

D-19 한국 중금속 오염지역 총알고동(*Littorina brevicula*)의 Amylase allozyme

김숙정*, 박경숙, 노분조¹, 송준임¹, 이인숙¹, 최병래²

성신여자대학교 생물학과, ¹이화여자대학교 생물과학과, ²성균관대학교 생물학과

해안 환경오염으로 바다 생태계가 파괴되고 있으며 특히 중금속 중 Cd와 Zn의 오염은 생물체의 생존률, 유전자형 및 생물체 구조를 변화시키고 있다. 오염지역은 해수와 생물에 농축된 Cd와 Zn 함량에 따라 오수지역으로 덕동, 춘도, 독곶과 대조지역으로 이수도, 당사, 파도리에서 총알고동 668개체를 1994년 8월부터 1997년 2월까지 6회에 걸쳐 채집하여 Amylase allozyme, 패각을 포함한 습중량과 성비를 분석하였다. Amylase allozyme은 영동거리에 따라 Rf 0.49, 0.41, 0.32, 0.27로 4가지 band를 보였고 band의 분포는 지리적 차이가 나타났으나 Rf 0.32 band가 주로 많이 나타났다. 오수지역에서는 Rf 0.27 band가 많이 나타났고 청수지역에서 많이 나타난 Rf 0.49는 거의 나타나지 않았다. 오염지역 총알고동의 Amylase allozyme 분포는 남해와 동해에서 대조지역과 유의적으로 달랐다 ($P < 0.001$). 총알고동의 패각을 포함한 습중량은 100~2350mg/개체로 크기의 변화가 다양하며 오수지역 총알고동의 평균 습중량은 627 ± 238 mg, 청수지역은 877 ± 347 mg으로 오수지역이 아주 작았다 ($P < 0.001$). 암수의 성비는 오수지역에서 1.7:1이고 청수지역은 2:1로 오수와 청수지역 모두 암컷이 많았으며 암컷과 수컷의 습중량은 평균 776 ± 328 mg, 687 ± 256 mg으로 암컷이 더 무거웠다. 또한 Amylase allozyme은 성별의 차이가 없었다.

D-20 멧누에 난각 단백질 유전자(Hc)의 클로닝 및 구조해석

김종길*, 남혜영¹, 성승현¹, 최지영, 김삼은, 서동상¹

잠사곤충연구소 산업곤충과, ¹성균관대학교 유전공학과

누에의 난각은 150종 이상의 단백질로 이루어져 있으며, 이를 coding하는 유전자는 집누에의 경우 2번 염색체에 superfamily로 이루어져 있으며, 난각형성시 발현시거나 염기서열의 유사성으로 A, B, C, Hc-A, Hc-B로 구분된다. 멧누에의 경우 난각 구성단백질이 집누에와 뚜렷한 차이를 보이지만 분자 수준에서의 chorion 유전자의 구조해석은 되어 있지 않다. 따라서 본 연구에서는 한국산 멧누에에서 난각 형성시 최종적으로 발현되며, 구조나 강도에 중요한 역할을 담당하는 것으로 알려진 High cystein 단백질의 유전자(Hc gene)를 클로닝하고 그 구조를 해석하고자 하였다. 멧누에의 Hc 유전자는 집누에 Hc 유전자의 염기서열을 바탕으로 보존된 부위를 primer로 합성하여 멧누에 genomic DNA로부터 PCR 방법으로 증폭하여 cloning 하였으며, 염기서열을 분석하였다. 염기서열 분석결과 집누에의 Hc 유전자 중 Hc-A는 2번 copy와 Hc-B는 11번 copy와 유사성을 보였다. Hc 유전자의 염색체내 구조를 분석하기 위해 멧누에 나방으로부터 genomic DNA library를 작성하였으며, 이로부터 Hc 유전자를 screening하여 제한효소 지도 작성과 Hc 유전자의 copy 수 등을 분석하였다.