

한국산 긴잎돌김 (*Porphyra pseudolinearis*)의 핵 18S rDNA 염기서열 분석

Long-Guo Jin · 김명숙 · 김영대¹ · 김형근² · 홍용기
부경대학교 생물공학과 · 국립수산진흥원 동해수산연구소¹ · 강릉대학교
수산자원개발학과²

서론

김 (*Porphyra* species)은 양식기술의 진보와 더불어 생산량이 급격히 증가되었으나, 지나치게 과도한 저 품질의 생산과 품종간 교잡으로 인해 점차 열성화 되는 현상이 나타나고 있다. 따라서 우리나라 고유의 맛과 향을 지니고 있으며, 지역특성에 적합한 한국 고유종의 개발과 품종개량이 절실히 요구된다. 김 속 식물은 세포층수, 세포당 엽록체수, 정자낭반의 형태, 정자낭 및 과포자낭 분열형식, 무성포자의 형성유무, 각 포자체의 형태 및 생태적 특성 등을 종합하여 분류하였으며 (Kurogi 1972) 거치상들기의 유무도 김의 주요 식별형질로 다루어져 왔다 (Miura 1988). 그러나 이와 같은 전통적인 분류 특징만으로 80 여종이나 되는 김들을 분류한다는 것은 매우 힘들며 부적합하다.

긴잎돌김은 조생종으로서 파도가 높은 외해에서도 양식이 가능할 것으로 여겨지며 이미 일본에서는 양식이 시도되었고, 우리나라에서도 양식 대상종으로 주목받고 있는 종이다. 따라서 본 연구에서는 동해안 순수종인 긴잎돌김을 대상으로 18S rDNA 유전자의 염기서열분석을 수행하여 data base화 함으로서 유용 해조류의 종보존 사업 및 양식이 가능한 고유종의 품종 확인 등에 이용하고자 한다.

재료 및 방법

긴잎돌김 (*P. pseudolinearis* Ueda)은 강원도 주문진 소돌 암반에서 채집하였으며, 그 중에서 체형이 피침형으로 심장형의 기부형태를 하고 있는 암배우체 (대략 70% 비율로 분포)를 선택하여 실험에 사용하였으며 부착생물의 오염을 제거하기 위하여 무균화처리를 하였다(Park *et al.* 1998). 김 엽체 조직으로부터 total DNA의 추출은 LiCl방법 (Hong *et al.* 1995)에 따라 추출하였다. PCR을 한다음, DNA ligation과 형질전환은 Invitrogen사의 Topo TA cloning kit의 protocol에 따라 수행하였다. 염기 상동성은

NCBI의 BLAST search 프로그램을 이용하여 비교하였다. 전체 18S rDNA의 exon 및 intron sequence는 기존의 NCBI에 등록된 AB013185을 대상으로 Clustalx 1.81 program을 이용하여 alignment시켰다.

결과 및 요약

전체 18S rDNA 염기서열을 Clustalx 1.81 program을 사용하여 alignment 시킨 결과 긴잎돌김은 일본산 긴잎돌김 (NCBI AB013185)과 exon region에서 염기 43개의 차이를 가지고 있었으며 homology가 97.6%에 도달하였다. 그리고 한 염기의 변환중 transition변이는 23곳, transversion변이는 16곳이 존재한다. 또한 일본산 긴잎돌김과 비교할 때 한국산 긴잎돌김은 단지 downstream 1805-1806 염기사이 부분에 즉 5'CAAGGT-TTCCGTA3' 사이에 5'TTCCG로 시작하여 ACG3'로 끝나는 584 bp의 intron을 가지고 있으며, 같은 경우에 일본산 긴잎돌김은 581bp의 intron을 가지고 있었고 homology는 96.4%에 달하였다. 또한 일본산 긴잎돌김은 upstream 부분에 5'GTCTGGTG-CCAGCAGCC3' 사이에 5'-AAC로 시작하여 ATGG3'로 끝나는 567 bp의 intron이 하나 더 삽입되어 있다. 따라서 intron의 경우는 같은 종이라 할지라도 지역에 따라 흔히 intron의 개수나 염기서열이 다른 것을 종종 발견할 수가 있으므로 (Kunimoto *et al.* 1999) 이같은 intron의 비교로는 김 종들을 비교하는 것은 불충분하다. 그러나 이러한 intron의 차이는 cultivar line을 추적하는데 유용하게 쓰일 수 있을 것 같다. 이러한 18S rDNA sequence들은 앞으로 한국산 김의 gene bank를 확립하여 유전자원으로서의 보존활용, 종묘 및 개체 수준에서의 종보존 체계를 확립하는데 유용하게 사용될수 있을것으로 여겨진다.

참고문헌

- Hong Y. K., Kim S. D., Polne-Fuller M. and Gibor A. 1995. DNA extraction conditions from *Porphyra perforata* using LiCl. J. Appl. Phycol. 7: 101-107.
- Kunimoto M., Kito H., Yamamoto Y., Cheney D. P., Kaminishi Y. and Mizukami Y. 1999. Discrimination of *Porphyra* species based on small subunit ribosomal RNA gene sequence. J. Appl. Phycol. 11: 203-209.
- Kurogi M. 1972. Systematics of *Porphyra* in Fapan. In: Abbott I. A. and Kurogi M. (eds), *Contributions to the systematics of benthic marine algae of the North Pacific*. Japanese Society of Phycology, Kobe. pp. 167-191.
- Miura A. 1988. Taxonomic studies of *Porphyra* species cultivated in Japan, referring to their transition to the cultivated variety. J. Tokyo Univ. Fish. 75: 311-325.
- Park J. W., Cho Y. C., Nam B. H., Jin H. J., Sohn C. H. and Hong Y. K. 1998. RAPD identification of genetic variation in the seaweed *Hizikia fusiformis*. J. Mar. Biotechnol. 6: 62-64.