

한국산 민달팽이속(*Incilaria*) 육산패류의 분류학적 연구

이 준 상 · 권 오 길

강원대학교 자연과학대학 생물학과

= Abstract =

Taxonomic Studies on Genus *Incilaria* (Pulmonata, Philomycidae) in Korea

Jun-Sang Lee and Oh-Kil Kwon

Department of Biology, Kangweon National University Chuncheon, 200-701, Korea

We performed a genetic analysis using starch gel electrophoresis to the phylogenetic relationships of the genus *Incilaria* (Pulmonata, Philomycidae). As a result of the genus *Incilaria* was divided into *I. fruhstorferi*, *I. bilineata*, and *Incilaria* sp. groups. The average genetic similarity among the populations in each species of *I. fruhstorferi*, *I. bilineata*, and *Incilaria* sp. were $\bar{S}=0.635$, $\bar{S}=0.550$, and $\bar{S}=0.482$, respectively. So the *Incilaria* sp. group was needed additional research. The genetic similarity between *I. fruhstorferi* and *I. bilineata* was $\bar{S}=0.364$, *I. fruhstorferi* and *Incilaria* sp. was $\bar{S}=0.427$, *I. bilineata* and *Incilaria* sp. was $\bar{S}=0.399$, respectively.

Key words : Starch Gel Electrophoresis, Phylogenetic Relationship, *Incilaria*, Genetic Similarity

서 론

국내 민달팽이류(Slug)는 Philomycidae(민달팽이과)와 Limacidae(뽕족민달팽이과)에 모두 3속 5종이 기재되어있다(Choe & Yoon, 1997). 이중 Limacidae의 2속 3종은 주로 유럽 등지에서 국내로 유입된 종들이며 각

이 논문은 1996년도 한국학술진흥재단의 공모과제 연구비에 의하여 연구되었음

종마다 고유한 형태적 특징을 지니고 있다. 그러나 중국과 일본의 대마도가 원산인 Philomycidae의 *Incilaria*속 2종은 외부막이 몸전체를 덮고 있으며 주로 체색과 반점의 형태로만 *I. bilineata*(Benson, 1842)(민달팽이)와 *I. fruhstorferi*(Collinge, 1901)(산민달팽이)를 구분해야 하기 때문에 지리적 변이종에 대한 분류적 오류를 범하기 쉬운 분류군이다. 1868년 A. Adams에 의하여 독도에서 채집된 학명 미상의 slugs를 기재한 이후 민달팽이류를 대상으로 한 분류학적 연구가 전혀 이루어지지 않아 각 종의 분류적 위치가

정립된 바 없다. 따라서 본 연구는 Philomycidae의 *Inciliaria*속 패류를 대상으로 전기영동을 이용한 isozyme 분석을 통해 분류학적 위치를 정립하고자 하였다.

재료 및 방법

1. 재료

국내 *Inciliaria*속 육산패류의 전기영동을 이용한 동위효소 분석을 위해 국내 7지역(Table 1)에서 채집을

rpm(39,000 g)으로 30분간 저온 원심분리하여 지방층을 제거한 상층액을 취하였다. 동위효소 분석을 위한 전기영동은 Yang 등(1991)과 Buth(1986)의 방법에 따라 수평 전분 전기영동법(horizontal starch gel electrophoresis)을 실시하였고 starch(Sigma, S-4501) gel은 11.5%의 농도로 사용하였다. 전기영동으로 분석한 동위효소 및 비효소성 단백질의 종류와 buffer system과 효소별 염색 방법은 Selander 등(1971)과 Buth(1986)의 방법을 다소 변형하여 실시하였다. 전기영동 후 얻어진 효소 및 단백질의 전기영동상(electromorph)을 이용하여 각 개체별 유전자형을 확인하였다.

Table 1. Collecting localities and number of specimens of genus *Inciliaria* in Korea

Species	Localities	No. of specimens	Date
<i>I. sp.</i>	1. Mt. Chuwang, Chongsong-Gun, Kyongsangbuk-Do	20	Sep. 1996
	2. Mt. Sunun, Gochang-Gun, Jeollabuk-Do	5	May 1997
	3. Mt. Naezang, Gochang-Gun, Jeollabuk-Do	6	May 1997
	4. Aerimok, Bukcheju-Gun, Cheju-Do	21	Jun. 1997
<i>I. fruhstorferi</i>	5. Mt. Naezang, Gochang-Gun, Jeollabuk-Do	17	May 1997
	6. Mt. Chiri, Sanchong-Gun, Kyongsangnam-Do	3	Jun. 1997
<i>I. bilineata</i>	7. Aerimok, Bukcheju-Gun, Cheju-Do	10	Jun. 1997
	8. Mt. Mudeng, Kwangju-Shi, Jeollanam-Do	10	Aug. 1997
	9. Chuncheon-Shi, Kangwon-Do	8	Jun. 1997

실시하였다. 채집된 개체는 실험실까지 살아있는 상태로 운반하였고 Kwon(1990)의 분류 방법에 따라 동정하였으며 체색 및 반문의 형태와 변이를 관찰하기 위하여 개체별로 사진 촬영 후(Fig. 1) 초저온 냉동기(-80℃)에 보관하여 전기영동용 재료로 사용하였다.

2. 방법

냉동기(-80℃)에 보관된 재료는 전기영동용 시료로 사용하기 위해 외투막과 소화관을 제거한 조직과 grinding buffer(D.W.)의 비율(V/W)을 1:1로 하여 glass homogenizer(B. Braun Co.)로 마쇄한 후, Sorvall RC-5B(rotor SS-34)를 이용, 4℃에서 18,000

각 종 및 집단별 유전자형을 이용하여 BIOSYS program(Swofford and Selander, 1981)으로 각 집단의 대립인자 빈도(allele frequency), 이형접합자 빈도(heterozygosity)를 구하여 집단 및 종간의 유전적 변이를 조사하였다. 각 집단 및 종간 유전적 근연관계는 유전자 빈도를 토대로 하여 Rogers (1972)의 유전적 근연치(S)와 Nei(1972)의 유전적 차이치(D)를 구하였고 Rogers(1972)의 유전적 근연치(S)를 토대로 Sneath와 Sokal(1973)의 방법에 따라 UPGMA (unweighted pair group method with arithmetic averaging) 방법으로 dendrogram을 작성하였다.

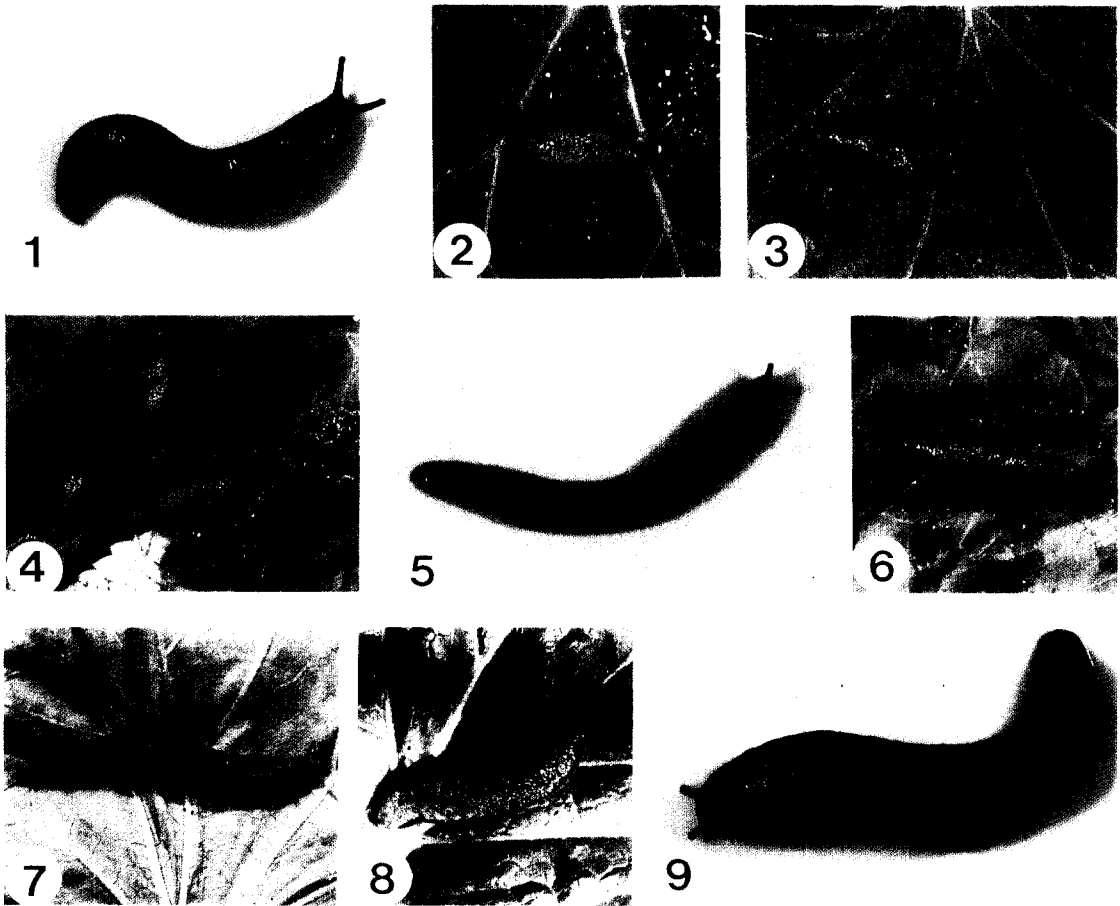


Fig. 1. Features of genus *Incilaria*. (): Collected localities.

- 1; *I. bilineata* (Aerimok), 2; *I. bilineata* (Chuncheon-Shi), 3; *I. bilineata* (Mt. Mudeng),
 4; *I. fuhstorferi* (Mt. Naezang), 5; *I. fuhstorferi* (Mt. Chiri), 6; *Incilaria* sp. (Mt. Sunun),
 7; *Incilaria* sp. (Mt. Naezang), 8; *Incilaria* sp. (Mt. Chuwang), 9; *Incilaria* sp. (Aerimok).

결 과

국내 *Incilaria*속 육산패류의 분류학적 위치를 알아 보고자 전기영동을 이용한 동위효소 분석을 실시하였다. 국내 7지역에서 채집된 *Incilaria*속 패류 100개체를 대상으로 13개의 효소 및 비효소성 단백질을 전기영동하여 유전자 분석을 실시한 결과 총 18개의 유전자를 검출하였고, 각 유전자별로 대립인자 빈도를 구한 결과는 Table 2와 같다. 18개의 유전자 중 음의 방향으

로 이동된 Got-2 유전자만이 전 집단 동일한 대립인자로 변이가 없었고 나머지 17개의 유전자는 종간 또는 집단간의 대립인자 구성 및 빈도상의 변이가 나타났다. Mpi-1과 α -Gpd 유전자는 *I. bilineata*와 *I. fuhstorferi*를 구분 짓는 유전적 표식인자 이었고 *I. fuhstorferi*와 *Incilaria* sp. 사이에는 Pgm-2 유전자가 표식인자로 나타났다. 그러나 3종을 모두 구분 지을 수 있는 유전적 표식인자는 없었다. 동일 종의 집단간 유전자좌에서 상이한 인자를 지니고 있는 현상이 다수 관찰되었다. *I. bilineata*는 6Pgd, α -Gpd, Pgm-2에서,

Table 2. Allele frequencies of nine populations of genus *Incilaria*

Locus	A*	<i>Incilaria</i> sp.			<i>I. fuhstorferi</i>		<i>I. bilineata</i>			
		1	2	3	4	5	6	7	8	9
<i>Got-1</i>	a			1.00						
	b	1.00	1.00	1.00		1.00	1.00	.70	.10	
	c						.30	.90	1.00	
<i>6Pgd</i>	a						.70	1.00		
	b						.30			
	c				.97	1.00		.25		
	d	.53	1.00	1.00					.75	
	e	.47		1.00	.03					
<i>G6pdh</i>	a			.09			.30		.06	
	b	1.00	1.00	.17	.91	1.00	1.00	.35	1.00	.94
	c		.83							
<i>Lap-1</i>	a					1.00				
	b	.90	1.00	1.00						
	c	.10		1.00	1.00		1.00	1.00	1.00	
<i>Lap-2</i>	a					1.00				
	b	.83					.05	.20	1.00	
	c	.17	1.00	1.00	1.00	1.00		.95	.80	
<i>Pept</i>	a			.07	1.00	.33				
	b					.67	.10			
	c	.38		.88			.10	.40	.12	
	d	.40	1.00		.05			.70	.60	.88
	e	.22		1.00				.10		
<i>Mpi</i>	a	1.00	1.00	.67	1.00	1.00	1.00			
	b		.33				1.00	1.00	1.00	
<i>aGpd</i>	a		.08		1.00	1.00				
	b		.50			1.00				
	c						1.00	1.00		
	d	1.00	1.00	.42	1.00					
<i>Hbdh</i>	a			1.00			.35			
	b	.10	.42		1.00		.10	.65		
	c	.90	1.00	.58				.90		1.00
	d				1.00					
<i>Ao</i>	a		.25				.20	.45	.50	
	b	1.00	1.00	.75	1.00	1.00	1.00	.80	.55	.50
<i>Est-1</i>	a	1.00	.10		1.00	1.00	1.00	.80		1.00
	b		.90	1.00				.20	1.00	
<i>Est-2</i>	a				.50	.50				
	b	.42	.67		.50		1.00	1.00	1.00	
	c	.58	1.00	.33	1.00		.50			
<i>Est-3</i>	a	.07								
	b	.93					1.00			
	c		.08				.30		1.00	
	d		1.00	.92	1.00	1.00	1.00	.70		

<i>Pgi</i>	a	.18	1.00	.67					
	b	.80		.02	.03		.75	.10	.63
	c	.02	.33	.05	.97	1.00	.25	.90	.37
	d			.31					
	e			.62					
<i>Pgm-1</i>	a			.50	.50	.83			
	b		.50	.50				.15	
	c	1.00			.50	.17	.85	.50	.56
	d		.50	.50					
	e			.50				.50	.44
<i>Pgm-2</i>	a					1.00			
	b					1.00		1.00	
	c	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00		1.00	
	d								1.00
<i>Gp</i>	a		.80	.50					
	b		.20	.50				.80	
	c	1.00			1.00		.20	1.00	1.00
	d		1.00		1.00				

* A: Allele

Table 3. Genetic variations of nine populations of genus *Incilaria*

Population	N	A	%P	H _D	H _G
<i>Incilaria</i> sp.					
1. Mt. Chuwang	20	1.6	44.4	.094	.157
2. Mt. Sunun	5	1.2	16.7	.089	.062
3. Mt. Naezang	6	1.6	55.6	.176	.254
4. Aerimok	21	1.4	22.2	.098	.080
Average		1.45	34.56	.114	.138
<i>I. fuhstorferi</i>					
5. Mt. Naezang	17	1.2	11.1	.118	.064
6. Mt. Chiri	3	1.2	16.7	.074	.081
Average		1.20	13.9	.096	.073
<i>I. bilineata</i>					
7. Aerimok	10	1.8	66.7	.111	.250
8. Mt. Mudeng	10	1.4	44.4	.161	.175
9. Chuncheon-Shi	8	1.3	27.8	.111	.106
Average		1.50	46.3	.127	.177

* A locus is considered polymorphic if the frequency of the most common allele does not exceed 0.95. Abbreviations : N; No. of specimens, A; Mean No. of alleles per locus, %P; Polymorphism per locus, HD; Mean of direct heterozygosity, HG; Mean of expected heterozygosity

Table 4. Rogers' (1972) coefficients of genetic similarity (S) (above diagonal) and Nei's (1972) coefficients of genetic distance (D) (below diagonal) of nine populations of genus *Incilaria*

	1	2	3	4	5	6	7	8	9
<i>Incilaria</i> sp.									
1. Mt. Chuwang		.616	.503	.513	.491	.415	.524	.431	.484
2. Mt. Sunun	.404		.730	.533	.424	.390	.461	.347	.273
3. Mt. Naezang	.596	.211		.402	.415	.335	.544	.402	.256
4. Aerimok	.615	.618	.884		.491	.463	.438	.331	.303
<i>I. fuhstorferi</i>									
5. Mt. Naezang	.678	.870	.830	.701		.636	.460	.523	.386
6. Mt. Chiri	.904	.940	1.097	.749	.423		.313	.260	.245
<i>I. bilineata</i>									
7. Aerimok	.568	.699	.513	.805	.670	1.149		.503	.598
8. Mt. Mudeng	.792	1.031	.890	1.095	.574	1.408	.631		.630
9. Chuncheon-Shi	.656	1.325	1.467	1.237	.919	1.440	.424	.443	

*I. fuhstorferi*는 Lap-1, 2와 Hbdh, Pgm-2, Gp 에서, *I. sp.*는 Got-1, Hbdh, Est-3, Pgm-1, Gp의 유전자 등에서 이러한 상이한 인자가 나타났다. Table 2의 대립인자 빈도를 이용하여 종별 유전적 변이 정도를 산출하였다(Table 3). *Incilaria* sp. 4집단의 각 유전자당 대립인자 수는 1.2 - 1.6 ($\bar{A}=1.45$) 이고 다형형의 빈도는 16.7 - 44.4% ($\bar{P}=34.56\%$)이며 이형집합자 빈도는 0.089 - 0.176 ($\bar{H}_b=0.114$)으로 내장산 집단의 유전적 변이정도가 가장 높았다. *I. fuhstorferi* 2집단의 각 유전자당 대립인자 수는 1.2 ($\bar{A}=1.2$)이고 다형형의 빈도는 11.1 - 16.7% ($\bar{P}=13.9\%$)이며 이형집합자 빈도는 0.074 - 0.118 ($\bar{H}_b=0.096$)이며 *I. bilineata* 3집단은 1.3 - 1.4 ($\bar{A}=1.5$) 이고 다형형의 빈도는 27.8 - 66.7% ($\bar{P}=46.3\%$)이며 이형집합자 빈도는 0.111 - 0.161 ($\bar{H}_b=0.127$)로 나타났다. 민달팽이속 패류의 집단간 및 종간의 유전적 근연관계를 알아보기 위하여 각 집단의 유전자별 대립인자빈도(Table 2)를 이용하여 Rogers (1972)의 유전적 근연치(S)와 Nei(1972)의 유전적 차이치(D)를 구하였고(Table 4), Rogers(1972)의 유전적 근연치(S)를 토대로 UPGMA방법에 따라 dendrogram을 작성한 결과(Fig. 2) 각 종내 집단은

48% 내외의 낮은 유전적 근연치를 나타냈다. 특히 주왕산, 선운산, 내장산, 제주도에서 채집된 *Incilaria*류는 *I. bilineata*와 *I. fuhstorferi* 어느 group에도 속하지 않는 독립된 분류군(*Incilaria* sp.)을 형성하였다. 한편 *I. fuhstorferi* 2지역 집단의 유전적 근연치는 0.635이며 *I. bilineata* 3지역 집단의 유전적 근연치는 0.55에 불과 하였다. 종간 평균 유전적 근연치를 비교한 결과 *I. bilineata*와 *I. fuhstorferi* 사이는 $\bar{S}=0.364$ 이고 *I. fuhstorferi*와 *Incilaria* sp. 사이는 $\bar{S}=0.427$ 이며, *I. bilineata*와 *Incilaria* sp. 사이는 $\bar{S}=0.399$ 로 *Incilaria* sp. group이 *I. bilineata* 보다는 *I. fuhstorferi*에 가까운 유전적 유연관계를 나타냈고 3개 분류군 모두 일반적인 무척추동물군의 종간수준($\bar{S}=0.47 - 0.78$) (Ayala, 1975)보다 낮게 나타났다.

고 찰

민달팽이(slug)류는 외투막이 몸전체 또는 일부만을 덮고 패각이 퇴화되어 없거나 흔적만이 남아 있는 육산패류로 체색과 반점의 형태, 호흡공의 위치 등이 주요한 형태 분류 형질로 이용된다(Kwon,1990). 국내에는 2개 종의 민달팽이류가 기재되어 있는데 그중

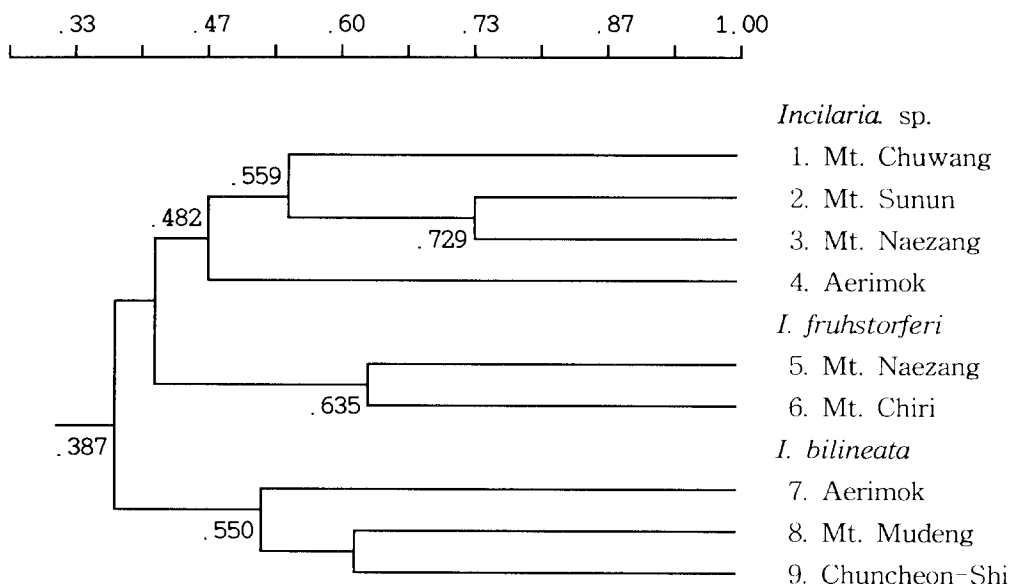


Fig. 2. Dendrogram of nine populations of genus *Inciliaria* based on Rogers'(1972) genetic similarity coefficient(S).

Limacidae(뽕족민달팽이科) 2속 3종은 주로 유럽 등지에서 국내로 유입된 종들이며 각종마다 고유한 형태적 특징이 있다. 그러나 동양이 원산지인 Philomycidae(민달팽이科)의 2종(*I. bilineata*, *I. fruhstorferi*)은 심한 체색과 무늬의 변이를 나타내어 형태 분류로 인한 오류를 범하기 쉬운 분류군으로 종의 분류학적 위치를 정립하는데 많은 어려움이 있다. 따라서 이들의 정확한 분류학적 위치를 알아보고자 국내 7 지역에서 채집된 *Inciliaria*속 육산패류 100개체를 대상으로 13개의 효소 및 비효소성 단백질을 전기영동하여 유전자 분석을 실시하였다.

Rogers(1972)의 유전적 근연치(S)를 토대로 UPGMA 방법에 따른 dendrogram에서 *Inciliaria* sp. group을 제외한 *I. bilineata*, *I. fruhstorferi* 종내 집단간의 유전적 근연치(S)는 S=0.55 - 0.635의 범위로 초파리를 대상으로 한 Avise(1976)의 종내 집단간 수준에 미치지 못하는 아주 낮은 수준으로 나타나 *Inciliaria*류는 종내 집단간 유전적 변이가 심한 분류군으로 판단되었다. 또한 주왕산, 선운산, 내장산, 제주도에서 채집된 *Inciliaria*류는 *I. bilineata*와 *I. fruhstorferi* 어느 group에도 속하지 않는 독립된 분류군을 형성하여 *Inciliaria*

sp.로 표기되었다. 특히 제주도의 *Inciliaria* sp.는 주왕산, 선운산, 내장산의 *Inciliaria* sp. group과 별도의 group(S=0.482)를 형성하여 전체 *Inciliaria* sp. 집단이 2개의 group으로 분리되어 이 분류군들에 대한 추가적인 분류학적 검토가 요구되었다. 종간 평균 유전적 근연치는 *I. bilineata*와 *I. fruhstorferi*는 $\bar{S}=0.364$, *I. fruhstorferi*와 *Inciliaria* sp.는 $\bar{S}=0.427$, *I. bilineata*와 *Inciliaria* sp.는 $\bar{S}=0.399$ 로 *Inciliaria* sp. group이 *I. bilineata* 보다는 *I. fruhstorferi*와 가까운 유전적 유연 관계를 보였다. 종별 평균 유전적 변이 정도는 *Inciliaria* sp.는 유전자당 대립인자 수는 $\bar{A}=1.45$, 다형성의 빈도는 $\bar{P}=34.56\%$ 이며 이형접합자 빈도는 $\bar{H}_D=0.114$ 로 나타났고, *I. fruhstorferi*는 $\bar{A}=1.2$, $\bar{P}=13.9\%$, $\bar{H}_D=0.096$ 이며 *I. bilineata*는 $\bar{A}=1.5$, $\bar{P}=46.3\%$, $\bar{H}_D=0.127$ 로 나타나 Selander(1976)의 육산패류를 대상으로 이루어진 유전적 변이 정도와 유사하였다.

국내의 민달팽이류는 A. Adams(1838)와 Möllendorff(1883)가 독도, 울릉도, 거문도에서 채집된 학명 이상의 slugs를 기록한 이후, Kuroda(1939)는 2과 2속 2종, Kang 등(1971)은 2과 2속 2종, Yoo(1976)는 2과 2속 3

종, Kwon과 Habe(1979)는 2과 2속 3종, Kwon(1981, 1990)은 2과 3속 4종으로 기재하였고, Choe와 Yoon(1997)이 2과 3속 5종으로 각각 기재하고 있으나, 지리적으로 인접한 일본은 *Incilaria*속에 9종을 기재하였고 이 중 2종이 *I. fuhstorferi*의 아종으로 기록(Azuma, 1982; Higo and Goto, 1993)되어 있다. 따라서 국내에 아직 분류학상 기재되어 있지 않은 민달팽이류가 서식하고 있을 가능성이 높으며, 특히 본 연구 결과에서 나타난 *Incilaria* sp. group에 대한 추가적인 분류학적 연구가 이루어져야 할 것이다.

요 약

*Incilaria*속 육산패류의 분류를 위해 국내 7지역에서 채집된 100개체를 대상으로 수평전분전기 영동법을 이용한 동위효소 분석을 실시하였다. *I. fuhstorferi*와 *I. bilineata* 종내 집단들의 유전적 근연치는 $S=0.635$ 와 $S=0.550$ 로 나타났으며 이와는 별도로 $S=0.482$ 의 유전적 근연치를 나타내는 *Incilaria* sp. group이 형성되어 이들의 분류학적 위치에 대한 추가 연구가 요구되었다. 각 종간 유전적 근연치는 *I. fuhstorferi*와 *I. bilineata* 간에는 $\bar{S}=0.364$ 이며, *I. fuhstorferi*와 *Incilaria* sp.는 $\bar{S}=0.427$, *I. bilineata*와 *Incilaria* sp.는 $\bar{S}=0.399$ 로 나타나 *Incilaria* sp. group은 *I. bilineata*보다 *I. fuhstorferi*에 가까운 유전적 유연관계를 나타냈다.

참 고 문 헌

- Adams, A. (1868) On the species of Helicidae found in Japan. *The Annals and Magazine of Natural History, including Zoology, Botany and Geology, Ser. 4*(1): 459-472.
- Avise, J.C. (1976) Genetic differentiation during speciation. *In: Molecular Evolution.* (ed. by Ayala, F.J.). Sinauer Associates, Sunderland, Massachusetts.
- Ayala, F.J. (1975) Genetic differentiation during the speciation process. *In: Evolutionary Biology, Vol. 8.* (ed. by Dobzhansky, T., Hecht, M., and Steere, W. C.). Plenum Press, New York.
- Azuma, M. (1982) Colored illustrations of the land snails of Japan. pp. 1-333. Hoikusha Publishing Co. [in Japanese].
- Buth, D.G. (1986) Locus nomenclature and enzyme staining procedures for teleostfishes. (Personal description).
- Choe, B.R. and Yoon, S.H. (1997). Mollusca. *In: List of Animals in Korea.* The Korean Society of Systematic Zoology, Seoul Korea. [in Korean].
- Higo, S. and Goto, Y. (1993) A systematic list of molluscan shells from the Japanese Islands and adjacent area. pp. 1-693. Fre Shell Publishing Co., Ltd., Osaka. [in Japanese].
- Kang, Y.S.(editor in chief), (1971) *Nomina Animalium Koreanorum* (3). 180 pp. Hyang Moon Co., Seoul. [in Korean].
- Kwon, O.K. (1981) A study on the distribution of the land snails in Korea. *Research Bulletin, Kangweon National University*, 15: 333-352. [in Korean].
- Kwon, O.K. (1990) Illustrated Encyclopedia of Fauna & Flora of Korea. Vol. 32. Mollusca(I). Ministry of Education. Seoul Korea. [in Korean].
- Kwon, O.K. and Habe, T. (1979) A list of non marine mollusks in Korea. *Kor. J. Limn.*, 12(1-2): 24-31. [in Korean]
- Möllendorff, O.F. (1883) Materialien zur Fauna von China. *Ahrbücher der Deutschen Malakozoologischen Gesellschaft*, 10: 268-269. [in German]
- Neaves, W.B. (1969) Adeaminase phenotypes among sexual and parthenogenetic lizard in the genus *Cnemidophorus* (Teiidae). *J. Exp. Zool.*, 171: 175-184.
- Nei, M. (1972) Genetic distance between population. *Am. Naturalist*, 160: 283-292.
- Rogers, J.S. (1972) Measure of genetic similarity and genetic distance. *Studies in genetics VII.* Univ. Texas Publ., 7213: 145-153.
- Selander, R.K. (1976) Genetic variation in natural populations. *In: Molecular Evolution.* (ed. by Ayala, F.J.). Sinauer Associates, Sunderland, Massachusetts.
- Selander, R.K., Smith, H., Yang, S.Y., Johnson, W.E. and Gentry, B. (1971) Biochemical polymorphism and systematics in the genus *Peromyscus*. I: Variation in the old field mouse (*Peromyscus polionotus*). *Studies in Genetics VI.* Univ. Texas Publ.7103: 49-90.

- Sneath, P.H.A. and Sokal, R.R. (1973) Numerical Taxonomy. W. H. Freeman Co., San Francisco.
- Swofford, D.L. and Selander, R.B. (1981) BIOSYS-1: FORTRAN program for the comprehensive analysis of electrophoretic data in population genetics. *J. Heredity*, **72**: 281-283.
- Yang, S.Y., Park, B.S., Kim, J.H. and Kim, J.B. (1991) Systematic studies of the genus *Cobitis* (Pisces: Cobitidae) in Korea. II. Geographic variations and classification of *Cobitis longicarpus*. *Korean J. Zool.* **34**: 585-593. [in Korean]