

mtDNA-RFLP를 이용한 민꽃게, *Charybdis japonica* 집단의 유전학적 변이성

허윤성^a, 이복규^a, 허만규^a 와타나베 세이치^b

^a동의대학교 분자생물학과

^b동경해양대학교 자원육성학과

민꽃게 *Charybdis japonica*는 십각목 Decapoda, 단미하목 Brachyura 꽂게과 Portunidae 민꽃계속 *Charybdis*에 속한다. 민꽃게는 인도 태평양해역에 47종이 서식하고 민꽃계속에는 *Charybdis* (*Charybdis*), (C) *Goniohellenus*, (C) *Gonioneptunus* (C) *Goniosupradens* (C) *Gonioinfradens*등 5개의 아속이 있다. 우리나라에는 5종이 서식하고 있으며, 일본에는 민꽃게를 포함하여 17종이, 민꽃계류는 한국, 중국, 일본등지에 분포하고 수심 1-70m정도에 서식하는 것으로 알려져 있다 또한 민꽃게는 우리나라에서 많은양이 어획되고 있으며 그 어획량은 정확히 통계되어 있지 않고 있으며, 연안 어획계류중에서 많은 비중을 차지하고 있는 종으로서 자원관리 차원에서의 기초적인 유전적 정보가 필요한 실정이다 본 연구는 민꽃계의 유전적 변이성 및 민꽃계류 8종의 지역집단의 Mitochondrial DNA를 이용하여 유전학적 구조를 밝히기 위하여 이행하였다.

재료 및 방법

재료는 2000년 10월부터 2001년 7월에 한국의 태안, 여수 그리고 일본의 4개 지역(토교만, 시즈오카, 코지, 쿠마모토)등 6개 지역에서 283개체를 수집하여 연구실로 운반후 표본의 보각으로 부터 근육을 채취하여 mtDNA를 추출하였고, 수집된 민꽃게 전 개체는 형태를 관찰하여 동정하였다

채취한 근육 조직으로부터 Phenol-Chloroform 으로 mtDNA를 추출한 후 PCR을 이용하여 Cytochrome oxidase subunit I (CO I)영역을 증폭하였다. 증폭시킨 (CO I)을 이용하여 *Mbo* I, *Hae* III, *Hap* II, *Hinf* I, *Rsa* I, *Taq* I 6종류의 제한효소를 이용하여 RFLP를 이행하였다

결과 및 고찰

Mbo I 효소를 처리한 mtDNA의 CO I 영역 1100bp중에서 약 800bp과 약

300bp의 2개의 단편이 보였으며, *Hae*III효소에는 약 600bp와 약 300bp, 그리고 약 200bp의 3개의 DNA단편이 나타났고, *Hap*II 효소에서는 1000bp, 와 100bp등 2개의 DNA 단편이, *Hinf* I 에서는 600bp와 300bp"A그리고 200bp 3 개의 DNA단편이, 그리고 *Rsa* I 효소에서는 약 700bp, 약 300bp 그리고 100bp 3개의 DNA단편이 보여졌다 또한 제한효소 *Taq* I 를 처리한 결과에서는 약 600bp, 300bp, 200bp 3개의 DNA단편이 나타났다.

위 실험을 이행한 결과 민꽃게 전 집단, 전 개체에서 유전적 변이성은 확인 할 수 없었다.

이번 연구에서 민꽃게를 충분한 개체수에 대하여 대상영역의 총염기수 및 절단제한효소에 전혀 변이성이 보여지지 않는 것은 매우 희귀한 결과라고 생각되어진다. 한편 꽃게 *Portunus trituberculatus*에는 mtDNA전 영역을 대상으로 한 3종류의 6염기효소에 다형이 보고되어있고, 더욱이 mtDNA의 D loop 영역을 조사한 연구에는 8개체군, 표본수 234개체에 4종류의 제한효소 실험결과 4형에서 12형의 다형이 검출되어져 있다 (이마이, 누마치 2002). 또한 톱날꽃게 *Scylla*속 3종내의 절단다형은 8종류의 효소에서 1형에서 3형 이 조사되어져 있다 (Imai and Numachi 2002).

본 연구에서 민꽃게를 조사한 영역에서는 위와 같이 다른 종의 게와 같은 결과를 얻지는 못했지만, 아이소자임의 분석과 같은 결과가 나타나 민꽃게 집단의 지역적 분화가 이행되어지지 않았다고 생각되어진다. 또한 mtDNA영 역중에서 보다 변이성이 높은 D-loop영역을 연구대상으로 한 재검토가 필요 하다고 생각되어진다.

*Corresponding author: tear91@hanmail.net