

누치 (*Hemibarbus labeo*) 비텔로제닌 유전자발현 검출법 및 estrogen 및 xenoestrogen에 의한 발현의 유도

최동주, 계명찬

(한양대학교 자연과학대학 생명과학과)

누치(*Hemibarbus labeo*)은 잉어목 잉어과의 어류로 한반도의 서남해로 유입되는 하천, 만주, 중국동남부, 일본남서부에 분포하는 대형 담수어류이다. 특히 국내 4대강 유역에 다량 분포하고 있으며 저서성 취이습성으로 인해 담수환경 내에 존재하는 내분비계교란물질 (Endocrine disrupting compound, EDC)의 축적과 이에 따른 교란 현상이 기대되는 어류이다. 최근 다양한 내분비계교란물질에 의한 야생동물에서의 생식교란 현상이 관찰되고 있다. 한국의 4대강 유역의 xenoestrogen성 alkyphenol계 내분비계장애물질인 nonylphenol의 오염이 확인된 바 있다. 따라서 이들 수역에서 xenoestrogen성 alkyphenol계 내분비계장애물질에 의한 내분비교란 현상을 확인할 필요성이 있다. 여성호르몬과 유사한 활성을 갖는 xenoestrogen성 물질들에 의한 생물 노출을 검색하기 위해 다양한 생물학적 지표가 개발, 활용되고 있는데 난생 척추동물 수컷의 간조직 또는 혈액에서 발견되는 난황전구단백질 (vitellogenin, VTG)은 xenoestrogen의 노출을 검색하는 주요 지표로 이용되고 있다. 본 연구에서는 누치를 모델로 국내 담수환경에서 xenoestrogen성 내분비계장애물질의 노출에 따른 위해성을 평가할 수 있는 biomarker 개발을 위해 누치 VTG cDNA 유전자 특성과 이에 근거한 semiquantitative RT-PCR 분석법을 최적화하였다. 또한 estrogen과 nonylphenol에 의한 vitellogenin mRNA의 유도현상을 조사하였다.

2003년 춘계 북한강 수계에서 채집된 암컷의 간으로부터 cDNA를 제조하였다. 경골어류 VTG cDNA 염기서열 상동성 비교를 통해 보존된 염기서열에 대한 degenerative primer를 제조하여 RT-PCR 반응을 수행하여 cDNA 절편에 대한 염기서열을 확정하였다. Semiquantitative RT-PCR 방법으로 정량분석한 결과 암컷에서 다량의 VTG mRNA 발현이 확인되었고 수컷에서도 미량 검출되었으나 암컷의 10^{-4} 이하로 나타났다. 17beta estradiol 처리한 수컷에서 암컷의 1/2에 상당하는 VTG mRNA가 유도되었다. Nonylphenol을 처리 시에도 미량의 VTG가 유도됨을 확인하였다.

본 연구 결과를 이용하여 누치 수컷을 모델로 국내의 4대강 유역의 xenoestrogen성 내분비계장애물질의 노출실태에 대한 현지 위해성 추적이 가능할 것으로 사료된다.