

## 한국산 와편모조류 *Peridinium bipes* f. *occultatum*의 Small-Subunit Ribosomal DNA (SSU rDNA) 염기서열 분석

기장서 · 조수연 · 한명수\*

(한양대학교 생명과학과)

### Analysis of Small-Subunit rDNA Sequences Obtained from Korean *Peridinium bipes* f. *occultatum* (Dinophyceae)

Jang-Seu Ki, Soo-Yeon Cho and Myung-Soo Han\*

Department of Life Science, Hanyang University, Seoul 133-791, Korea

To clarify some confusions concerning identification of the Korean *Peridinium* species, genotypic analysis was performed with their SSU rDNA sequences. PCR was used to amplify the partial SSU rDNA of *Peridinium* isolates collected from three different Korean waters (Jeam, Sang-sa and Togyo Reservoirs). The PCR products were allowed directly to sequence, which revealed each 942 bp of rDNA sequence. Analyses of the rDNA sequences showed that all the Korean isolates had the same genotype (100% sequence homology), and they were nearly identical to a Japanese strain of *P. bipes* f. *occultatum* (NIES 364; 99.8% sequence similarity). The sequence-based comparisons could clearly resolve *P. bipes* f. *occultatum* isolated from three different Korean waters.

**Key Words:** *Peridinium bipes*, phylogenetic analysis, small-subunit rDNA

#### 서 론

와편모조류에 의한 담수적조는 대부분 *Peridinium* (Erenberg)에 의한 것이며, 최근까지 세계 곳곳에서 이들에 의한 적조가 보고되고 있다(Pollinger and Serruya 1976; Wynne *et al.* 1982; Kawabata and Hirano 1995). 국내는 소양호(이와 조 1994), 주암저수지(이 1994), 토교저수지(한 등 1995; 이 등 1996; 기 1998)에서 보고 되었으며, 매년 주기적으로 대발생하는 추세이다. 이들의 문제점은 국내·외 저수지와 댐이 음용수 확보를 목적으로 건설한 것이므로 담수적조가 발생할 경우 필터가 막히게 되어 용수를 정화하기 곤란하다는 점이다. 또한, *Peridinium*은 대발생 시기에 대체로 심한 악취를 발생하므로, 적조가 발생한 담수를 음용수로 사용하기 곤란하다(Kawabata and Hirano 1995; Ginzburg *et al.* 1998). 그러므로 *Peridinium*을 효과적으로 관리하기 위하여 해외에서는 분류, 생리와 생태 연구가 활발하게 진행되어 왔

으나(Kawabata and Hirano 1995; Ginzburg *et al.* 1998), 국내의 경우는 현장모니터링과 군집 동태조사 등 일부를 제외하고 거의 연구되지 않았다(이와 조 1994; 이 1994; 한 등 1995; 기 1998). 실제로 국내에 출현하는 *Peridinium*의 정확한 분류조차 이루어지지 않았으며, 최근 Ki *et al.*(2005)의 연구를 통해 이들 생물이 *P. bipes* Stein f. *occultatum* (Lindem.) Lef.이라는 것이 처음으로 밝혀졌다.

유각 와편모조류인 *Peridinium*은 각판의 배열(the cal plate formula), 각의 모양과 형태, 정공판(apical pore plate), 몸의 가시(spine), 횡구변위(cingular offset) 등을 통해 구분된다(e.g. Elster and Ohle 1968; Ki *et al.* 2005). 그러나 *Peridinium*은 세포의 크기가 작고 각이 미세하여 광학현미경을 이용하여 분류하기 매우 곤란하며, 실제로 많은 분류학적 지식과 노력이 필요하다. 또한, 수 많은 종류의 *Peridinium*이 근연종간에 서로 형태가 유사하며, 생활사와 환경변화에 따라 형태적 변이가 심하므로 현장모니터링에서 형태가 유사한 종간에 잘못 동정되는 사례가 빈번하게 발생하고 있다. 실제로 국내 저수지인 주암과 토교저수지에서 적조를 일으켰던 *P. bipes* f. *occultatum*을 *P. willei*, *P. gatunenses*, 또는 *P.*

\*Corresponding author (hanms@hanyang.ac.kr)

```

AY733008   AGCTTACTTGATGATCACTCCATATATGGATAACCATGGTAATTCTGCCGCTAATACATG
AF231805   . . . . .

AY733008   GGCACACACCCGACTCGGTGGAAGGGTGGTGTGTTTGTCTAGGCACAGAACCAACCTGGGCTG
AF231805   T . . . . .

AY733008   CGCCCCGGCCGTGTGGTGATTTCATAATAACTGAGCGAATCGTACAGCACCAGCTGGCGATG
AF231805   . . . . .

AY733008   AGTCATTCAGGTTTTCTGACCTATCAGCTTCCGTCGGTAGGGTATTGGCCTACTGTGGCGA
AF231805   . . . . .

AY733008   TGACGGGTAACGGAGAATTAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAATGGCTACCA
AF231805   . . . . .

AY733008   CATCTAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCTTGACACAGTGAGGTAGTGACA
AF231805   . . . . .

AY733008   AGAAATAACAATACAGGGCATCCATGTCTTGTAATTGGAATGAATAGAACTTAAATCCCT
AF231805   . . . . .

AY733008   CTGCGAGTACCGATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAGCTCCAA
AF231805   . . . . .

AY733008   TAGCGTATATTAAGTTGTTGCGGTTAAAAAGCTCGTAGTTGGACCTCTGCCGAGGACGA
AF231805   . . . . .

AY733008   CTGGTCCGCCCTCTGGGTGAGTATCTGGCTTGGACTGGGCATCTTCTTGGAGAGCGTAGC
AF231805   . . . . .

AY733008   TGCGCTTGACTGCGTGGCTCGATATCCAGGACTTTTACTTTGAGGAAATTAGAGTGCTTC
AF231805   . . . . .

AY733008   AAGCAGGCGTGTGCCCTGAATATGTGAGCATGGGATAATAAGACAGGACCTCAGTCCTAT
AF231805   . . . . .

AY733008   TTTGTTGGTTTTCTAGAGCTGAGGGAATGATTAATAGGGATAGTTGGGGGCATTTCGTACTT
AF231805   . . . . . C . . . . .

AY733008   AACTGTCAGAGGTGAAATTCCTGGATTTGATAAAGATGGACTACTGCGAAAGCATTGCC
AF231805   . . . . .

AY733008   ATGGATGTTTTTCATTGATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGACGATCAGATACCGTC
AF231805   . . . . .

AY733008   CTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGGCTAGAGATTGGAGGTT
AF231805   . . . . .
    
```

**Fig. 1.** Alignment of two SSU rDNA sequences from *Peridinium bipes* f. *occultatum* of both Japanese NIES 364 (AF231805) and Korean HY971028T (HY733008) strains. Period (·) denotes a base identical to sequence located in the top line of each alignment set. The SSU rDNA sequence of HY971028T is completely identical to those of HYSS0312-01 and HYJA311-02 strains.

*cinctum* 등으로 잘못 동정한 바 있다.

그러므로 최근에는 분자생물학적인 방법을 이용하여 종을 동정하고 있으며, 특히 ribosomal DNA (rDNA)를 이용한 방법은 이들 영역이 진화적으로 안정되어 있어 외편모조류의 계통학 연구에 폭 넓게 활용되고 있다(Daugbjerg *et al.* 2000). 또한 rDNA는 여러 단위로 구성되어 있고 각각 다른 염기변이를 가지고 있어, 종간(intra-specific taxa)이나 다른 종간(inter-specific taxa)의 비교에 유용한 영역으로 여겨지고 있다(Adachi *et al.* 1996). 그러나 *Peridinium*의 분자생물학적 연구는 몇몇 종의 진화관계와(Daugbjerg *et al.* 2000) 색소체(Inagaki *et al.* 2000; Saldarriaga *et al.* 2001)와 관련된 것이 대부분이며, 분류학적 연구는 매우 부족하다. 특히 국내에서 담수 *Peridinium*의 분자생물학적인 연구는 지금까지 전혀 실시되지 않았다.

본 연구는 세 개의 다른 저수지에서 분리한 *P. bipes* f. *occultatum*의 small-subunit (SSU) rDNA 염기서열을 규명하여

종의 동정에 이용하고, 국내 *Peridinium*의 지리적 차이에 의한 유전형의 변이를 파악하며, 이들의 *Pridiniales* 내에서 계통학적 관련성을 조사하기 위하여 수행하였다.

**재료와 방법**

**시료채집과 *Peridinium* 배양**

*Peridinium*이 대발생한 시기에 토교(1997년 10월 28일), 상사(2003년 3월 12일), 주암 저수지(2003년 3월 11일)에서 Ki *et al.* (2005)이 보고한 각각의 정점에서 시료를 채집하였다. 배양종을 분리하기 위하여 Van Dorn으로 채수한 물을 냉장 보관하여 실험실로 운반하였다. 미세관법을 이용하여 각각의 지역에서 채집한 시료로부터 3개의 배양종(토교저수지, HY971028T; 상사저수지, HYSS0312-04; 주암저수지, HYJA311-02)을 분리하였다. HY971028T는 MEX-volox 배지 (<http://www.pai.utexas.edu/research/utex/old/>)를 이용하

**Table 1.** List of strains examined in the present study and GenBank accession numbers for their SSU rDNA sequences (All the species were included into the order Peridiniales)

Species	Strain	Length (bp)	Isolationlocality	GenBankAccess no.	Reference
<i>Ca. hallii</i>	-	1801	-	AF033865	Walsh <i>et al.</i> *
<i>Co. monotis</i>	-	1746	-	AJ415509	Shalchian-Tabrizi <i>et al.</i> *
<i>Gs. steinii</i>	NIES 463	1756	-	AF274257	Saldarriaga <i>et al.</i> , 2001
<i>Gm. sp.</i>	LaTo3	1759	-	AY829528	Di Giuseppe and Dini*
<i>H. niei</i>	CCMP 447	1753	-	AF274265	Saldarriaga <i>et al.</i> (2001)
<i>H. pygmaea</i>	CCCM 681	1731	-	AF274266	Saldarriaga <i>et al.</i> (2001)
<i>H. rotundata</i>	CCCM 680	1752	-	AF274267	Saldarriaga <i>et al.</i> (2001)
<i>H. triquetra</i>	MUCC285	1801	-	AF022198	Saunders <i>et al.</i> (1997)
<i>L. elongata</i>	-	1753	-	AF521100	Saldarriaga <i>et al.</i> (2003)
<i>O. cf. ovata</i>	OvPR04	1780	-	AF244939	Pin <i>et al.</i> (2001)
<i>Pe. balticum</i>	-	1797	-	AF231803	Inagaki <i>et al.</i> (2000)
<i>Pe. bipes</i> f. <i>occultatum</i>	NIES364	1796	Japan	AF231805	Inagaki <i>et al.</i> (2000)
<i>Pe. bipes</i> f. <i>occultatum</i>	HY971028T	942	Togyo R. <sup>1</sup>	AY733008	Present study
<i>Pe. bipes</i> f. <i>occultatum</i>	HYJA0311-02	942	Juam R.	AY733009	Present study
<i>Pe. bipes</i> f. <i>occultatum</i>	HYSS0312-04	942	Sang-sa R.	AY733010	Present study
<i>Pe. foliaceum</i>	-	1795	-	AF231804	Inagaki <i>et al.</i> (2000)
<i>Pe. foliaceum</i>	UTEX LB 1688	1754	-	AF274268	Saldarriaga <i>et al.</i> (2001)
<i>Pe. polonicum</i>	NIES 500	1752	Japan	AY443017	Saldarriaga <i>et al.</i> (2004)
<i>Pe. sp.</i>	-	1804	-	AF022202	Saunders <i>et al.</i> (1997)
<i>Pe. umbonatum</i>	UTEX LB 2255	1754	-	AF274271	Saldarriaga <i>et al.</i> (2001)
<i>Pe. volzii</i>	NIES 365	1755	Japan	AF274280	Saldarriaga <i>et al.</i> (2001)
<i>Pe. wierzejskii</i>	NIES 502	1755	Japan	AY443018	Saldarriaga <i>et al.</i> (2004)
<i>Pe. willei</i>	NIES 304	1755	Japan	AF274272	Saldarriaga <i>et al.</i> (2001)
<i>Pr. conicum</i>	-	1751	-	AY443020	Saldarriaga <i>et al.</i> (2004)
<i>Pr. excentricum</i>	-	1748	-	AY443021	Saldarriaga <i>et al.</i> (2004)
<i>Pr. pellucidum</i>	-	1751	-	AY443022	Saldarriaga <i>et al.</i> (2004)
<i>Py. steinii</i>	NIES 321	1740	Japan	AY443024	Saldarriaga <i>et al.</i> (2004)
<i>R. capitata</i>	-	1752	-	AF521101	Saldarriaga <i>et al.</i> (2003)
<i>S. nutricula</i>	-	1802	-	U52357	Gast and Caron (1996)
<i>S. sweeneyae</i>	CCCM 280	1755	-	AF274276	Saldarriaga <i>et al.</i> (2001)
<i>S. trochoidea</i>	LB4	905	-	AY027909	Ruiz Sebastian and O’Ryan*

Abbreviations: *Ca.* (*Cachonina*), *Co.* (*Coolia*), *Gs.* (*Glenodiniopsis*), *Gm.* (*Glenodinium*), *H.* (*Heterocapsa*), *L.* (*Lessardia*), *O.* (*Ostreopsis*), *Pe.* (*Peridinium*), *Pr.* (*Protoperidinium*), *Py.* (*Pyrophacus*), *R.* (*Roscoffia*), *S.* (*Scrippsiella*)

<sup>1</sup>R. represents reservoir in Korea

\*: unpublished data retrieved from GenBank

고, HYSS0312-01와 HYJA0401-01은 Allen’s 배지 (Allen 1968)를 이용하여 배양하였다. 배양은 15°C, 광주기 L:D 12:12h와 광도 약 65  $\mu\text{mol}\cdot\text{cm}^{-2}\cdot\text{s}^{-1}$ 에서 실시하였다. 세포수가 대수성장기에 도달하였을 때 300 mL 플라스크로 계대 배양하였다.

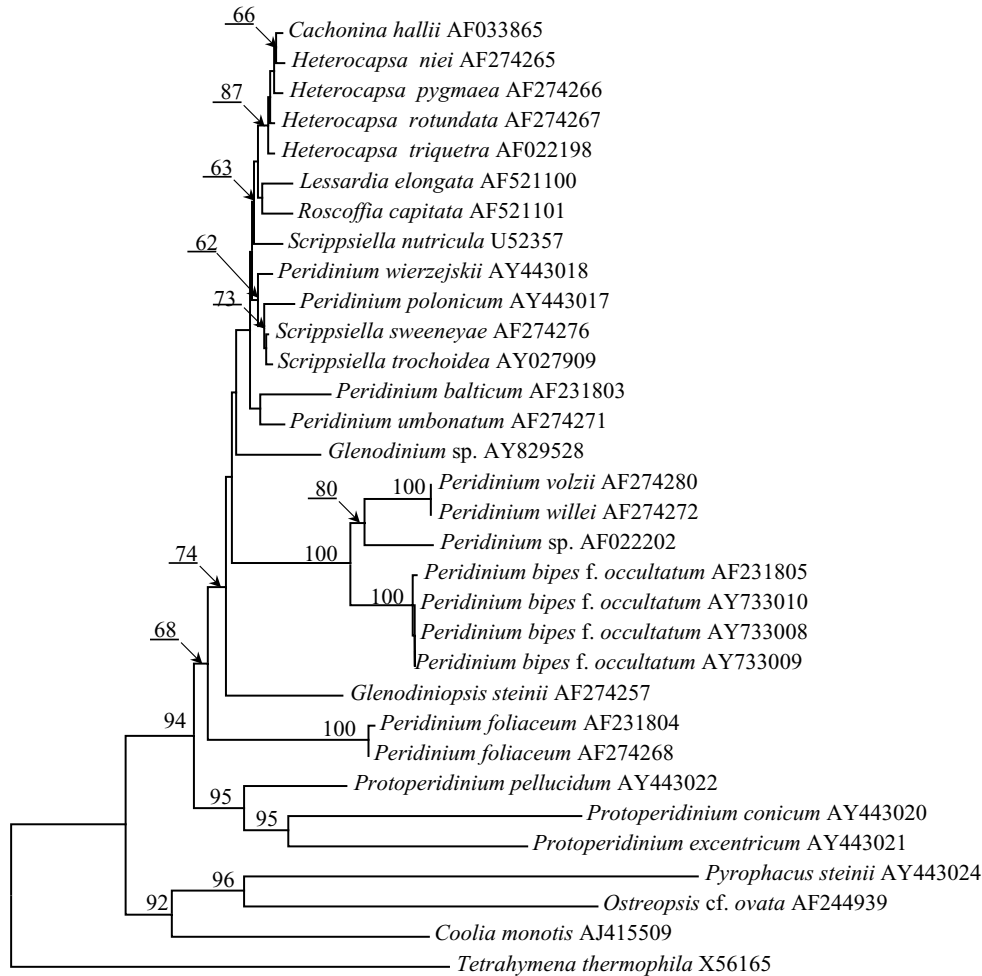
#### genomic DNA 추출

DNA 추출을 위해, 공극 20  $\mu\text{L}$  나일론 체를 이용하여 배양 세포를 농축하였다. 또한, *Peridinium* 세포를 신선한 배양액으로 2-3회 세척하여 박테리아를 제거하였다. 농축된 세포는 200  $\mu\text{L}$  1X TE buffer (10 mM Tris-HCl, pH 8.0, 1 mM EDTA)에 희석하여 -20°C에서 DNA를 추출하기 전까지 보관하였다.

Genomic DNA은 DNeasy Plant mini kit (Qiagen, Valencia, CA)를 이용하여 추출하였다.

#### PCR과 염기서열 결정

Ki *et al.* (2004)가 보고한 범용 primer (AT18F01, 5’-YAC CTG GIT GAT CCT GCC AGT AG-3’; AT18R02, 5’-GTT TCA GCC TTG CGA CCA TAC TCC-3’)를 이용하여 SSU rDNA를 분리하였다. PCR 반응은 Ki *et al.* (2004)의 방법에 따라 각각 20  $\mu\text{L}$ 씩 실시하였다 [1X PCR buffer, ~0.1 mg genomic DNA, 0.2 mM dNTPs, 0.5 mM forward-reverse primers, 0.2 Units Taq polymerase (Promega Corp.)]. PCR 반응은 UNO-II Thermoblock (Biometra)를 이용하여 초기 95°C 5분간 DNA



**Fig. 2.** Phylogenetic tree constructed by the neighbor-joining method using the Kimura 2-distance model and partial SSU rDNA sequences (around 940 bp) revealed in present study (3 strands) and from the database (28 strands). The ciliate *Tetrahymena thermophila* (GenBank accession no. X56165) is included as the outgroup. The complete deletion option was selected for the gabs/missing data. Numbers above branches represent percentages of 1,000 bootstrap replications, and bootstrap values are shown above the internodes, when higher than 50%. Branch lengths represent genetic distance among the taxa.

를 변성시키고, 이후 95°C 20초 → 52°C 30초 → 72°C 60초를 35회 반복하여 대상 유전자 영역을 증폭하였다. 증폭 반응이 종료되면 추가로 72°C 5분간 유지하여 반응을 종결하였다. 증폭된 PCR 산물은 1% 아가로스겔에서 전기영동하여 관찰하였다(Sambrook *et al.* 1989). DNA 염기서열은 PCR 산물을 직접 이용하여 Ki *et al.*(2004)과 같은 방법으로 실시하였다. 이때 사용한 sequencing primer는 SAT18F01(5'-CCA GTA GTC ATA TGC TTG TC-3')과 SAT18R02(5'-AGC CTT GCG ACC ATA CTC C-3')이며, 5'-말단에는 near infrared dye (IRD)가 형광표지 되어있다. DNA 단편분리는 자동유전자분석기(Model LONG READIR 4200, Li-cor, NE)를 이용하여 실시하였다.

**계통분석**

계통분석은 위의 실험을 통해 얻은 염기서열(3개)과

GenBank에 공개된 자료(Peridinales 목, 28개)를 이용하여 실시하였다. 각각의 염기서열을 Clustal W 소프트웨어(자동 설정값)를 이용하여 동일한 값으로 배열하였다. 또한, 변이가 심한 영역은 BioEdit 5.09(North Carolina State University)를 이용하여 육안으로 교정하였다. 계통분석은 배열한 SSU rDNA를 MEGA2.0(Charrel *et al.* 1999)에서 Neighbor-Joining(Saitou and Nei 1987) 방법으로 실시하였다.

**결과와 고찰**

국내 저수지에서 세 개의 *Peridinium* 배양종을 분리하였다. 각각의 배양종으로부터 추출한 genomic DNA와 AT18F01과 AT18R02를 이용하여 SSU rDNA 약 1,200 bp의 단편을 분리하였다. 또한, 각각의 PCR 산물을 염기분석에 이용하여 SSU rDNA 942 bp를 얻었다(Fig. 1). 세 개의 염기서열을

**Table 2.** Genetic distance (below diagonal) estimated by the Kimura 2-parameter model and similarity scores (above diagonal) by GeneDoc software between pairs of the aligned sequence data of the partial SSU rDNA from 13 *Peridinium* species (Similarity score = %; Bold cells represent over than 99% sequence similarity and < 0.003 of genetic distance)

No.		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
Species \ Access. no.		AF231803	AF231805	AY733008	AY733009	AY733010	AF231804	AF274268	AY443017	AF022202	AF274271	AF274280	AY443018	AF274272
1	<i>P. balticum</i>		88	88	88	88	90	90	95	87	95	88	95	88
2	<i>P. bipes f. occultatum</i>	0.1259		<b>99</b>	<b>99</b>	<b>99</b>	84	85	90	93	90	94	91	94
3	<i>P. bipes f. occultatum</i>	0.1248	<b>0.0021</b>		<b>100</b>	<b>100</b>	84	85	90	93	90	94	91	94
4	<i>P. bipes f. occultatum</i>	0.1248	<b>0.0021</b>	<b>0</b>		<b>100</b>	84	85	90	93	90	94	91	94
5	<i>P. bipes f. occultatum</i>	0.1248	<b>0.0021</b>	<b>0</b>	<b>0</b>		84	85	90	93	90	94	91	94
6	<i>P. foliaceum</i>	0.1057	0.1701	0.1689	0.1689	0.1689		<b>99</b>	89	84	90	85	90	85
7	<i>P. foliaceum</i>	0.102	0.166	0.1648	0.1648	0.1648	<b>0.0032</b>		89	84	90	85	90	85
8	<i>P. polonicum</i>	0.0483	0.0974	0.0963	0.0963	0.0963	0.1129	0.1092		90	96	90	97	90
9	<i>P. sp.</i>	0.1315	0.070	0.070	0.070	0.070	0.1764	0.1723	0.099		90	94	90	94
10	<i>P. umbonatum</i>	0.0416	0.1036	0.1025	0.1025	0.1025	0.1056	0.1019	0.0325	0.1065		89	98	89
11	<i>P. volzii</i>	0.130	0.062	0.0609	0.0609	0.0609	0.165	0.1609	0.1036	0.0542	0.1086		90	<b>100</b>
12	<i>P. wierzejskii</i>	0.0461	0.095	0.0939	0.0939	0.0939	0.1032	0.100	0.0204	0.0978	0.0161	0.1012		90
13	<i>P. willei</i>	0.130	0.062	0.0609	0.0609	0.0609	0.165	0.1609	0.1036	0.0542	0.1086	<b>0</b>	0.1012	

GenBank에 AY733008(HY971028T), AY733009(HYJA0311-02), AY733010(HYSS0312-04)의 번호로 등록하였다(Table 1).

본 연구를 통해 국내 세 지역에서 분리한 *Peridinium bipes f. occultatum*의 SSU rDNA 염기서열을 처음으로 규명하였으며, 이들의 유전형 연구에 활용하였다. SSU rDNA 942 bp를 이용하여 염기 유사도와 유전적 거리를 조사하였는데(Table 2), 국내 토교, 주암, 상사저수지에서 분리한 *P. bipes f. occultatum*의 SSU rDNA 유전자형이 모두 동일하였다(100% 염기유사도, 0.000 유전적 거리). 이것은 주암과 상사저수지가 지리적으로 인접해있으며, 두 저수지가 지하터널을 통해 물을 서로 교환하도록 설계되어 있어 이들 지역의 수서생물상이 동일한 것으로 판단되어 진다. 토교저수지는 비무장 지대 안에 위치하고 있으며, 인간의 접근이 통제되고 지리적으로 주암/상사저수지와 매우 멀리 격리되어 있다. 그러나 세 지역에서 분리한 *P. bipes f. occultatum*의 SSU rDNA의 유전형 차이는 관찰되지 않았다. 이것은 *P. bipes f. occultatum*의 SSU rDNA는 동일 종내에서 매우 안정적으로 보존되어있음을 암시한다.

국내 *Peridinium bipes f. occultatum*에서 얻은 염기서열을 GenBank에서 BLAST검색을 실시하였는데, 일본에서 분리된 *P. bipes f. occultatum*(NIES 364, GenBank accession no. AF231805)과 가장 높은 일치도를 보였다. 두 균주간의 염기서열 분석에서 SSU rDNA는 99.8%의 유사도와 0.002 이하의 유전적 거리를 보였다(Table 2). 따라서 한국과 일본에서 각각 분리한 *P. bipes f. occultatum*의 유전형이 동일한 것으로 판명되었다. 또한, 지리적 차이에도 불구하고 *P. bipes f. occultatum*의 SSU rDNA는 안정적으로 보존되어 있으므로, 이들 유전자는 *Peridinium*을 분류하기 위한 유용한 표지 영역

으로 판단된다.

SSU rDNA 염기서열을 이용하여 *Peridinales* 목을 구성하는 종의 계통분석을 실시하였다. Daugbjerg et al.(2000)의 보고와 같이 *Peridinium*은 단일계통(monophyletic lineage)을 형성하지 않았다(Fig. 2). 그러나 *Peridinium*속을 구성하는 각각의 종(e.g. *P. balticum*, *P. bipes f. occultatum*, *P. foliaceum*, *P. umbonatum*, *P. willei*)은 각각 뚜렷하게 분리되었다. 특히, 국내의 *P. bipes f. occultatum*은 일본에서 분리된 균주와 동일 군집을 형성하였으며(100% bootstraps support), *P. willei*, *P. volzii*와 계통학적으로 유사한 위치를 형성하였다(100% bootstrap value). 실제로 *P. bipes f. occultatum*은 형태적으로 *P. willei*나 *P. volzii*와 매우 유사하다. 그러나 이들 사이의 유전적 거리(0.062 이상)와 염기 유사도(< 94%)에서 뚜렷한 차이를 보였다(Table 2).

본 연구에서 유전형을 통해 국내 세 지역에서 담수적조를 유발하는 *Peridinium*이 동일종이라는 것을 입증하였으며, 이와 같은 결과는 Ki et al. (2005)의 형태분류와 정확하게 일치하였다. 따라서 SSU rDNA 염기서열은 *P. bipes f. occultatum*과 같은 미세조류의 분류에 매우 효과적이었다. 지금까지 국내의 호소에 출현하는 *Peridinium*은 수 종이 있는 것으로 보고되었으나(기 1998), *Peridinium*과 관련된 염기서열은 극히 제한적으로 시도되어 왔다. 그러므로 향후 폭넓은 유전형 연구를 위하여 다양한 종의 염기서열 규명이 필요하다.

## 사 사

본 연구를 위해 주암/상사저수지 시료를 채집하여준 박명환, 최지영님께 감사드립니다. 본 연구는 과학기술부 자연재

해방제과제(M1-0324-07-0002-03-B31-07-002-0)에 의해 수행되었다.

## 참고문헌

- 기장서. 1998. 철원 북방 DMZ 내의 중영양호 토교저수지의 생태학적 연구: *Peridinium* 속을 중심으로 한 식물플랑크톤 군집구조의 계절적 천이. 한양대학교 석사학위논문. p. 40.
- 이경, 박지영, 한명수. 1996. 철원 북방 DMZ 내의 중영양호 토교저수지의 생태학적 연구 II. 식물플랑크톤 군집구조의 계절변화. 한국육수학회지 **29**: 241-246.
- 이옥민. 1994. 주암호의 연간('92) 식물플랑크톤의 분포 및 현존량의 동태. 한국육수학회지 **27**: 327-337.
- 이은주, 조규송. 1994. 소양호 식물플랑크톤의 연간변화. 한국육수학회지 **27**: 9-22.
- 한명수, 이경, 유광일. 1995. 철원 북방 DMZ 내의 중영양호 토교저수지의 생태학적 연구 I. 넷트로 제작한 mesocosm에 대한 현장 시험. 한국육수학회지 **28**: 487-495.
- Adachi M., Sako Y. and Ishida Y. 1996. Analysis of *Alexandrium* (Dinophyceae) species using sequences of the 5.8S ribosomal DNA and internal transcribed spacer regions. *J. Phycol.* **32**: 424-432.
- Allen M.M. 1968. Simple conditions for growth of unicellular blue-green algae on plates. *J. Phycol.* **4**: 1-4.
- Charrel R.N., de Micco P. and de Lamballerie X. 1999. Convenient method to improve the graphical quality of phylogenetic trees computed by the MEGA program. *Biotechniques* **27**: 702-704.
- Daugbjerg N., Hansen G., Larsen J. and Moestrup Ø. 2000. Phylogeny of some of the major genera of dinoflagellate based on ultrastructure and partial LSU rDNA sequence data, including the erection of three new genera of unarmoured dinoflagellates. *Phycologia* **39**: 302-317.
- Elster H.-J. and Ohle W. 1968. *Die Binnengewässer: Einzeldarstellungen aus der Limnologie und ihren Nachbargebieten. E* (in German). E. Schweizerbart's Verlagsbuchhandlung, Stuttgart. pp. 179-252.
- Gast R.J. and Caron D.A. 1996. Molecular phylogeny of symbiotic dinoflagellates from planktonic foraminifera and radiolaria. *Mol. Biol. Evol.* **13**: 1192-1197.
- Ginzburg B., Chalifa I., Zohary T., Hadas O., Dor I. and Lev O. 1998. Identification of oligosulfide odorous compounds and their source in the lake of Galilee. *Wat. Res.* **32**: 1789-1800.
- Inagaki Y., Dacks J.B., Doolittle W.F., Watanabe K.I. and Ohama T. 2000. Evolutionary relationship between dinoflagellates bearing obligate diatom endosymbionts: insight into tertiary endosymbiosis. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* **50**: 2075-2081.
- Kawabata Z. and Hirano Y. 1995. Growth pattern and cellular nitrogen and phosphorus contents of the dinoflagellate *Peridinium penardii* (Lemm.) causing a freshwater red tide in a reservoir. *Hydrobiol.* **312**: 115-120.
- Ki J.-S., Jang G.Y. and Han M.-S. 2004. Integrated method for single-cell DNA extraction, PCR amplification, and sequencing of ribosomal DNA from harmful dinoflagellates *Cochlodinium polykrikoides* and *Alexandrium catenella*. *Mar. Biotechnol.* (in press)
- Ki J.-S., Cho S.Y. and Han M.-S. 2005. Morphological characteristics of *Peridinium bipes* f. *occultatum* (Dinophyceae) isolated from three geographically segregated aquatic systems of Korea. *Korean J. Limnol.* (in press)
- Pin L.C., Teen L.P., Ahmad A. and Usup G. 2001. Genetic diversity of *Ostreopsis ovata* (Dinophyceae) from Malaysia. *Mar. Biotechnol.* **3**: 246-255.
- Pollinger U. and Serruya C. 1976. Placed division of *Peridinium cinctum* f. *westii* (Dinophyceae) and development of the lake Kinneret (Israel) bloom. *J. Phycol.* **12**: 162-170.
- Saitou N. and Nei M. 1987. The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. *Mol. Biol. Evol.* **4**: 406-425.
- Saldarriaga J.F., Leander B.S., Taylor F.J.R. and Keeling P.J. 2003. *Lessardia elongata* gen. et sp. nov. (Dinoflagellata, Peridinales, Podolampaceae) and the taxonomic position of the genus *Roscoffia*. *J. Phycol.* **39**: 368-378.
- Saldarriaga J.F., Taylor F.J.R., Cavalier-Smith T., Menden-Deuer S. and Keeling P.J. 2004. Molecular data and the evolutionary history of dinoflagellates. *Eur. J. Protistol.* **40**: 85-111.
- Saldarriaga J.F., Taylor F.J.R., Keeling P.J. and Cavalier-Smith T. 2001. Dinoflagellate nuclear SSU rRNA phylogeny suggests multiple plastid losses and replacements. *J. Mol. Evol.* **53**: 204-213.
- Sambrook J., Fritsch E.F. and Maniatis T. 1989. *Molecular Cloning: A laboratory manual*. Cold Spring Harbor, New York, Cold Spring Harbor Press.
- Saunders G.W., Hill D.R., Sexton J.P. and Andersen R.A. 1997. Small-subunit ribosomal RNA sequences from selected dinoflagellates: testing classical evolutionary hypotheses with molecular systematic methods. In: Bhattacharya D. (ed.), *Origins of Algae and Their Plastids*, Springer-Verlag Wien, New York, pp. 237-259.
- Wynne D., Patni N.J., Aarosan S. and Berman T. 1982. The relationship between nutrient status and chemical composition of *Peridinium cinctum* during the bloom in lake Kinnert. *J. Plank. Res.* **4**: 125-140.

Received 27 January 2005

Accepted 25 February 2005