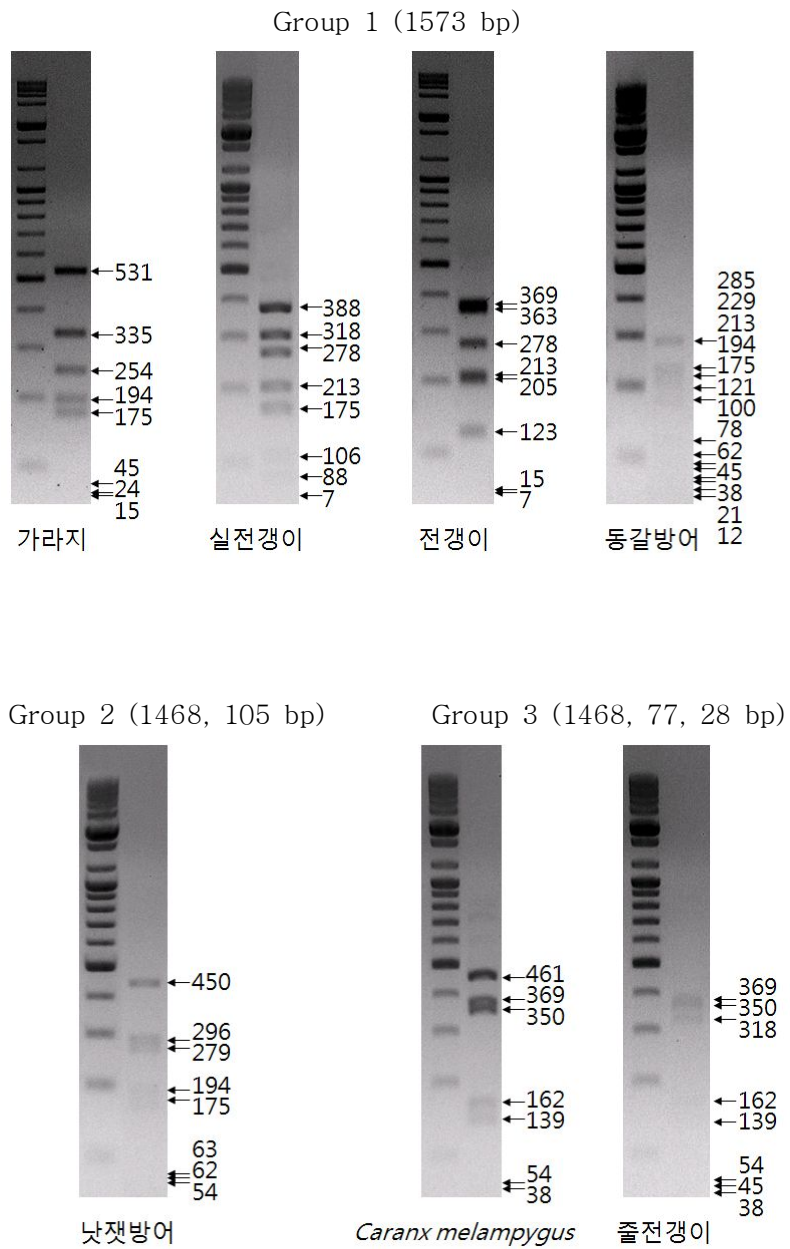
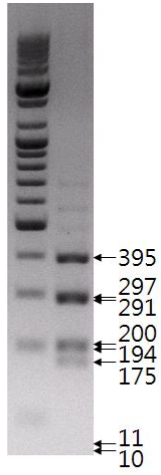


Fig. 13. Second band group for species identification based on the PCR-RFLP analysis of the CO1 gene after digestion with NlaIII.

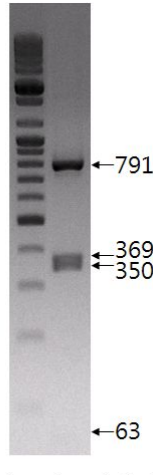


Group 4 (1295, 278 bp)

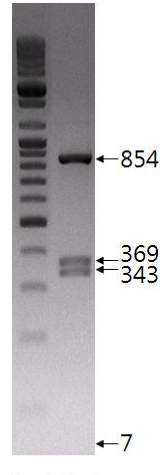


*Scomberoides lysan*

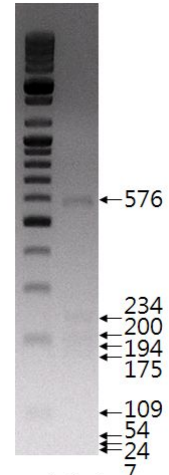
Group 5 (1166, 407 bp)



노랑점무늬유전갱이

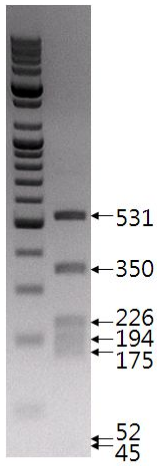


흑전갱이

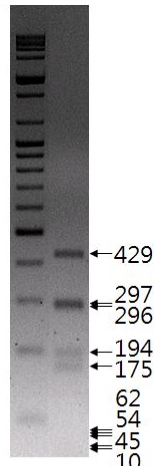


유전갱이

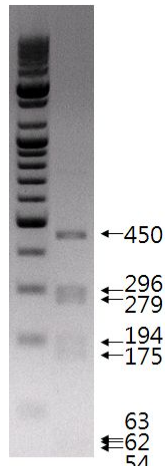
Group 6 (875, 698 bp)



갈고등어

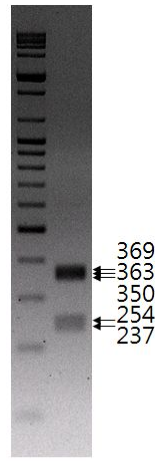


부시리

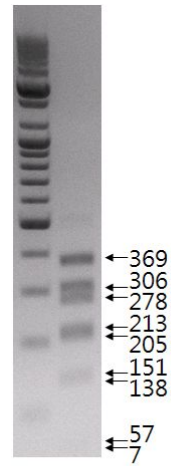


젯방어

Group 7 (798, 698, 78 bp)



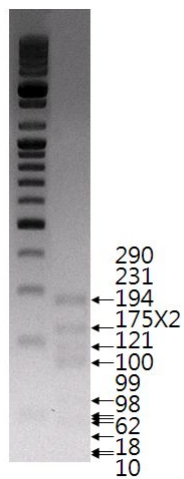
갈전갱이



새가라지

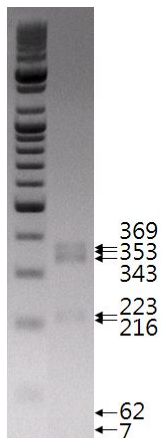
Fig. 13. Continued.

Group 8  
(778, 698, 105 bp)



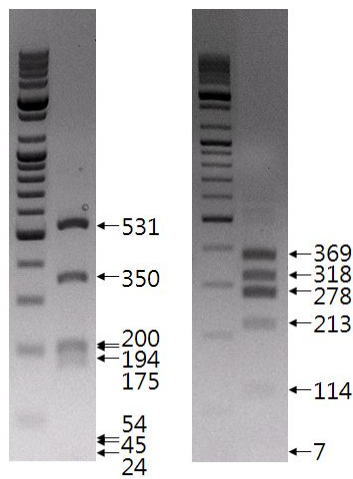
매지방어

Group 9  
(770, 563, 135, 105 bp)



방어

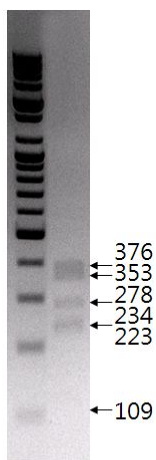
Group 10  
(698, 468, 407 bp)



풀가라지

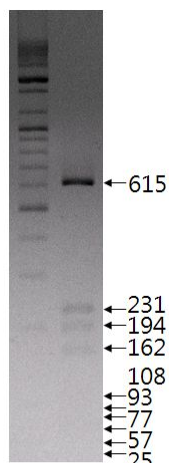
민정갱이

Group 11  
(698, 468, 302, 105 bp)



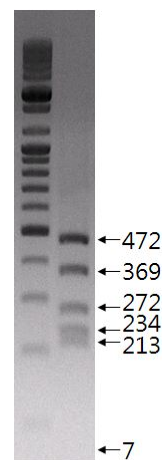
참치방어

Group 12  
(628, 468, 407, 70 bp)



빨판매가리

Group 13  
(468, 407, 366, 332 bp)



미늘전갱이

Fig. 13. Continued.

## IV. 고찰

### 1. 미기록종의 형태적 특징

Kim et al. (2005)은 우리나라에 분포하는 술전갱이속(*Caranx*) 어류를 줄전갱이(*C. sexfasciatus*)와 술전갱이(*C. sp*) 2종이라고 보고하면서 술전갱이는 Mori (1952)가 통영에서 채집하여 *C. bucculentus*로 동정하여 보고하였으나, 이종은 오스트레일리아와 뉴기니 해역에 서식하는 어종으로, 면밀한 검토가 필요하다고 언급하였다.

*Caranx melampygius*는 등쪽 아가미뚜껑 위에 검은 점이 없고, 위턱 길이가 눈 뒤쪽 끝까지 도달하지 않으며 어린 개체들은 가슴지느러미 색깔이 노란색의 형태학적인 특징으로 우리나라에서 분포하는 줄전갱이(*C. sexfasciatus*)와 잘 구별할 수 있다. 본 연구에서 측정한 계수형질은 Gushiken (1983)과 Lin and Shao (1999)의 결과와 가슴지느러미 연조수, 새파수에서 다소 차이를 보이고 있으나 이는 지리적 분포에 따른 차이라고 사료되어지며, 두 가지를 제외한 나머지 형질들은 기존의 연구결과와 잘 일치하고 있다(Table 3).

*Scomberoides* 어류들은 측선에 모비늘(scute)이 없고, 등지느러미 극조는 막에 의해 연결되지 않았으며, 등지느러미와 뒷지느러미 연조의 시작 부분이 거의 같은 특징을 가지고 있다. *S. lysan*은 머리와 윗 입술이 피부조직으로 연결되어 있고, 몸에는 측선 위아래로 4~5쌍의 점이 있으며, 입은 커서 위턱 끝이 눈 뒤쪽 끝까지 도달하는 특징을 가지고 있어 우리나라에 분포하는 유사종인 빨판매가리(*Trachinotus blochii*)와 잘 구별할 수 있다. 또한 계수형질에서도 Gushiken (1983)과 Lin and Shao (1999)의 연구와 잘 일치하는 결과를 관찰할 수 있었다(Table 4).

또한, *S. lysan*은 현재까지 국내에 보고되지 않았던 전갱이과의 새로운 亞科(*Scomberoidinae*)에 속하는 종으로서 그 기재는 분류학적으로 중요하다고 사료된다.

## 2. 분자계통분류

### 1) 亞科간의 계통유연관계

전갱이과 어류의 분류체계는 Starks (1911)가 고등어과 어류들과 골격의 특징을 비교하여 유연관계를 연구 하면서 활발하게 이루어지기 시작하였다. 그는 측선에 있는 모비늘(scute)의 유무, 가슴지느러미의 길이와 모양, 뒷지느러미의 크기, 꼬리자루의 형태 등의 특징으로 전갱이과를 전갱이亞科, 방어亞科, 빨판매가리亞科, Scomberoidinae의 4개 그룹으로 구별하였다. 그리고 Starks (1911)의 가설은 현재에도 많은 어류학자들(Gushiken, 1983; Nelson, 2006; Hilton et al., 2010)에 의해 인정되고 있다. 본 연구의 결과에서도 핵 DNA인 Rag2 유전자의 3가지 계통수에서 다소 높은 bootstrap값으로 4개의 아과에 대한 단지화군을 지지하고 있었다. 하지만 미토콘드리아 DNA인 Cytb와 CO1 유전자에서는 전갱이아과의 단진화군에 대해서만 비교적 높은 bootstrap값을 나타내었고 나머지 아과에서는 낮은 값을 보여 그 관계를 명확히 확인 할 수 없었다.

Gushiken (1988)과 Reed et al. (2002)는 각각 형태학적, Cytb 유전자를 이용한 분자계통분류학적 연구를 통해 이들 4개의 아과에서 전갱이아과+ 방어아과, 빨판매가리아과+ Scomberoidinae의 2개의 sister group이 존재한다고 제안하였다. 이러한 관계는 Cytb 유전자의 3가지 계통수에서 같은 결과를 보였으나 Rag2와 CO1 유전자에서는 각기 다른 결과를 나타내었다. Rag2의 NJ 계통수에서는 방어아과와 빨판매가리아과+ Scomberoidinae가 sister group을 이루었고, ML 계통수에서는 전갱이과의 초기 분화시 비교적 높은 bootstrap값으로 전갱이아과, 방어아과 그리고 빨판매가리아과+ Scomberoidinae가 같이 묶여서 서로 비슷한 시기에 분화 되었을 것이라고 사료된다. CO1 유전자의 NJ 계통수에서는 Rag2 유전자의 NJ 계통수와 같은 결과를 보였고, ML 계통수에서는 방어아과에 속하는 참치방어(*Elagatis bipinnulata*)가 전갱이아과와 같이 묶여 paraphyletic group을 나타내어 이들 간의 명확한 결과를 얻기 위해서는 추후 많은 개체를 대상으로 한 실험이 필요하다고 판단된다.

## 2)속(Genus)간의 계통유연관계

유전갱이속(*Carangoides*) 어류들은 최근까지 분류학적으로 논란이 되고 있다. 형태학적인 연구결과로써 Gushiken (1988)은 대체적으로 Smith-Vaniz (1984)의 분류체계에 따랐지만 미늘전갱이와 채찍유전갱이를 *Carangichthys*속, 갈전갱이를 *Kaiwarinus*속에 포함시켰다. 분자계통분류학적 연구인 Reed et al. (2002)의 결과에서는 *Cytb* 유전자를 이용한 ML 계통수에서 *Carangoides chrysophrys*가 비교적 높은 bootstrap값으로 *Atropus*속 어류와 같이 묶였고, CO1 유전자를 이용한 Persis et al. (2009)의 결과에서도 92%의 높은 bootstrap값으로 *Carangoides malabaricus*가 *Atropus*속 어류와 같이 묶였다. 본 연구에서도 다소 낮은 bootstrap값이지만 *Cytb*, CO1 유전자 계통수에서 유전갱이속 어류들은 실전갱이(*Alectis ciliaris*), 민전갱이(*Uraspis helvola*)와 같이 묶여 paraphyletic group으로 관찰 되었다. 따라서 유전갱이속 어류와 그 주변 group과의 분자진화적관계를 밝히기 위해서는 좀 더 많은 표본과 다양한 유전자를 이용한 연구가 필요 할 것으로 사료된다. 또한, 갈전갱이는 현재 대부분의 어류학자들(Smith-Vaniz, 1999; Lin and Shao, 1999)이 *Carangoides equula*로 사용하여 유전갱이속 어류로 분류하고 있지만 3가지 유전자(Rag2, *Cytb*, CO1) 모두에서 유전갱이속 어류들이 아닌 가라지속 어류, 전갱이와 가깝게 묶이는 것을 관찰 할 수 있었다. 따라서 갈전갱이의 학명은 Gushiken(1988)의 형태학적인 연구결과와 같이 *Kaiwarinus equula*의 독립적인 속명을 사용하는 것이 옳다고 생각된다.

한편, 동갈방어속(*Naucrates*)의 동갈방어(*N. ductor*)는 3가지 유전자의 모든 계통수에서 높은 bootstrap값으로 방어속 어류와 같이 묶여 paraphyletic group을 형성하는 것을 관찰 할 수 있었다. 이러한 결과는 기존의 형태학적인 연구결과와 다소 차이를 나타내어 방어속 어류의 단진화군에 대해 의심이 가는 부분으로써 향후 동갈방어 주변 어류들의 표본을 대상으로 면밀한 검토가 필요할 것이다.

### 3. 분자동정

PCR-RFLP는 다양한 실험동물을 대상으로 분자유전자마커로 활용되어 종 동정, 중간 유연관계 분석, 개체군 분석 등 다양한 분야에서 연구되고 있다(Cocolin et al., 2000; Dooly et al., 2005; Wang et al., 2006). PCR-RFLP 방법을 이용한 동정은 성어 샘플과 난자치어 샘플의 PCR-RFLP band 양상을 비교하여 동정하는 방법으로 제한효소의 종류에 따라 다양한 band 양상을 나타낸다. 본 실험의 결과에서도 전갱이과 어류 23종은 각각 크기가 다른 group band와 group band 내에서 종 특이적인 band를 관찰 할 수 있었다. 또한 이러한 결과는 추 후 전갱이과 어류의 난, 자치어 채집시 유용하게 동정을 할 수 있을 것이라고 사료된다.

이를 바탕으로 전갱이과 어류만이 아닌 다양한 분류군에서 PCR-RFLP 방법을 통해 염기서열화에 드는 비용 및 시간을 절감 하고 정확한 종 동정이 가능할 것으로 생각되어진다.

## V. 요약

전갱이과 어류는 현재 전 세계적으로 4아과 32속 140여종이 보고되었고, 우리나라에는 3아과 16속 31종이 알려져 있다. 이들은 상업적으로 매우 중요한 어류이지만 DNA 염기서열을 바탕으로 한 분자계통분류학적 관계는 아직 명확히 밝혀지지 않았다. 본 연구에서는 아직 보고되지 않은 미기록 어류 2종을 포함하여 한국산 전갱이과 어류의 분자계통분류학적 분석을 수행하였고, 형태적으로 동정이 어려운 난, 자치어의 신속하고, 정확한 동정을 위해 전갱이과 어류의 PCR-RFLP band 양상을 확인하였다.

우리나라에서 처음으로 채집된 2종은 각각 *Caranx melampygus*와 *Scomberoides lysan*으로 동정되었다. *C. melampygus*는 등쪽 아가미뚜껍 위에 검은 점이 없고, 위턱 길이가 눈 뒤쪽 끝까지 도달하지 않으며 어린 개체들은 가슴지느러미 색깔이 노란색의 형태학적인 특징으로 우리나라에서 분포하는 줄전갱이(*C. sexfasciatus*)와 잘 구별 할 수 있다. *S. lysan*은 측선에 모비늘(scute)이 없고, 머리와 윗 입술이 피부조직으로 연결되어 있으며, 몸에는 측선 위아래로 4~5쌍의 검은 반점이 존재하는 특징을 나타낸다.

핵 DNA의 recombination activating gene 2(Rag2)과 미토콘드리아 DNA의 cytochrome *b*(Cytb), cytochrome oxidase 1(CO1)의 염기서열을 토대로 Neighbor-Joining(NJ), Maximum Parsimony(MP), Maximum Likelihood(ML) 분석을 수행하였고 참조분류군(outgroup)로는 게르치(*Scombrops boops*)와 주둥치(*Leiognathus nuchalis*)를 사용하였다. 유전자 분석 결과 한국산 전갱이과 어류는 단진화군(monophyletic group)으로 밝혀졌으며 전갱이아과, Scomberoidinae, 빨판매가리아과, 방어아과의 4개의 그룹으로 나누어졌다.

아과간의 유연관계에서는 Rag2 유전자의 모든 계통수에서 각 아과들이 다소 높은 bootstrap값을 나타내어 단진화군으로 관찰 되었다. 하지만 Cytb와 CO1 유전자의 계통수에서는 전갱이아과의 단진화군에 대해서만 높은 bootstrap값을 나타내고 있을 뿐 나머지 아과에 대해서는 명확한 결과를 나타내지 못했다. 또한, Cytb 유전자의 3가지 계통수는 선행 되어진 연구 결과와 같이 전갱이아과와 방어아과가 sister group을 이루었고, Scomberoidinae와 빨판매가리아과가 sister group을 이루었지만, 다소 낮은 bootstrap값을 나타내어 명확히 지지하지는 못하였다.

속간의 유연관계에서는 Cytb와 CO1의 계통수에서 유전갱이속(*Carangoides*) 어류들이 실전갱이, 민전갱이와 같이 묶였지만 다소 낮은 bootstrap값으로 그 계통유

연관계가 명확하지 않았고, 방어속 어류들은 동갈방어속의 동갈방어와 같이 묶여 paraphyletic group을 이루었다. 그리고 현재 대부분의 학자들이 유전갱이속으로 분류하고 있는 갈전갱이의 속명은 3가지 모든 유전자에서 가라지속 어류, 전갱이와 가깝게 묶이기 때문에 유전갱이속이 아닌 독립된 갈전갱이속(*Kaiwarinus*)이 옳다고 사료된다.

PCR-RFLP 방법을 이용하여 23종의 band를 확인 한 결과 총 13개의 group으로 구분 할 수 있었으며 각각의 group은 1~4종의 종 특이적인 band를 형성하여 향후 전갱이과 어류의 알과 자치어 동정시 신속하고 정확한 동정이 가능 할 것으로 생각 된다.



## VI. 참고문헌

- Allegrucci, G., A. Caccone and V. Sbrdoni. 1999. Cytochrome *b* sequence divergence in the European sae bass (*Dicentrarchus labrax*) and phylogenetic relationship among some perciformes species. *J. Zoo. Syst. Evol. Research* 37: 149-156.
- Allen, G.R. and R. Swainston. 1988. The marine fishes of north-western Australia. A field guide for anglers and divers. Western Australian Museum, Perth. The marine fishes of north-western Australia.: I-vi + 1-201, 1-70.
- Baldwin, B.S., M. Black, O. Sanjur, R. Gustafson, R.A. Lutz and R.C. Vrijehoek. 1996. A diagnostic molecular marker for zebra mussels (*Dreissena polymorpha*) and potentially co-occurring bivalves: mitochondrial *COI*. *Mol. Mar. Biol. Biotechnol.*, 5: 9-14.
- Bektas, Y. and A.O. Belduz. 2008. Molecular phylogeny of Turkish *Trachurus* species (Perciformes: Carangidae) inferred from mitochondrial DNA analyses. *Journal of Fish Biology*. 73: 1228-1248.
- Brinkmann, H. B. Venkatesh, S. Brenner and A. Meyer. 2004. Nuclear protein-coding genes support lungfish and not the coelacanth as the closest living relatives of land vertebrates. *National Academy of Sciences of USA*, vol. 101, 14: 4900- 4905
- Chen, Q.C., Y.Z. Cai and X.M. Ma. 1997. Fishes from Nansha Islands to South China coastal waters 1. Science Press. Fishes from Nansha Islands to South China coastal waters 1.: i-xx + 1-202.
- Cocolin, L., E. D'Agaro, M. Manzano, D. Lanari and G. Comi 2000. Rapid PCR-RFLP method for the identification of marine fish fillets (seabass, seabream, umbrine, and dentex). *J. Food Sci.*, 65, 1315-1317.

- Cuvier, G. and A. Valenciennes. 1833. Histoire naturelle des poissons. v. 9: i-xxix + 3 pp. + 1-512, Pls. 246-279.
- Dooley, J.J., H. D. Sage, M. L. Clarke, H. M. Brown and S. D. Garrett 2005. Fish species identification using PCR-RFLP analysis and lab-on-chip capillary electrophoresis: application to detect white fish species in food products and an interlaboratory study. *J. Agric. Food Chem.*, 53, 3348-3357.
- Dor, M. 1984. Checklist of the fishes of the Red Sea. Jerusalem: Israel Academy of Sciences and Humanities, i-xxii + 1-437.
- Espoti, M.D., S.D. Vries, M. Crimi, A. Ghelli, T. Patarnello and A. Meyer. 1993. Mitochondrial cytochrome b: evolution and structure of the protein. *Biochim. Biophys. Acta.* 1143: 243-271.
- Felsenstein J. (1985) Confidence limits on phylogenies: an approach using the bootstrap. *Evolution.* 39(4): 783-791.
- Fernández, H.M. 2004. Phylogeny of geophagine cichlids from south America (Perciformes: labroidae).
- Forsskål, P. 1775. Descriptiones animalium avium, amphibiorum, piscium, insectorum, vermium; quae in itinere orientali observavit Petrus Forsskål Prof. Haun. Post mortem auctoris edidit Carsten Niebuhr. Hauniae: ex officina Mölleri, 1-20 + i-xxxiv + 1-164.
- Gushiken, S. 1983. Revision of the carangid fishes of Japan. *Galaxea, Publ. Sesoko Mar. Sci. Cent. Univ. Ryukyus*, 2: 135-264.
- Gushiken, S. 1984. Family Carangidae. In: Masuda, H., K. Amaoka, C. Araga, T. Uyeno and T. Yoshino (eds.), *The fishes of the Japanese archipelago*. Takai Univ. Press, Tokyo, pp. 153-158.
- Gushiken S. 1988. Phylogenetic relationships of the perciform genera of the family Carangidae. *Jap. J. Ichyol.*, 34(4): 433-461.

- Heemstra, P.C. and E. Heemstra. 2004. Coastal Fishes of Southern Africa. NISC and SAIAB. Coastal Fishes of Southern Africa.: i-xxiv + 1-488.
- Hilton, Eric J., G. D.J. and W.F. Smith-Vaniz. 2010. Osteology and systematics of *Parastromateus niger* (Perciformes: Carangidae), with comments on the Carangid dorsal gill-arch skeleton. *Copeia*, 2: 312-333
- Hoeh, W.R., D.T. Stewart, B.W. Sutherland and E. Zouros. 1996. Cytochrome c oxidase sequence comparisons suggest an unusually high rate of mitochondrial DNA evolution in mytilus (Mollusca: Bivalvia). *Mol. Biol. Evol.*, 13: 418-421.
- Irwin, D.M., T.D. Kocher and A.C. Wilson. 1991. Evolution of the cytochrome *b* gene of mammals. *J. Mol. Evol.* 32: 128-144.
- Ivanova, N.V., J.R. DeWaard and P.D.N. Hebert. 2006. An inexpensive, automation friendly protocol for recovering high-quality DNA. *Molecular Ecology Notes*, 6, 998-1002.
- Ivanova, N.V., T.S. Zemlak, R.H. Hanner and P.D.N. Hebert. 2007. Universal primer cocktails for fish DNA barcoding. *Molecular Ecology Notes*, 7, 544-548.
- Karaiskou, N., A.P. Apostolidis, A. Triantafyllidis, A. Kouvatsi and C. Triantaphyllidis. 2003. Genetic identification and phylogeny of three specise of the genus *Trachurus* based on mitochondrial DNA analysis. *Mar. Bio.* 5: 493-504.
- Kim, I.S., Y. Choi, C.L. Lee, Y.J. Lee, B.J. Kim and J.H. Kim. 2005. Illustrated book of Korean fish. Kyo-Hak Publishing Co Ltd, Seoul, pp. 320-322.
- Kim, M.J., B.Y. Kim, S.H. Han, C.H. Lee and C.B., Song. 2008. First record of Carangid fish, *Carangoides oblongus* (Carangidae, Perciformes) from Korea. *Kor. J. of Ich.*, 20: 129-132.
- Kuiter, R.H. 1993. Coastal fishes of south-eastern Australia. University of Hawaii

Press, Honolulu. i-xxxii + 1-437.

Lim, Y.S., C.B. Kang, K.H. Han and J.G. Myoung. 2010. First record of a Carangid species, *Carangoides hedlandensis* (Perciformes: Carangidae), in Korean waters. *Fish. Aqua. Sci.*, 13(4): 315-319.

Lin, P.L. and K.T. Shao. 1999. A review of the carangid fishes (Family Carangid) from Taiwan with descriptions of four new records. *Zool. Stud.*, 38: 33-68

Meyer, A. 1993. Evolution of mitochondrial DNA in fishes. pp. 1-38. In *Molecular biology frontiers, Biochemistry and molecular biology of fishes*, vol. 2. P.W. Hochachka and T.P. Mommsen (eds). Elsevier Science publishers AM. 470pp.

Mori, T. 1952. Check list of the fishes of Korea. *Mem. Hyogo Univ. Agric., Biol. Ser.*, 1: 1-228.

Nakabo, T. 2002. *Fishes of Japan with pictorial keys to the species* (second edition). Tokai University Press, 29-38p.

Nelson, J.S. 2006. *Fishes of the world*, 4th ed., John Wiley and Sons, New York, 601pp.

Park, J.H., J.H. Kim, J.H. Moon and C.B. Kim. 2007. Three unrecorded marine fishes species from Korean waters. *Ocean Sci. J.*, 42: 231-240.

Persis, M., A. Chande Sekhar Reddy, L.M. Rao, G.D. Khedkar, K. Ravinder and K. Nasruddin. 2009. COI (cytochrome oxidase-I) sequence based studies of Carangid fishes from Kakinada coast, India. *Mol. Biol. Rep.* 36: 1733-1740.

Randall, J.E. 2007. *Reef and shore fishes of the Hawaiian Islands*. Sea Grant College Program, University of Hawai'i, Honolulu. *Reef and shore fishes of the Hawaiian Islands*. : i-xivb + 1-546.

Reed, D.L., K.E. Carpenter, and M.J. deGravelle. 2002. Molecular systematics of the Jacks (Perciformes: Carangidae) based on mitochondrial cytochrome b

- sequence using parsimony, likelihood, and Bayesian approaches. *Mol. Phyl. Evo.*, 23: 513-524.
- Roje, D.M. 2009. Molecular phylogeny and larval morphology: A new hypothesis of relationships for the flatfish family pleuronectidae (Percomorpha: Pleuronectiformes).
- Smith-Vaniz, W.F. 1984. Carangidae: relationships. Ontogeny and systematics of fishes. *Amer.Soc. Ichthyol. Herpetol. Spec. Publ.*, 1: 522-530.
- Smith-Vaniz, W.F. 1986. Family No. 210: Carangidae. In: Smith, M.M. and P.C. Heemstra *Smith's sea fishes*. Springer-Verlag, Grahamstown, pp. 209-661.
- Smith-Vaniz, W.F. 1999. Carangidae. Jacks and scads (also trevallies, queenfishes, runners, amberjacks, pilotfishes, pampanos, etc.). pp. 2695-2756. In: Carpenter, K.E. and V.H. Neim (eds.), *FAO species identification guide for fishery purposes. The living marine resources of the Western Central Pacific. Vol. 4. Bony fishes part 2 (Mugilidae to Carangidae)*. Rome, FAO, pp. 2069-2790.
- Song, C.B., T.N. Near and L.M. Page. 1998. Phylogenetic relation among percoid fishes as inferred from mitochondrial cytochrome *b* DNA sequence data. *Mol. Phyl. Evol.*, 10(3): 343-353.
- Starks E.C. 1911. The osteology and relationship of the fishes belonging to the family Carangidae. *Stanford University Publications, Univ. Ser. Biol. Sci.*, (5): 27-49.
- Tamura, K., D. Peterson, N. Peterson, G. Stecher, M. Nei and S. Kumar. 2011. MEGA5: Molecular Evolutionary Genetics Analysis using Maximum likelihood, Evolutionary Distance, and Maximum Parsimony Methods. *Molecular Biology and Evolution* (In Press).
- Viaczorek, C., I. Sampaio and H. Schneider. 2002. Estudo molecular intergenerico em peixes da familia Carangidae (Perciformes). *Rev. Cien. UFPA*. 3: 1-11.

- Wang S, Z. M. Bao, L. L. Zhang, N. Li, A. B. Zhan , W. B. Guo , X. L. Wang and J. J. Hu 2006. A new strategy for species identification of planktonic larvae: PCR-RFLP analysis of the internal transcribed spacer region of ribosomal DNA detected by agarose gel electrophoresis or DHPLC. *J. Plankton Res.*, 28, 375–384
- Ward R. D., T. S. Zemlak, B. H. Innes, P. R. Last and P. D. N. Hebert 2005. DNA barcoding Australia's fish species. *Phil. Trans. R. Soc. B.*, 360, 1847–1857
- Ward R. D., F. O. Costa, B. H. Holmes and D. Steinke 2008. DNA barcoding of shared fish species from the North Atlantic and Australasia: minimal divergence for most taxa, but *Zeus faber* and *Lepidopus caudatus* each probably constitute two species *Aquat. Biol.*, 3, 71–78
- Zhu, D., B.G.M. Jamieson, A. Hugall and C. Moritz. 1994. Sequence evolution and phylogenetic signal in control region and cytochrome b sequence of rainbow fishes (Nelanotaeniidae). *Mol. Biol. Evol.* 11: 672–683.
- Zhu, S.H., W.J. Zheng, J.X. Zou, Y.C. Yang and X.Q. Shen. 2007. Mitochondrial DNA control region structure and molecular phylogenetic relationship of Carangidae. *Zoological Research*, 28(6): 606–614.
- Zhu, S.H., W.J. Zheng, J.X. Zou, Y.C. Yang and X.Q. Shen. 2007. Molecular phylogenetic relationship of Carangidae based on the sequence of complete mitochondrial cytochrome *b* gene. *Acta. Zool. Sin.* 53(4): 641–650.
- Zheng, W.J., S.H. Zhu, J.X. Zou, Y.C. Yang and X.Q. Shen. 2008. Molecular phylogenetic relationship of Carangidae based on partial sequence of mitochondrial 16S ribosomal RNA gene. *Journal of Fisheries of China*.

## 감사의 글

봄, 여름, 가을, 겨울이 두 번씩 지나가고 이제 그 결실을 맺을 때가 되니 노력과 결과에 대한 아쉬움과 기쁨이 교차되어 느껴집니다. 먼저 석사학위 과정동안 부족한 저에게 아낌없는 가르침을 주시고 논문의 시작부터 마무리까지 꼼꼼하게 살펴주신 송춘복 교수님께 감사의 마음을 전합니다. 그리고 논문을 정성껏 심사해주시고 많은 격려를 해주신 허문수, 전유진 교수님께도 감사의 말씀을 드립니다.

긴장의 끈을 놓지 않게 일일이 가르쳐주고 챙겨주신 김맹진 선배님, 바쁜 자신의 일보다 후배의 졸업을 먼저 생각한 한송헌 선배님, 그리고 연구를 하는 동안 항상 같이 생활을 하였던 김일태, 오민욱, 김태수 어류유전육종 실험실원들에게 고마움을 전하고 여러 가지 귀찮은 일을 부탁해도 친형과 같이 따라주었던 동기들 익수, 창수, 승민이에게도 고마움을 전합니다.

언제나 힘들 때면 곁에 있어 주었던 소중한 친구들 best friend 윤택이, 외로움이 다가오면 언제나 찾고 싶은 경호, 경남, 동철이, 그리고 사나이들의 모임 고희사 봉준이, 가방 끈이 같은 창선이, 새신랑 충희, 느끼한 정근이, 1년에 3번 웃기는 희철이, 빠 경훈이에게 고마움을 전합니다.

예전부터 남자는 의리와 예의를 지켜야 한다고 가르쳐주신 은기형님, 어머니보다 더 자상스럽게 챙겨주는 상호형에게 고마움을 전합니다.

학업에 집중 할 수 있도록 도와주신 TAC 조사원 켄마누나, 오이모님, 혜웅이형, 재환이형, 지연누나, 석범이에게 고마움을 전하며, 학문의 길로 인도해 주시고 좋은 말씀 많이 해주시는 정신적 지주 김병엽 박사님께 진심으로 감사드립니다.

그리고 마지막으로 언제나 묵묵히 가족을 지켜 주시는 아버지, 아낌없는 사랑을 주시는 어머니, 일 하면서 피곤 하지만 늦게 전화를 해서 잠을 깨워도 항상 반갑게 말을 들어주는 하나 뿐인 동생 미선이에게 자그만 보답으로 이 논문을 받칩니다.