

## 한국산 까나리 3 지역개체군의 유전변이

김진구 · 박중연<sup>1</sup> · 김영섭<sup>2</sup>국립수산과학원 자원연구팀 · <sup>1</sup>국립수산과학원 생명공학단 · <sup>2</sup>국립수산과학원 동해수산연구소

## 서론

까나리(*Ammodytes personatus*)는 한국, 일본 등지에 분포하는 냉수성, 연안성의 중요한 식용자원으로 간주된다(Chun, 1974; Okamoto et al., 1988). 일본산 까나리는 뒷지느러미와 척추골수에서 북방종과 남방종으로 구분되며(Kitaguchi, 1979), 단백질 전기영동 분석결과 남방종은 까나리, 북방종은 *A. hexapterus* 혹은 별종으로 제안된 바 있다(Okamoto, 1989). 한국산 까나리의 경우 크기와 척추골수에서 동해산(20cm 전후, 60-68)이 서해산(6-7cm, 58-64) 및 남해산(8-9cm, 56-64)보다 크고 많다(Chun, 1974, 1979). 이처럼 한국산 까나리는 서식지역에 따라 크기나 척추골수에서 큰 차이가 있음에도 불구하고 이들 지역개체군간의 유연관계나 집단 구조 등에 관한 연구가 전무한 실정이다. 최근 김 등(2005)의 연구결과에 의하면, 한국의 동·서·남해산 까나리 3 지역개체군은 계층형질에서는 두장과 체고에서 유의한 차이를 보이며, 척추골수에서는 남·서해가 유사한 반면, 동해가 평균적으로 남해와 3개, 서해와 2개 차이를 보였다. 이러한 형태적 차이가 분자수준에서도 차이가 있는지의 검증절차가 필요하다. 따라서, 본 연구는 한국의 동·서·남해산 까나리의 유전적 다양성 및 유연관계를 명확히 밝히기 위하여 미토콘드리아DNA의 control region과 16S rRNA의 염기서열을 비교, 분석하였다.

## 재료 및 방법

본 연구에 사용된 까나리 시료는 김 등(2005)의 다변량 분석기법에 의한 까나리의 형태변이연구에서 사용된 시료와 동일하며, 분석에 이용된 전개체는 다음과 같이 국립수산과학원(NFRDI) 표본번호를 부여하여 70% 알콜에 담아 보관하였다.

NFRDI20050427-1~30, 30마리, 황해 태안반도 앞바다, 2005. 3. 20. 채집자 황학진;  
NFRDI20050524-1~30, 30마리, 동해 주문진 앞바다, 2005. 4. 7. 채집자 이성일;  
NFRDI20050601-1~30, 30마리, 남해 상주 앞바다, 2005. 5. 7. 채집자 김태익.

분자변이 분석을 위하여 mtDNA의 control region(750bp) 및 16S rRNA(587bp) 두 영역의 일부를 분석에 이용하였다. 염기서열의 alignment를 위하여 BioEdit (ver. 7.0.5.3) 프로그램을 사용하였으며, 다양성, 분화율( $F_{ST}$ ), 유연관계(minimum spanning network), 집단 크기의 변천사(mismatch distribution) 등의 분석을 위하여 Arlequin (ver. 3.01) 프로그램을 사용하였다.

## 결과 및 요약

Control region(이후 CR)에 의한 유전자형다양성(haplotype diversity,  $h$ )은 동해(1.0000), 서해(1.0000), 남해(0.9900)로 모두 높아 집단간 차이가 거의 없었으며, 16S rRNA(이후 16S)에 의한  $h$ 는 서해(0.4667), 남해(0.4444), 동해(0.3202)로 서해와 남해가 동해에 비해 상대적으로 높았다. CR에 의한 핵다양성(nucleotide diversity,  $\pi$ )은 동해(0.0255), 서해(0.0099), 남해(0.0097)로 동해가 서해 및 남해보다 상대적으로 높았고, 16S에 의한  $\pi$ 는 동해(0.0012), 서해(0.0011), 남해(0.0009)로 모두 낮아 집단간 차이가 거의 없었다.

CR에 의한 MSN tree는 서해+남해집단이 별모양의 소그룹을 형성하는 반면 동해집단은 다소 넓게 퍼져 있는 것을 보여주었다. 그러나 동해 까나리 중 2개체(NFRDI0524-3, 19)는 서해+남해 그룹에 속해 있었다. 16S에 의한 MSN tree는 서해+남해집단이 부채모양의 소그룹을 형성하고 동해집단은 6개의 haplotype 중 4개 haplotype만 소그룹을 형성하고 나머지 2개 haplotype(2개체, NFRDI0524-11, 19)은 서해+남해집단과 가깝게 위치하였다.

CR에 의한 고정지수(fixation index,  $F_{ST}$ )는 동해-서해(0.6943,  $P < 0.001$ ), 동해-남해(0.6951,  $P < 0.001$ ), 서해-남해(0.0129,  $P = 0.1088$ )였고, 16S에 의한  $F_{ST}$ 는 동해-서해(0.7202,  $P < 0.001$ ), 동해-남해(0.7343,  $P < 0.001$ ), 서해-남해(0.0014,  $P = 0.4036$ )로 두 영역 모두 동해집단이 서해·남해집단과 유전적으로 뚜렷이 구분되는 반면 서해집단과 남해집단은 차이가 없는 것으로 나타났다.

두 영역 모두 mismatch distribution에서 동해집단만 bimodal형태를 보였고, 서해 및 남해 집단은 unimodal형태를 보였다. 이를 통해 역사적으로 동해집단은 유전자 유입이 적었거나 이미 분화된 이소집단이거나 제한적으로 확장된 경우로 추정 가능하다. 16S에 의한 각 집단의 돌연변이율( $\tau$ )은 동해(3.000), 서해(0.857), 남해(0.606)로 동해가 가장 컸고 초기집단크기( $\theta_0$ )도 동해(0.428), 서해(0.000), 남해(0.000)로 동해가 가장 컸다. 이를 통하여 까나리는 동해→남해→서해로 이주했을 가능성이 높고 이후 남해 및 서해 두 집단은 유전적 교류가 있었던 반면 동해는 그들과 격리된 상태로 독자적으로 진화해 왔을 것으로 추정된다.

## 참고문헌

김진구 · 김영섭 · 김영혜 · 황학진 · 황선재 · 이성일 · 김태익. 2005. 다변량형태분석에 의한 한국산 까나리의 지역간 변이. 한국동물학회 발표요약문.