

방류어에 대한 분자생물학적 접근



곽우식 교수
경상대학교 해양생물이용학부
TEL)055-640-3102
E-mail) wsgwak@nongae.gsnu.ac.kr

우리나라의 연근해어업 어획량은 지난 80년대 1백 37만톤 이었으나 2000년에는 약 1백19만톤 정도에 그쳤다. 연근해어업의 어선 톤당 어업생산량도 1990년 3.4톤에서 2000년에는 3톤으로 계속 낮아지고 있다(해양수산부, 2002). 이에 반해 인구 증가와 소득 향상에 따른 식량 자원으로서의 수산물 비중 특히 어류가 차지하고 있는 비중은 증가 추세를 보이고 있다. 증가하고 있는 수산물 수요에 대응하여 수산물의 생산성 향상을 위해 수행되고 있는 노력 중의 하나가 종묘방류에 의한 바다목장 조성과 개발이라고 할 수 있다. 현재 종묘방류사업은 국립수산종묘시험장 12개소와 지자체배양장 7개소에서 수행되고 있으며, 어류의 경우 2001년도에는 국립수산종묘시험장에서 1,258천미, 그리고 도립수산종묘배양장에서 4,471천미를 방류하였고 그 양은 매년 증가하고 있다(해양수산부, 2003). 자원 조성을 위해 19개의 국립·도립종묘시험장에서 종묘방류가 활발하게 이루어지면서 경제적인 측면에서의 방류효과 조사가 요구되고 있다. 하지만 어종에 따라서는 방류된 해역을 떠나서 광범위하게 회유하는 어종도 있으므로 정확한 조사를 하기는 어렵다. 이러한 문제를 해결하기 위해서는 방류 대상의

모든 치어에 어디에서 방류했는지 알 수 있도록 표식을 붙여서 방류하고 그에 대한 추적 조사를 하면 될 것이다. 하지만 표식이 떨어지거나 표식을 할 때 치어에게 주는 스트레스, 표식의 번거로움 그리고 비용 등의 문제가 있어서 새로운 표식 방법을 개발할 필요가 있다. DNA분석에 의한 어류의 개체표식법, 미량조직으로 부터의 DNA추출법, DNA간이분석법 등의 개발과 개량으로 미토콘드리아DNA(mtDNA) 염기 배열에 있어서의 변이를 표식으로 해서 방류 후 포획된 어류(이하 방류어라 칭함)의 출신지를 판정하는 것이 가능하게 됐다. 종묘 방류량의 증가와 함께 효율적인 방류사업을 위해 고려해야 할 사항은 여러 가지가 있겠지만 여기서는 방류어의 출신지를 파악하기 위해 이용되는 분자생물학적 방법 중에 특히 미토콘드리아DNA를 이용한 방법에 대해 알아보려 한다.

1. 미토콘드리아DNA의 특징

어류를 포함한 고등 동물에는 두 종류의 게놈이 존재한다. 하나는 핵게놈이고 또 다른 하나는 세포질에 있는 미토콘드리아게놈이다. 유전 정보

기획특집

의 대부분은 핵계놈에 존재하므로 핵계놈은 유전 정보의 보고라고 할 수 있다. 핵계놈은 보통 한 개체에 2 세트씩 존재하며 각각에 수 만개의 유전자가 포함되어있다. 게다가 다양한 종류의 유전자중복 현상이 함께 존재하기 때문에 매우 복잡해서 핵계놈으로 부터 확실한 정보를 얻는 것은 쉬운 일이 아니다. 그러므로 집단이나 고차분류 군의 분석을 위한 대상으로서의 핵계놈은 수월한 대상이 아니다. 그래서 결국은 1개체 내에 1 세트만 존재하고 크기 면에서도 컴팩트한 세포내 소기관의 계놈이 적합한 분석 대상으로 주목을 받게 되었는데 미토콘드리아DNA가 바로 그것이다. 미토콘드리아DNA는 세포질 내의 소기관인 미토콘드리아에 존재하는 DNA로 대부분의 동물에서는 고리 모양을 하고 있다(그림 1). 후생동물에서는 그 크기와 유전자 구성 모두에 있어서 공통점이 많은 것으로 알려져 있다. 미토콘드리아 DNA는 16-19kbp라는 아주 컴팩트한 크기로 내부에는 13종류의 단백질 유전자, 2종류의 리보솜 RNA(rRNA) 유전자 그리고 22종류의 전이 RNA(tRNA)가 촘촘하게 들어있다. 미토콘드리아의 기원이 진핵세포에 공생한 원핵세포이고 세포 내에서 공생하는 과정에서 계놈이 발전 되었다는 관점에서 보면 이러한 미토콘드리아DNA의 특징들이 이해가 된다. 미토콘드리아가 원래 원시적 세포에 공생한 세균으로 생각되고 있는 것에 대한 증거의 하나로 핵과는 별도의 독자적인 DNA를 갖고 있는 것을 들 수 있다. 이상과 같은 특징 이외에도 미토콘드리아DNA에는 다음과 같은 중요한 특징이 있다.

- ① 척추동물에서는 약 16,500개의 염기로 구성 되어있고 크기는 핵DNA보다 훨씬 작다.
- ② 핵DNA보다 5-10배 변이가 일어나기 쉽다.

그 중에서도 유전정보를 갖고 있지 않은 조절영역(control region, D-loop region이라고도 칭함)에는 변이가 많이 축적되어있어서 종 내의 유전적집단구조나 근연종의 종간 관계에 관한 연구 대상이 되고 있다.

- ③ 한 개의 세포 내에는 수십에서 수만의 미토콘드리아가 있다. 그러므로 미토콘드리아 DNA분석은 극히 적은 양의 시료로도 가능하고, 시료의 보존 상태가 좋지 않아도 PCR법 등을 이용해서 DNA를 쉽게 복원할 수 있기 때문에 분석하고자 하는 시료(어류)의 비늘 한 개, 지느러미의 일부 그리고 굽거나 말린 생선에도 응용할 수 있다.

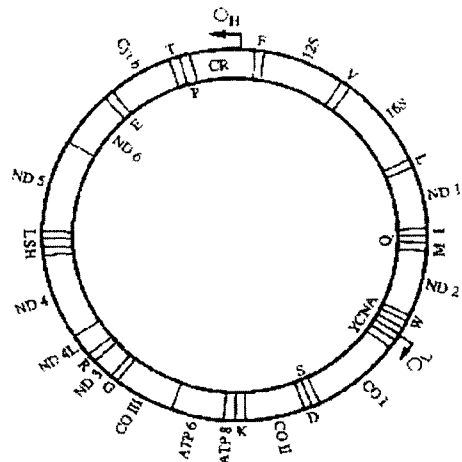


그림 1. 척추동물 미토콘드리아DNA의 일반적인 유전자 배치. 바깥쪽의 원은 중쇄(重鎖, Heavy Chain)를 안쪽의 원은 경쇄(輕鎖, Light Chain)를 나타낸다. 그림 중의 약어: CR, 조절영역; Cytb, cytochrome b 유전자; ND 1-6, NADH 탈수소효소서브유닛 1-6 유전자; COI-III, cytochrome c옥시다제서브유닛 I-III 유전자; ATP 6, ATPase 6 유전자; ATP 8, ATPase 8 유전자; 16S 및 12S, 16S 리보솜RNA유전자 및 12S 리보솜RNA유전자; OH, 중쇄의 복제 개시점; OL, 경쇄의 복제 개시점.

④ 세포질 내에 있기 때문에 기본적으로 모계 유전(母系遺傳)한다. 즉 모친이 같은 형제자매는 모두 똑 같은 타입의 미토콘드리아DNA를 갖는다. 미토콘드리아DNA가 모계 유전을 한다는 특징은 방류어의 출신지를 판정하거나 집단해석을 하는데 중요한 역할을 하게 된다. 유전자의 변환 없이 모계유전한다는 것은 미토콘드리아DNA 분자 자체가 모계로 대를 이어서 계속해서 전달 된다는 것을 의미하므로 미토콘드리아DNA 분석을 통해서 모계 계통을 추적할 수 있다. 그리고 이 모계 계통은 특별한 것이 없는 한 집단 전체 혹은 종 전체의 계통을 대표한다고 볼 수 있다.

2. 방류어의 출신지 판정

치어를 생산하는 종묘시험장에서 예를 들어 50-200개체 정도의 친어를 보유하고 있다라고 하면 이 숫자는 자연 집단과 비교해 볼 때 매우 적은 수이다. 게다가 이들 친어가 종묘 생산 시 1회 채란 할 때 산란에 참여하는 비율은 전체 친어의

10-20%에 지나지 않는다는 것을 고려하면 생산된 종묘 집단에서 볼 수 있는 미토콘드리아DNA 유형은 자연산 어류에 비해서 훨씬 적을 것이 예상된다. 또한 각각의 종묘생산 시설이 다른 친어군을 보유하고 있다라고 가정하면 생산되는 치어의 미토콘드리아DNA 유형도 각 시설마다 다를 것이다. 그러므로 종묘를 방류하기 전에 미리 방류용 종묘의 미토콘드리아DNA를 분석하고 그 결과를 재포된 방류어의 미토콘드리아DNA유형과 비교하면 그 어류가 어디서 생산된 것인지(경우에 따라서는 언제 어디서 방류된 것인가)를 밝힐 수 있다. 즉, 특정 종묘시험장에서 생산 및 방류된 종묘가 어디서 몇 퍼센트가 어획되었는지를 알 수 있다. 또한 방류된 어류의 이동 경로와 그 범위를 명확히 할 수 있다.

미토콘드리아DNA의 염기 배열을 표식으로 방류어의 출신지를 판단하는 이 방법은 어류를 희생시키거나 구입 할 필요 없이 아주 소량의 시료만으로도 분석이 가능하다. 또한 종래의 방법인 어체에 표식하는 방법과 달리 정확한 결과를 얻을 수 있다는 장점이 있으므로 방류어의 추적조사에 추천할 만한 방법이라고 하겠다.