

## 백합목 패류의 분자계통분류학적 연구

김재진 · 김세창 · 박현선\*

배재대학교 생물약학과, \*한국과학기술정보연구원

## 서론

이매패류는 5개 아강(subclass)으로 구성되는데 이 중 이치아강(subclass Heterochonchia)가 2 목 61개 과로 연체동물 중 가장 다양한 분류군이다. 이들의 계통 유연관계에 대하여는 주로 형태에 의존한 연구의 결과와(Starobogatov, 1992) 분자수준에서의 계통분류학적 접근이 이루어져 18S rDNA를 이용하여 이들 이매패류의 계통분류에 대한 시도가 있었다(Adamkewicz et al., 1997; Giribet and Carranza, 1999).

본 연구에서는 아직까지 체계적으로 알려진 바 없는 국내에 서식하는 백합과 패류 11종을 대상으로 nuclear 28S rRNA의 부분 염기서열을 알아보고, 다른 국가나 지역에 서식하는 종들의 염기서열 자료를 GenBank에서 구하여 maximum parsimony법에 의한 종별 유연관계를 살펴보고자 하였다.

## 재료 및 방법

서남해안에서 백합과 패류 11종을 포함한 이치아강(subclass Heterochonchia)에 속하는 조개 17종을 채집하였다. DNeasy Tissue Kit(QIAGEN Co.)를 이용하여 폐각근으로부터 DNA를 추출하였다.

DNA 증폭을 위하여 primer는 mouse 28S rRNA의 domain 1 중에서 sense(JSD3)를 antisense(D6U)는 domain 6에서 선정하여 통상적인 방법으로 PCR을 시행하였다.

Srquencing은 CEQ2000 Dye Terminator Cycling Sequencer(Beckman Co.)를 이용하였다.

얻어진 염기서열들은 Sequence Monkey 2.8.0 프로그램으로 편집한 후 Clustal\_X program (Thompson et al., 1997)을 이용하여 편집하고 multiple alignment를 시행한다. 이때 gap opening 값은 15로 하고 DNA transition weight는 0.5, 1, 2, 4 값을 대입하여 각각 시행하였다.

최대절약분석(maximum parsimony)을 위한 계통분류학적 분석은 PAUP 4.0b3으로 분석하였다. 모든 절약분석(parsimony)은 heuristic searches로 실행하였고, 하나 이상의 계통수(most-parsimonious tree)가 나왔을 때의 성공적인 character

reweighting 과정은 rescaled consistency index(RC)를 바탕으로 실행하였다. 각 분지의 신뢰도를 평가하기 위하여 100회의 bootstrap(full heuristic, 10 random addition)도 병행하였다.

## 결과

종에 따라 1400 bp 내외의 28S rDNA 염기서열을 얻었다. 이들 염기서열과 GenBank에 보고된 비교 대상 22종 등 총 39종에 대하여 비교를 시행하였다.

모두 1149개의 character가 비교 되었는데 524개는 동일하였고 104개는 uninformative 하지 못했으며 521개의 parsimony-informative한 자료를 제공하였다.

계통수가 다시 나올 확율을 나타내는 Consistency Index 값은 0.569로, 각 분지들의 모양이 나올 확율을 나타내는 Retention Index 값은 0.629로 나타났다.

Adenine(A)의 평균 비율은 21%, guanine(G)은 33.6%, cytosine(C)은 27.8%, thymidine(T)은 17.6%를 차지하여 purine 염기의 비율은 54.6% pyrimidine 염기의 비율은 44.4%로 purine 계열의 염기가 다소 높게 나타났으며 이중 guanine의 비율이 가장 높게 나타남을 알 수 있었다.

모두 2개의 most-parsimony tree를 얻을 수 있었는데 Meretrinae아과와 Cyclinae 아과가 하나의 분지를 형성한 반면 두 번째 tree에서는 Meretrinae 아과가 Pitarinae아과와 하나의 분지를 형성하고 있는 것만 다르고 나머지는 동일한 계통유연관계를 보여주었다.

이치아강(Heterochonchia)에 속하는 종은 익형아강(Pteriomophia)과 구분되는 공동 조상을 가지고 있었다. 상과 수준에서 볼 때 백합상과(Veneroidea)와 동족상과(Mactroidea) 담치상과(Dreissenoidea)는 monophyletic 하였으나 재첩상과(Corbiculoidea)는 paraphyletic한 양상을 보였다.

백합상과를 살펴볼 때 Chioninae아과를 제외한 나머지 아과들은 monophyletic한 양상을 보여주고 있었고 bootstrap value도 높아서 신뢰도가 높음을 알 수 있었다. 백합 상과는 Chioninae아과, Samarangiinae아과 및 Dorsiniinae아과가 하나의 그룹을 형성하였고 Pitarinae아과, Meretrinae아과 및 Cyclinae 아과가 하나의 분지를 이루고 있었다. 그러나 Meretrinae 아과가 Pitarinae아과의 근연종인지 Cyclinae아과와 근연종인지는 불분명하였다.

## 참고문헌

- Adamkewica, S.L., Harsewych, M.G., Blake, J., Saudek, D., and Bult, C.J. (1997) A molecular phylogeny of the bivalve mollusks. *Mol. Biol. Evol.*, 14: 619-629.
- Giribet, G., and Carranza, S. (1999) What can 18S rDNA do for bivalve phylogeny. *J. Mol. Evol.* 48: 256-261.

- Starobogatov, Y.I. (1992) Morphological basis for phylogeny and classification of Bivalvia. *Ruthenica*, 2: 1-25.
- Thompson, J.D., Gibson, T.J., Plewniak, F., François Jeanmougin, F. and Higgins, D.G. (1997) The CLUSTAL\_X windows interface: flexible strategies for multiple sequence alignment aided by quality analysis tools. *Nucleic Acids Research*, 25: 4876-4882.