

한국산 살조개의 형태변이에 따른 mtCO I 해석

정형택, 김 정*, 최상덕

여수대학교 양식학과 · *여수대학교중앙식센터

서론

이매패류의 패각의 형태변이는 그들의 유전적 요인과 환경요인에 따라 변이를 나타내고, 특히 이동성이 적은 패류의 경우, 유사종 혹은 집단간의 변종 및 아종이 발생할 가능성이 상당히 높은 것으로 알려져 있다(민 등, 2002). 또한 지역개체군의 형태변이에 관한 연구는 양식생물의 서식적지를 찾아내는 측면에서 중요시 되어왔다(Stanly, 1968). 분자방법을 이용한 유전적 분석, 특히 미토콘드리아에 의한 방법은 주로 생물의 형태적 중간변이 및 분자계통분류를 파악하는데 효과적으로 사용되어 왔으며(Curole and Kocher, 1999), 우리나라에서는 주요 패류인 굴류, 전복류, 가리비류의 유사 품종간의 중간변이를 밝히는 유전적 특성에 관한 연구가 보고되고 있다(민 등, 2000). 본 실험대상종이었던 살조개는 연안의 조간대에서 살조개와 주로 혼생하며 산업상 중요한 식용이매패류로 알려져 있다(Kim, 2002). 또한 한국산 살조개는 서해안산과 남해안산의 지역 개체군간의 형태적 차이가 나타나며, 외부 패각색 변이가 심한 패류중 하나라고 보고 되져 있으며, 백합과 기원에 대한 상이한 견해가 나오고 있다(Keen, 1969; Harte, 1992).

따라서 본 연구는 한국연안에 서식하는 살조개의 형태적 차이에 따른 mtCO I 해석에 대한 살조개 지역개체군의 변이를 조사하고, 패각색 변이에 따른 미토콘드리아 유전적 해석을 보여주고 백합과 기원에 관한 재 조명을 시도하고자하였다.

재료 및 방법

시료는 충남 대천과 전남여수에서 채집하여 각각 160개체씩 사용하였으며, 형태적 분석은 외부와 내부 형태적 분석을 하였다. 개체의 분류형질을 패각형태로 구분한 후 외부형태적 분석을 위하여, 각 시료의 각장, 각고, 각폭 및 전중량을 내부 형태적 분석을 위하여, 각 시료의 전·후 폐각근흔의 길이, 외투선 만입길이 및 복연내면길이의 직경을 비이어 캘리퍼스로 0.01mm까지 측정한후 SPSS. ver 10.0을 이용하여 통계처리 하였다. 유전적분석은 각 지역개체군 시료로부터 7개체씩 무작위 추출을 한후, 폐각근과 외투막 부위를 이용 DAN를 추출하였으며(Winnepenninckx et al., 1994), 각 지역 개체군의 패각색 변이에 따른 유전적 조사 또한 동일 방법으로 실시하였다. Primer는 가장 보편적인 프라이머 mtCO I 전방 1490과 후방 2198을 사용하였으며

(Folmer et al., 1994), 50 μ l의 PCR반응액은 2 μ l의 template DNA, 10pM의 전·후프 라이머 1 μ l, 5 μ l의 MgCl 자유용액, 4 μ l의 MgCl 10배 반응용액, 10pM의 5 μ l dNTP's, 0.25 μ l Taq polymerase와 32 μ l의 distilled water를 넣었다. 반응조건은 94 $^{\circ}$ C에서 10분간 변성한 후, 94 $^{\circ}$ C에서 1분간 변성, 45 $^{\circ}$ C에서 2분간 결합, 72 $^{\circ}$ C에서 1분간 신장을 40회 실시하고 나서, 최종 72 $^{\circ}$ C에서 10분간 신장하였다. PCR산물은 전기영동으로 확인 후 sequencing을 거친후 PAUP* 4.0 맥킨토시버전에서 분석하였다. 살조개를 포함한 백합과의 계통분류는 NCBI에서 자료를 얻어 최소진화(Rzhetsky and Nei, 1992)와 Jukes-Cantor 거리(1969)를 이용하였다.

결과 및 요약

두 지역간 외부형태적차이는 거의 차이를 나타내지 않았으며, 내부형태적차이에서는 각장에 대한 외투선만입길이에서 서해안 대천산 개체가($Y=0.1679X + 2.1162$ $R^2=0.3696$) 남해안 대천산 개체($Y=0.2365X + 0.3692$ $R^2=0.6789$)보다 낮은 기울기 값을 보였다($P<0.05$). 아마도 지역간 환경적 요인에 따른 수관의 변화폭에 의한 차이라고 보여지며, 유전적 요인 또한 고려해 봐야 할 것을 사료된다. 두 지역간 특정 부위 미토콘드리아의 차이는 630bp중에서 2bp의 차이를 보였으며, 바지락과 살조개의 미토콘드리아 유전적 유사도는 다른 종들에 비해 훨씬 높은 유사도를 보였다. 그리고 각 지역 개체군내 살조개 패각색에 따른 유전적 변이는 각 개체당 intra-specific 변화를 나타내지 않았다. 이것은 아마도 두 지역간 서로 다른 지역개체군이 유전적 특성을 가지기에 충분한 시간이 없는 것으로 사료된다. 또한 이매패류의 경우 치패기간중의 부유유생기간을 고려하여 볼 때, 한국 근해 표층수의 변동에 따른 공간분포양상 그리고 해수면의 변동 또한 고려 해 봐야 할 것이다. 그동안 언급해져온 백합과 기원에 관한 상이한 견해는 특정부위 미토콘드리아의 분석에 의하면 백합과는 한종으로부터 기원된 것으로 확인 되었다.

참고문헌

- Curole, J.P. and T.D. Kocher, 1999. Mitogenomics: digging deeper with complete mitochondrial genomes. Trends in Ecology & Evolution, 14 : 394-398.
- Harte, M.E., 1992. A new approach to the study of bivalve evolution. Am Malacol. Bull., 9 : 199-206.
- Kim, J., 2002. Studies on the phylogenetic relationship and reproductive cycle of the venus clam, *Protothaca jedoensis* in Korea, Ph.D thesis. Yosu Nat'l Univ. 169 pp.
- Rzhetsky, A. and M. Nei, 1992. A simple method for estimating and testing minimum evolution tree. Mol Bio Evol., 9 : 945-967.
- Stanley, S.M., 1968. Relation of shell from the life habits in the bivalvia(Mollusca). Ph. D. Thesis Yale Univ., 245 pp.
- Winnepeninckx, B., T. Backeljau and R. Dewachter, 1994. Small ribosomal subunit RNA and the phylogeny of Mollusca. Nautilus 2(Suppl.), 98-110.