

어류의 주민등록시대를 열다

이 정 호

국립수산과학원 어류육종연구센터

1. 서론

사건 1. 1986년 여름 17세의 한 소녀가 강간 당한 뒤 살해되었다. 가장 먼저 용의자로 떠오른 사람은 해결안된 1983년의 또 다른 강간 살인 사건의 용의자로 지목되었던 한 청년이었다. 그러나 유전자 감식법에 의하면 용의자의 DNA 패턴은 피해자의 몸에서 추출된 검체의 DNA와 전혀 달랐다. 청년은 풀려났다. 경찰은 여론에 힘입어 용의자가 살고 있으리라고 거의 확실하는 나아보로 마을 주민 5500명 전체의 혈액을 확보하기에 이르렀다. 이 중 약 40%가 재래식 혈액형이나 단백질 검사로 제외될 수 없었고 이들에 대해서는 유전자 감식법이 수행되었다. 불행하게도 실험 결과는 어떤 사람에게서도 피해자에게서 검출된 정자와 같은 DNA형을 찾을 수 없었다. 당시 이 마을의 분위기는 매우 들떴고 이 살인 사건과 새로운 DNA 검사 방법에 대하여 거의 모든 대화가 이루어졌다. 사건 해결의 돌파구는 동네 한 작은 술집에서 만들어졌다. 손님 중 한 사람이 자기가 사실은 혈액을 제공하기 어려운 친구를 위해 두 개의 혈액 샘플을 제공했다고 고백한 것이었다. 콜린 피치포크라는 혈액을 제공하지 않았던 사람은 곧 소환되었고 그의 DNA가 분석되었다. 그의 DNA 패턴은 피해자에서 추출된 것과 일치하였으며 이어 자백하고 무기징역을 살게 되었다.

사건 2. 1987년 가을 미국 버지니아주 리치몬드

의 한 아파트에서 35세 여인이 목졸려 죽은 시체로 침실에서 발견되었다. 현장 검증의 결과 성행위의 흔적을 발견할 수 있었다. 이보다 2주 뒤에는 32세된 여의사가 역시 침실에서 교살되어 발견되었고 강간의 흔적이 있었다. 경찰은 범인이 창문을 통해 침입한 것을 알 수 있었지만 다른 어떤 증거물도 입수할 수 없었고 다만 피해자의 몸이나 옷에 남겨진 정액을 회수했을 뿐이었다. 같은 해 11월 리치몬드 남쪽의 체스트필드 군에서 15세 소녀가 집에서 또 강간후 교살된 것이 발견되었고 곧 이어 이보다 100마일 떨어진 북쪽의 한 마을에서도 44세의 주부가 자기 침대에 강간 후 목졸린 채로 발견되었다. 유전자 감식 결과 발견된 정액은 모두 같은 DNA 패턴을 보였기 때문에 이 사건은 시리즈 살인광에 의한 연쇄살인으로 판단되었다. 1988년 1월 20일 조셉 호가스 형사는 리치몬드에서 가까운 알링톤에서 연쇄 살인 사건의 용의자로 보이는 한 사나이를 살인혐의로 체포하였다. 유전자 감식 결과 체포된 사람의 혈액에서 추출된 DNA가 연쇄 강간 살인 사건의 정액에서 추출된 DNA와 같은 DNA 패턴을 보였고 그것이 우연으로 일치할 확률은 수 천만분의 일에 불과하였다.

사건 3. 영국에서 태어난 한 소년이 가나(Ghana)에 거주하는 아버지와 살기 위해 이민을 갔다. 훗날 그 소년은 다시 어머니와 합류하기 위하여 영

국으로 돌아왔는데 이민국에서는 이 소년이 본래의 소년과는 전혀 다른 사람이거나 혹은 어머니라는 사람의 동생, 즉 이모의 아들일 수도 있다는 추측하였다. 그러나 친자식이 아니면 이민이 허락되지 않기 때문에 때마침 가능하게 된 유전자 감식을 실시하게 되었다. 아버지가 없었으나 어머니와 친형제라고 주장되는 사람들의 DNA로 비교 검사한 결과 소년은 추정 어머니(alleged mother)의 친자식임이 판명이 되었다. 영국 이민법에 의하면 영주권자는 친족을 영주권자로 초청할 수 있다. 그러나 이민의 상당 부분은 영국에서 일하는 뱅글라데쉬나 파키스탄 남자들이 부인이나 아이들을 불러오기 위한 것이다. 1986년에만도 12,000건이 넘는 신청이 접수되었고 신청의 반 정도는 친족관계를 요구하는대로 증명하기 어려워 거부된다. 이민국에서는 처음에는 유전자 감식법을 정확한 방법으로 여겼으나 현장에 적용해 본 결과 종래에는 반 정도 기각되었던 결과가 95% 이상이 진실로 판명이 나는 것을 보게 되었다. 이민국에서는 유전자 감식법의 효능을 인정하길 꺼려하게 되었고 매 건당 약 500 파운드씩 드는 예산을 핑계삼아 유전자 감식법을 회피하려 하였다. 그러나 유전자 감식법으로 한 해에 수백만파운드씩 수입을 올리는 영국의 셀마크(Cellmark)사나 이민들의 단체들이 들고 일어나 어쩔 수 없이 유전자 감식법을 수행하게 되었으며 결과적으로 이민의 문턱은 훨씬 낮아지게 되었다.

이상의 일련의 사건에서 사용된 유전자 지문법(DNA fingerprinting)은 인간사회의 강간, 강력사건에서 범인을 식별해내거나 혈통 확인에 획기적인 방법으로 등장한 새로운 DNA 테크놀로지이다. 이것은 DNA의 폭넓은 변이에 기초를 두고 있는데 DNA가 유전물질이기 때문에, 그리고 모든 세포에 똑같이 존재하기 때문에 가능하며, 이제는

머리카락이나 약간의 인체 분비물만 가지고도 사람을 찾아낼 수 있으며 과거에는 해결이 불가능하였던 혈연에 관한 많은 문제들을 해결해줄 수 있게 되었다.

2. 유전자 지문법 (DNA fingerprinting)

많은 기술들이 그러한 것처럼 유전자 지문법도 처음에는 순수하게 인류 DNA를 탐구하던 과정에서 우연히 얻어졌다. 1980년 유타 대학의 레이몬드 화이트(Reymond White) 교수와 그 연구팀은 인류 DNA의 지도를 만드는 방법에 대해 연구하고 있었는데, 여러 사람들의 DNA를 비교하는 과정에서 과다한 변이를 관찰하게 되었다. 이것은 DNA의 어떤 부분에서 염기순서가 연속적으로 반복하여 나타나고, 사람들마다 그 반복되는 횟수의 차이가 크게 다르기 때문에 나타나는 현상이었다. DNA의 이러한 과변이를 법 집행의 차원에서 이용한 사람은 영국 레스터대학의 알렉 제프리즈(Alec Jeffreys) 였다. 1980년대 중반 제프리즈는 화이트의 VNTR과 유사한 염기순서들을 발견하면서 그 과변이 현상을 마치 지문과같이 개인의 식별에 사용할 수 있다는 것을 보였다. 제프리즈는 DNA 지문에 이용되는 염기순서들이 위성 DNA 같이 반복적이면서 반복의 횟수가 훨씬 작아 소위성(minisatellite)이라고 명명하였다. 제프리즈에 의하여 연구되던 연쇄반복들은 단위반복이 보통 열 개이상의 염기로 이루어지며 연쇄반복의 크기는 대략 삼천 내지 이십만 염기쌍 정도의 범위에 있었다. 소위성은 불과 몇 십개 밖에 발견되지 않았으나 1980년대 말 새로운 형태, 즉 단위반복이 단지 2~7개의 염기로 되고 연쇄반복이 200~300 염기쌍에 지나지 않는 보다 짧은 연쇄반복들이 미

국에서 발견되었다. 이것들은 이미 발표된 화이트의 VNTR이나 제프리지의 소위성과 구분하여 극소위성(microsatellite), 혹은 STR(Short Tandem Repeat) 혹은 SSR; ShortSequence Repeat, 짧은연쇄반복)이라고 불리워진다. 명명은 별도로 되었지만 소위성과 VNTR이, 또 극소위성과 STR이 거의 같은 의미로 사용되고 있다. 그러나 엄밀하게 따지면 어느 말도 정확하게 실체를 표현하는 것은 못된다. 소위성이나 극소위성은 사실 위성 염기순서와 같이 원심분리에서 분리될 수 있는 것도 아니고 진화적으로 혹은 염기순서적으로 연관이 있는 것도 아니다. VNTR은 오히려 포괄적인 어휘이지만 소위성과 같이 연쇄반복의 크기가 상당히 커서 RFLP의 방법으로 측정할 수 있는 것들에 한정되어 쓰이고 있다. 따라서 극소위성은 자연히 단위반복이 짧고 PCR로 증폭할 수 있는 연쇄반복을 뜻하게 되었다.

제프리지의 DNA 과변이 패턴은 엄밀히 말하면 지문과 같이 개개인에게 고유한 것은 아니기 때문에 얼마간 우연히 같은 패턴을 보일 가능성이 있었다. 그러나 많은 연구 결과 같은 DNA 지문이 다른 사람에게서 발견되는 일이 거의 없다는 것이 알려졌지만 그래도 법정에서 증거물로 제시될 때는 명확한 수량적인 데이터의 결여는 설득력을 약하게 한다.

유전자 지문(DNA fingerprinting)이라는 어휘는 제프리지가 복합탐침을 법과학적으로 적용함으로써 매스컴에 회자하고 이 계통의 DNA 테크놀로지를 일컫는 말이 되었다. 유전자 지문에서는 한꺼번에 여러 지역이 관찰되기 때문에 각 절편들의 유래를 파악하는 것은 어렵지만 어쨌든 띠의 반은 아버지에게서 나머지 반은 어머니에게서 유래한다. 이것이 유전자 감식법에 의한 친자확인 이론적 근거가 된다 (그림 1).

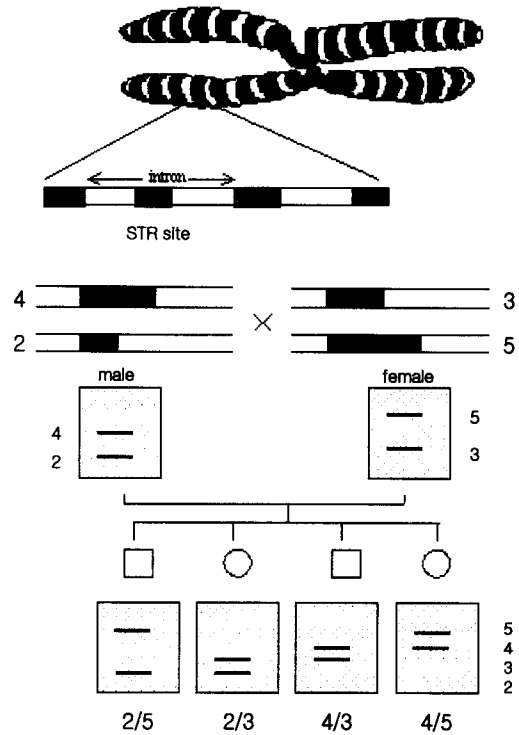


그림 1. 유전자 감식법에 의한 친자확인 의 모식도.

3. 위성, 소위성, 극소위성 (Satellite, Minisatellite, Microsatellite)

상당히 의외의 사실이지만 생물들이 가지고 있는 유전물질인 DNA는 거의 대부분 아무런 유전정보를 수록하고 있지 않다. 그리고 이러한 비정보성(non-coding) 염기순서들은 흔히 반복적이다. 가장 잘 연구된 생물체의 하나인 초파리(Drosophila sp.)의 지놈은 50% 이상이 단지 A AG, TTAGGG 그리고 좀 더 긴 염기순서인 ACACAGCGGG의 세 종류의 반복적인 염기순서로 구성된다. 초파리의 지놈 크기도 2억개의 염기로 이루어지는 만큼 반복횟수도 대단히 많아 각각은 적어도 수백만회 이상 반복된다. 사람 지놈에서는 30억 염기 중 95% 이상이 비정보성 염기순서다. 이들의 30% 정도 역시 반복적인 염기순서인데 그 염기순서의 성

질과 진화의 과정에 따라 분포의 양상이 다르다. 염색체의 한 군데에 집중적으로 나타나는 경우도 있고 지놈 전체에 여기저기 흩어져 나타나는 경우도 있다. 구체적으로 어떠한 염기순서가 DNA에 어떻게 분포되어 나타나는지는 여기서 관여할 바가 아니나 왜 이러한 염기순서가 지놈의 대부분을 차지하게 되는지는 VNTR의 다형성을 이해하는데 기초가 된다.

먼저 특정한 염기순서가 지놈에 많은 횟수로 반복적으로 나타나는 원인은 이기적 DNA(selfish DNA)의 개념으로 설명된다. 즉, 어떤 염기순서들은 DNA의 대사, 즉 복제나 수리, 조환 등의 과정에서 자신의 수(數)를 늘리려는 경향이 매우 강하다는 것이다. 마치 개체 수를 잘 늘릴 수 있는 종이 번성해 나가듯이 DNA 수준에서도 그 본수를 늘릴 수 있는 염기순서들은 지놈 상에서 그 양이 자꾸 늘어난다는 것이다. 유전정보를 함유하는 염기순서는 무턱대고 그 양이 많아야 좋을 리도 없고 다른 유전자들과 조화를 이룸으로써 그 소유주인 개체의 생존에 기여하는 것이기 때문에 본수가 함부로 증가할 수는 없다. 그렇지만 비정보성인 염기순서의 증가는 세포에게 DNA의 분량이 증가한다는 사실로 인한 부담을 줄 수는 있지만 그 염기순서 자체로 인한 압력은 주지 않는다. 일반적으로 상당히 큰 크기를 갖고 천천히 증식하는 아메바나 플랑크톤 따위 이상의 진핵생물에서 DNA의 양은 별로 부담이 되는 요소가 아니다. 따라서 이러한 비정보성 이기적인 염기순서는 DNA의 대사가 허용하는 한 계속적으로 숫적인 증가를 보게 되는 것이다. 그러나 많은 생명현상이 그러하듯이 처음에 반복적인 염기순서가 숙주의 생존과는 상관없이 이기적인 원인으로 번성하였다 라도 오랜 세월이 흐르는 동안 세포와 혹은 다른 염기순서들과 새로운 상호작용이 진화할 수 있으

며 여러가지 실험들이 비정보성인 DNA들도 지놈 소유주 개체의 생존에 영향을 주기도 한다는 증거를 보이고 있다. 화이트의 VNTR은 초파리에서와 같이 한 염기순서가 집중적으로 수백만번씩 반복되어 지놈의 대부분을 차지하는 경우가 아니고 비교적 짧은 염기순서가 그다지 많지 않은 횟수 반복되어 지놈의 여기저기에 흩어져 나타나는 경우다. 일반적으로 유전자 지문법이나 친자확인에 사용되는 염기순서들은 “CA” 같이 단지 두 개의 염기순서가 반복되어 나타나는 것이 제일 흔하고 3~4개의 염기순서가 반복단위인 것이 다음으로 빈번하며 보다 드물지만 긴 것은 단위반복이 70 개의 염기로 구성되는 것도 있다. 이러한 연쇄반복들은 인류의 지놈에 적어도 수십만개 존재할 것으로 추정되고 있다(Weber and May, 1989; Tautz, 1989).

반복적인 염기순서의 형태와 진화적인 내용이 다양하기 때문에 이들을 지칭하는 용어도 다양하고 복잡하며 유전자 지문법의 과정에서 또 새로운 용어들이 파생되어 복잡성을 더 하고 있다. 1970년대에 지놈과 DNA 연구가 초보적인 때 지놈 DNA를 분리하여 원심분리를 하면 대부분의 DNA는 비슷한 밀도로 인하여 원심분리관의 한 부분에 집중되는데 일부 DNA는 그 옆에 희미한 띠를 이루는 것이 관찰되었었다. 이것은 A와 T의 염기가 특별히 많아 G와 C가 고루 섞인 다른 염기순서들에 비해 밀도가 낮은 DNA들이 있기 때문이었다. 이 DNA는 염색체의 일부에 집중되어 존재하는데 A와 T가 많은 짧은 염기순서가 수없이 반복되어 이루어지고 있었다. 이 DNA들은 별도의 띠를 형성하기 때문에 위성 DNA (satellite DNA)이라고 불리우게 되었다.

제프리가 DNA 지문을 발표하던 1985년, PCR이라는 새로운 획기적인 테크놀로지가 멀리스(K.

Mullis)에 의해 발명되었고 이듬해 공식적으로 발표되었다. PCR은 DNA 중합효소를 이용해서 시험관에서 DNA를 복제하는 것으로, 획기적인 것은 특정 부분에서 복제가 되풀이되어 일어나게 한다는 것이다. 이를테면 수십억개의 염기로 이루어진 인류의 지놈에서 다른 부분은 모두 그대로 있는 가운데 특정 유전자만 10만배 이상 그 분자수를 늘릴 수 있다는 것이다. 단순히 분수를 늘리는 것이 일견 대단히 의미를 갖지 않을 듯이 보이지만 PCR은 생명과학 분야 모든 사람들의 시선을 집중시키면서 폭발적인 응용을 가져왔으며 오늘날 가장 중요한 생명과학의 테크놀로지로서 자리잡게 되었고 발명자 멀리스는 노벨수상자가 되었다.

그러나 VNTR은 PCR에 의해 쉽게 증폭될 수 없었다. PCR은 고작해야 수백 염기쌍 정도의 절편을 증폭시킬 수 있는데 비해 기존의 VNTR 대립형들은 모두 수천 내지는 수만 염기쌍에 이르기 때문이었다.

유전자 감식에 PCR을 본격적으로 이용하게 된 것은 1989년 짧은 염기순서가 반복되어 이루어지는 STR이 발견되고서부터이다(Tautz, 1989; Weber and May, 1989). STR의 대립형들은 길어야 이삼백 염기쌍으로 PCR로 매우 잘 증폭될 수 있었다. STR은 크기가 아주 작기 때문에 PCR로 매우 잘 증폭되지만 보통의 아가로스 젤로는 띠들을 분리할 수 없다. STR의 분석에 이용되는 것은 변성 아크릴아마이드 젤이다. 이것은 아가로스 대신에 아크릴아마이드를 기질로 사용하고 분해능을 높이기 위하여 이중나선을 풀어 한가닥으로 변성시키는 약품을 포함시키며 또 두께가 0.3 mm에 불과한 아주 얇은 젤이나 모세관을 만들어 전기영동을 실시한다.

이러한 전기영동의 효율성과 경제성을 높이기 위하여 여러 개의 STR을 한꺼번에 증폭하고 전기

영동하는 방법이 개발되었는데 이것을 다중증폭(多重增幅, multiplex PCR)이라 한다. 어떤 샘플이건 이 두군데 이상을 증폭시켜 같은 젤이나 모세관에서 검사한다하여도 워낙 크기의 차이가 있기 때문에 적절한 분자량 표시자만 있으면 각각의 STR의 분석이 가능하다.

그러나 대립형들의 크기만이 문제는 아니다. PCR 반응의 불안정성 때문에 단지 한 쌍의 primer가 아니라 여러 쌍의 primer가 섞이게 되면 반응은 매우 복잡하게 된다. 따라서 다양한 조건의 충분한 실험을 통하여 항상 재현성있는 정확한 결과가 나오는지 확인하여야 한다. 최근에는 모세관을 이용한 자동염기분석기와 여기에 사용되는 서로 다른 색깔을 띠는 네 가지의 형광물질을 이용하여 무려 여덟개의 STR을 다중증폭한 보고도 있다 (Urquhart et al., 1994).

4. 유전자 감식법을 이용한 어류의 친자확인

어류는 지구상의 동물 중에서 가장 복잡한 교배 시스템을 가지고 있기 때문에 친자확인을 위해서는 인간 또는 육상동물에서 사용되는 유전자 감식법보다는 보다 효과적인 방법이 필요하다. 즉 인간을 포함한 육상동물의 경우 한번의 교배에 의해 태어나는 후손이 대체적으로 10 마리 이하이므로 친자확인이 그리 까다롭지 않지만 어류의 경우 많게는 수만에서 수십만의 후손이 한번의 교배로 태어나기 때문에 상당한 정확성과 효율성이 요구된다. 따라서 여러 종류의 유전자 표지 중에서 개체별 변이가 많은 극소위성(microsatellite)에 의해 가장 좋은 결과를 얻을 수 있으며 집단 크기가 클수록 필요한 극소위성좌가 많이 필요하다. Neff(2001)의 경우 자연산 블루길의 친자확인

과 산란 기여도를 조사하기 위하여 11개의 극소 위성좌표를 사용하였으며, 반면에 **Herbinger 등(1995)**은 양식산 무지개송어의 육종연구를 위한 친자확인 과 산란기여도 조사에 4개의 극소위성좌표를 사용하였다. 또한 **Norris 등(2000)**은 양식산 대서양 연어의 친자확인을 가계도에 대한 정보가 전혀 없는 상태에서 95%의 정확성을 보이기도 하였다.

그러나 우리나라 어류양식에서 가장 생산량이 많은 넙치의 경우 양식산업을 지속적으로 발전시키고 국제 경쟁력 강화하기 위해서는 최근에 개발되고 있는 유전학적인 방법을 이용한 우량품종 개발이 시급함에도 불구하고 유전자 감식기술을 품종개발에 적용한 사례는 현재까지 보고된 바가 없다. 우량 품종의 넙치를 개발하기 위해서는 1단계로 어미의 유전능력을 정확하게 조사해야 하며, 이를 위해서는 넙치의 주민등록번호라 할 수 있는 개체식별 및 친자확인 기술이 확보되어야 한다. 이를 위하여 최근 국립수산물학원 어류육종연구센터에서는 동, 서, 남해안 각 지역의 자연산 넙치 299마리와 종묘생산업체들로부터 생산된 양식산 넙치 298마리를 수집하여 유전자 감식법을 이용하여 이들의 유전형(genotype)을 분석하였다. 1~4개의 염기의 특이반복서열인 극소위성 유전자 표지(Microsatellite marker)를 이용한 유전자 다양성 분석에서 자연산 넙치집단의 대립유전형질의 수는 28~36개, 양식산 집단은 13~17개로 나타났다. 뿐만 아니라 양식산의 경우 평균 15개의 대립유전형질 중 특정 대립형질의 출현 빈도가 매우 높았으며, 또한 동일한 유전자형인 순종호모 개체의 비율이 자연산에 비해 1.6배 많게 나타나 유전적 다양성이 매우 빈약한 것으로 나타났다.

어류의 표현형은 환경의 변수들 뿐만 아니라 많은 유전자들에 의해 조절되기 때문에 넙치의 육종프로그램 개발 시 환경적 요인을 최대한 제거

할 수 있는 모든 종묘의 혼합사육이 필수적이다. 넙치 어미집단의 유전형을 기초로 유전자 감식법에 의한 넙치의 친자확인 기술을 개발함에 따라 넙치의 육종프로그램 개발 시 모든 종묘를 수정란에서부터 혼합하여 동일한 환경조건에서 사육함으로써 각 개체의 부모를 식별할 수 있기 때문에 사용된 어미의 유전능력을 정확하게 조사할 수 있다 (그림 2).

넙치의 유전자 감식기술은 그림 3에서처럼 극미량(10,000분의 1g)의 넙치 지느러미 조직에서 DNA를 추출하여 한번에 8개 이상의 유전자형을 분석할 수 있는 기술로서 최소한의 경비로 수천~수만마리의 넙치를 살아있는 상태에서 개체식별 및 친자확인이 가능하다 (그림 4, 5). 특히 기존의 유전자 감식기술에 비해 시간과 경비면에서 약 1,000배 이상의 효율성을 가짐으로써 향후 타 어종의 유전자 감식기술에도 적극적인 활용이 예상된다.

또한 유전자 감식기술에 의한 친자확인 기술을 이용하여 지금까지 조사가 불가능했던 넙치 자연산란의 비밀을 밝혀내었다 (그림 6). 그 결과 성숙이 양호한 넙치 어미 집단은 하루에 약 50% 정도, 10일 동안 약 90% 정도가 산란에 가입함으로써 산란기간 동안 거의 모든 넙치가 자연산란에 기여하는 것으로 확인되었다. 특히 암수 33마리 중에서 일부 넙치는 10일 동안 20회 이상 자연산란에 가입함으로써 왕성한 교배능력을 보이는 반면에, 암컷 1마리 및 수컷 2마리는 전혀 산란에 가입을 하지 않아 무의도식하는 넙치로 확인되었다 (그림 7).

5. 어류의 주민등록증 : 개체 이력정보시스템

인류의 삶의 질이 향상되면서 식품을 싸게 대

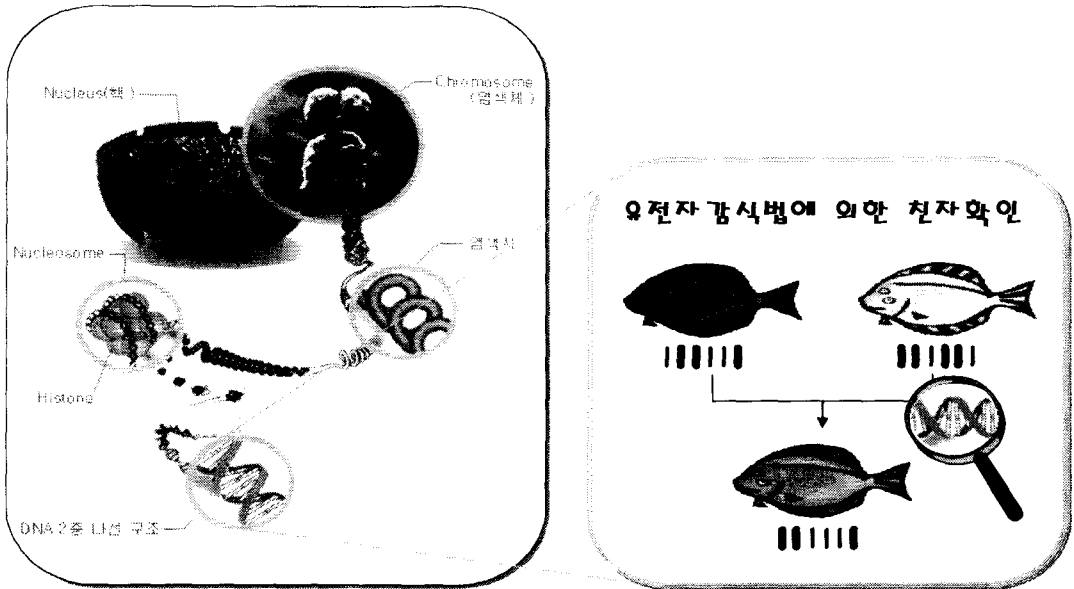


그림 2. 유전자감식법에 의한 친자확인 모식도.

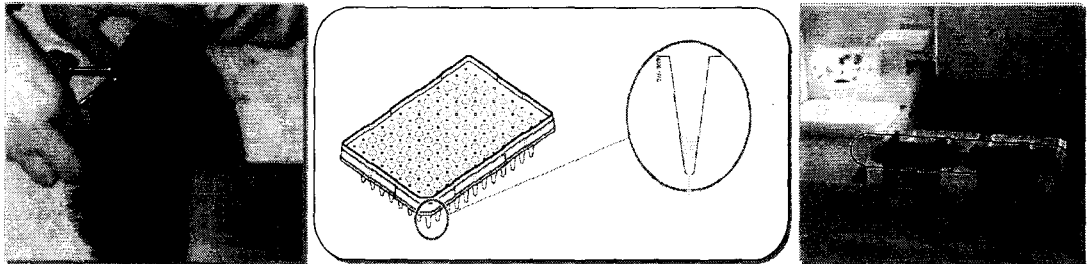


그림 3. 극미량의 시료채취, 대용량 · 고효율의 유전자 분리 및 유전형 분석.

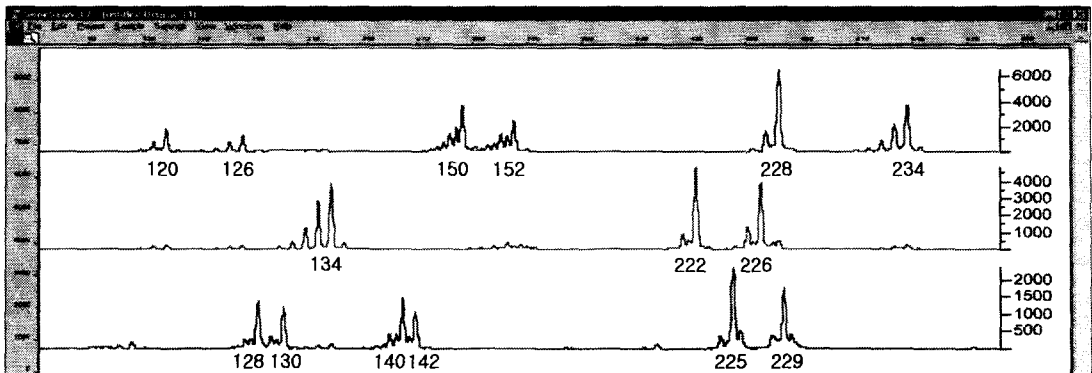


그림 4. 다중중폭에 의한 넙치 유전형 분석 결과.

번호	여미번호	A-1	A-2	A-3	B-1	B-2	B-3	C-1	C-2		
1	1A_CH004	84	112		220	226		194	128	196	196
2	1B_CH010	98	98	148	162		115	115	141	147	128
3	1C_CH026	82	102				149	153	184		126
4	1D_CH049	100		150	206	206	115	161		204	126
5	1E_CH056	98		148	162		206	115	115	141	128
6	1F_CH073	152		142							128
7	1G_CH081			168	208	222		121	141	143	128
8	1H_CH085	94	98		162	198	220		141	153	126
9	2A_C_H036	94	104			210		115	141	143	184
10	2B_C_H089	82		142				149	153	184	126
11	2C_C_H092	98	112	142	162	202	222	115	115	141	153
12	2D_C_H093	82	102	142			220		149	153	184
13	2E_C_H095	94	98	146	148			115	141	147	128
14	2F_C_H099	98	114	158	188		210	115	121	141	143
15	2G_C_A051	94	102	146	162	198	220	115	115	141	147
16	2H_C_A011	98			158	202	210		141	155	186
17	3A_C_A014	102	102	142	156	198		115	119	141	157
18	3B_C_A020	84	98	150		222	224	115		137	157
19	3C_C_A022	96	98	146		222		115		141	184
20	3D_C_A024	102	102	148	158	198		115	115	141	157
21	3E_C_A075	96	102	158				115	115	141	166
22	3F_C_A077	84	98		168			115	121	141	155
23	3G_C_J009	96		144		220			143	196	124
24	3H_C_J010	96	98		164			115	143	143	186
25	4A_C_J033	98	102		168			141		184	184
26	4B_C_J032	102	102	148	158	210	210	115	141	159	190
27	4C_C_J044	84	94	142	164	220	228		121	141	184
28	4D_C_J053	84	84	142	162	220	228		141		190
29	4E_C_J063	102				210	236		121	141	128
30	4F_C_J066	84				220		121	141		128
31	4G_C_J067	94	98	148	164	214	236		121	143	184
32	4H_C_J077	96	112	148		214	222		141	141	184
33	5A_C_J079	98		168	208			141	141		128

그림 5. 유전자 감식법에 의한 넘치 종묘의 친자확인.

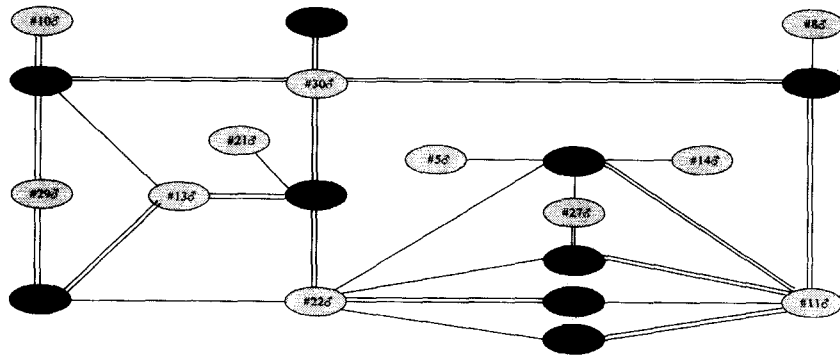


그림 6. 수조내 양식산 넘치(♀: 15마리, ♂: 18마리)의 2일간 교배 모식도.

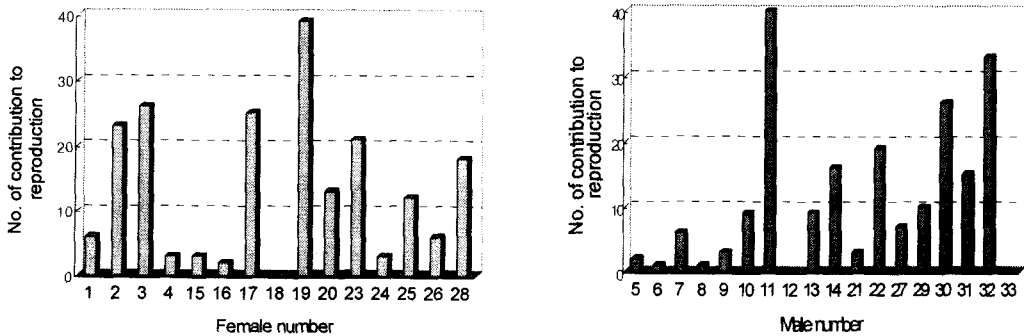


그림 7. 수조내 양식산 넘치(♀: 15마리, ♂: 18마리)의 10일간 산란 기여도.

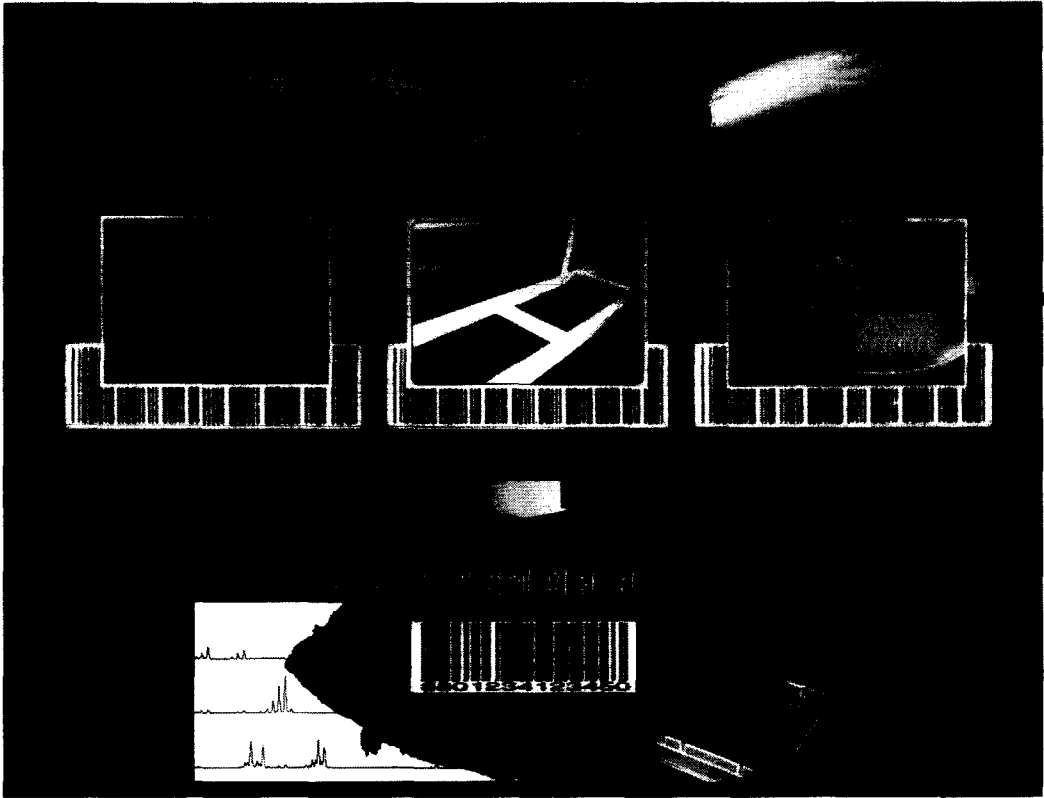


그림 8. 브랜드화를 위한 생산자 추적시스템 구축.

량으로 공급하는 측면에서 보다 안전하고 우수한 제품을 신뢰성 있게 소비자에게 공급하는 것이 중요한 시대가 되었다. 즉, 식품을 통해 건강을 유지하려는 소비자의 욕구가 계속 증가함에 따라 식품의 안전성에 대한 소비자의 우려 역시 급격히 커지고 있는 것이다. 수산물, 특히 어류의 경우도 예전에는 생산성과 가격적인 면만을 고려했을 뿐 품질 및 안전성에는 비중을 두지 않아 양식 관련 기술도 이에 맞추어 단순한 생산증대에 맞추어져 있었다. 그러나 이제는 수량적인 측면보다는 수산물의 안전성과 품질, 제품을 구매하는데 있어 제품의 진위성 등에 초점이 맞추어지게 되었다.

향후 유전자 감식기술을 더욱 발전시켜 신속하고 간편한 분석을 위한 유전자 칩(DNA chip)을 개발함으로써 육종에 의해 생산된 우량 넙치는

모든 유통단계에서 유전자 추적 시스템에 의해 언제든지 생산자 확인이 가능하다. 우량넙치의 생산에서부터 각 개체의 유전형이 신속하게 분석되고 부모 및 혈통에 대한 자료가 데이터 베이스에 구축 및 저장됨에 따라 각 개체에 대한 고유 ID가 부여되고 주민등록증이 만들어지게 된다. 단순한 일련번호 형태의 다양한 정보가 확인될 수 있는 코드화된 번호체계가 구축되어 개체식별자에 품종, 지역, 생산연도, 생산자 등의 정보를 포함하며 변경/위조가 어려운 코드체계 및 원거리에서도 쉽게 개체식별자의 인식이 가능함에 따라 최종 유통단계까지 우량 넙치의 품질이 보증된다. 이에 따라 브랜드화된 우량품종의 보급으로 생산자와 소비자의 신뢰 구축에도 크게 기여하고, 고부가가치의 브랜드 넙치의 탄생에 따른 넙치 양식산업

의 생산성이 극대화되어 양식산업을 첨단산업으로의 육성이 가능할 것으로 여겨진다.

참 고 문 헌

- Danzmann, R.G., Jackson, T.R., Ferguson, M., 1999. Epistasis in allelic expression at upper temperature tolerance QTL in rainbow trout. *Aquaculture* 173, 45- 58.
- Hastein, T., Hill, B.J., Berthe, F., Lightner, D.V., 2001. Traceability of aquatic animals. *Rev. Sci. Tech.* 20, 564-583.
- Herbinger, C.M., Doyle, R.W., Pitman, E.R., Paquet, D., Mesa, K.A., Morris, D.B., Wright, J.M., Cook, D., 1995. DNA fingerprint analysis of paternal and maternal effects on offspring growth and survival in communally reared rainbow trout. *Aquaculture* 137, 245-256.
- Neff, B.D., 2001. Genetic paternity analysis and breeding success in bluegill sunfish (*Lepomis macrochirus*). *J. Heredity* 92, 111- 119.
- Norris, A.T., Bradley, D.G., Cunningham, E.P., 2000. Parentage and relatedness determination in farmed Atlantic salmon (*Salmo salar*) using microsatellite markers. *Aquaculture* 182, 73- 83.
- Queller, D.C., Goodnight, K.F., 1989. Estimating relatedness using genetic markers. *Evolution* 43(2), 258- 275.
- Tautz, D., 1989. Hypervariability of simple sequences as a general source for polymorphic DNA markers. *Nuc. Acids Res.* 17, 6463-6471.
- Urquhart, A., Chiu, C. T., Clayton, T., Downes, T., Frazier, R., Jones, S., Kimpton, C., et al., 1994. Multiplex STR systems with fluorescent detection as human identification markers. in *Proceedings from the fifth International Symposium on Human Identification, pp.73-83, Promega Corp.*
- Weber, J. L. and May, P. E., 1989. Abundant class of human DNA polymorphisms which can be typed using the polymerase chain reaction. *Am. J. Hum. Genet.* 44, 388-396.
- DNA 프로파일 연구회, 2001. 유전자 감식.