

대하의 자연산과 인공종묘의 유전적 변이성 및 방류효과

한현섭 · 장인권 · 임현정 · 박영제 · 김종화*
국립수산과학원 서해수산연구소 · *보령수산종묘시험장

서론

대하, *Fenneropenaeus chinensis* 는 주로 중국의 북부 및 발해와 우리나라의 남·서해에 서식하는 보리새우과의 고급 종으로, 우리나라에서는 매년 약 3,000톤 정도가 양식으로 생산되어 산업적으로 매우 중요한 위치를 차지하고 있다. 최근에는 서식지에서의 남획과 환경의 악화, 양식 새우에 대한 바이러스 질병 등으로 어획량 및 양식 생산량이 매년 감소되고 있어서, 이 종에 대한 효율적 관리와 자원 조성을 위한 생물학적 및 유전학적 연구가 필요하다.

또한 대하 자원의 증가를 위해 서해안에 매년 많은 양의 인공종묘를 방류하고 있으나, 자원의 증가나 방류효과는 거의 확인되지 않고 있다. 따라서, 방류효과를 개선하고 자연 자원을 증가시키기 위해서는 방류종묘의 질적 및 양적 평가와 자연 자원에 미치는 영향 등에 대한 조사도 필요하다.

이 연구는 우리나라 대하 집단의 유전적 특성과 변이성을 파악하고, 또한 방류종묘와 방류효과를 평가하기 위한 유전적 표지를 개발하기 위하여 우리나라 남·서해에 분포하는 자연산 대하 집단과 인공종묘의 isozyme 유전자를 분석했다.

재료 및 방법

시료로서는 대하의 주요 산지이며, 현재 종묘생산용 모하로 사용하고 있는 고흥 나로도, 흑산 거차도, 영광 범성포 및 태안 채석포 등 4개의 지역에서 봄철에 채집한 어미 대하와 보령수산시험장에서 방류한 인공종묘, 그리고 방류지 2곳에서 가을에 어획된 대하 등 총 375개체를 사용했다.

Isozyme 유전자형은 각 개체의 근육에서 단백질 전기영동법에 의해 검출했다. Isozyme 유전자는 다양성이 확인된 G3PDH*, LDH*, MDH*, IDHP*, GPI*, MEP*, MPI*, PGDH* 및 PROT* 등 9개의 유전자에서 총 13개의 유전자좌를 검출하였으며, 각 유전자좌의 대립유전자 빈도와 Nei (1988)의 식에 따라 각 집단간의 유전적 거리를 추정하였다. 또 미지를 절단한 대하 10만 마리를 무창포 연안에 방류하였다.

결과 및 요약

우리나라 대하의 유전적 특성은 검출된 13개의 유전자좌에서 22종류의 대립유전자가 추정되었으며, 평균 대립유전자 수는 1.4개로서 다양성이 매우 낮았다. 또한 다형적 유전자좌율(P)은 평균 0.293으로 변이성도 매우 낮았는데, 이것들은 보리새우(1.72, 0.283)와 거의 같은 수준을 나타냈다. 자연산 각 집단 간의 이형접합체율의 관찰값(H_o)은 영광이 0.018이었으며, 무창포가 0.046으로 평균 이형접합체율은 0.041로서 보리새우의 0.042와 같았다. 방류된 인공종묘의 이형접합체율은 0.05였다.

Nei의 genetic distance식으로 계산한 우리나라 대하 집단 간의 유전적 거리는 나로도 모하집단과 안면도(O) 집단 간에 0.0002로서 가장 가까운 것으로 나타났고, 한편으로는 안면도 모하 집단(P)과 안면도(O) 당해연도 집단 간에 0.0017로 가장 먼 것으로 나타났다. 또한 자연산 집단 간에는 평균 0.0007의 유전적 거리가 인정되었으나, 통계적 유의차는 인정되지 않았다. 자연산과 인공종묘 간에는 0.001의 유전적 거리가 있는 것으로 나타났으며, 각 집단 간의 G_{st} 는 0.0227로서 우리나라의 대하 집단은 생식적으로 격리되거나 지리적으로 분화된 독립적인 집단은 없고 모든 집단이 유전적으로 거의 유사한 것으로 나타났다. 그러나 나로도 집단과 다른 집단 간에는 생태적 차이가 인정되고 있어서, 정확한 조사를 위해서는 DNA 분석법의 개발이 필요하다.

Isozyme 유전자에서는 자연산과 방류종묘를 구별할 수 있는 확실한 유전적 표지는 발견하지 못했으나, 대립유전자의 분포와 빈도를 바탕으로 각 집단 간의 유연관계를 평가했을 때, 방류종묘는 방류지점인 무창포 연안에서 어획된 대하와 유전적으로 가장 가까운 것으로 나타났다. 한편 꼬리지느러미를 절단하여 표지한 방류종묘의 혼획율이 무창포에서 0.32%로 나타나, 실제로 방류 대하가 무창포 연안의 어업자원에 가입된 것으로 추정되었다. 따라서, isozyme 유전자 분석법이 유전자와 개체수를 늘려서 조사하면 갑각류의 방류효과 조사에 충분히 이용될 수 있을 것으로 사료된다.

참고문헌

- Sugama, K., N. Taniguchi and S. Umeda. 1988. An experimental study on genetic drift in hatchery population of red sea bream. *Nippon Suisan Gakkaishi*, 54 : 739-744.
- Seki, S., N. Taniguchi, N. Murakami, A. Takamichi and I. Takahashi. 1994. Seasonal changes in the mixing rate of restocked ayu-juveniles and assessment of native stock using an allozyme marker. *Fisheries Science*, 60 : 31-35.
- Seki, S. and N. Taniguchi. 1988. Tracking the released ayu of landlocked form by isozyme markers. *Nippon Suisan Gakkaishi*, 54 : 745-749.