

쥐노래미과 어류 2종의 미토콘드리아 Cytochrome b 유전자의 분자계통

정상운 · 이영미 · 허준욱¹ · 임수연² · 이재성 · 박인석^{2,*}

한양대학교 대학원 분자생명환경과학과, ¹캘거리대학교 생물과학과,
²한국해양대학교 해양과학기술대학 해양환경 · 생명과학과

Molecular Phylogeny of Two Species of Hexagrammidae (Greenlings) Inferred from Mitochondrial Cytochrome b Gene

Sang-Oun Jung, Young-Mi Lee, Jun Wook Hur¹, Soo-Yeon Im²,
Jae-Seong Lee and In-Seok Park^{2,*}

Department of Molecular and Environmental Bioscience, Graduate School,
Hanyang University, Seoul 133-791, Korea

¹Department of Biological Sciences, University of Calgary, 2500 University Drive NW,
Calgary, AB, Canada T2N 1N4

²Division of Marine Environment & Bioscience, College of Ocean Science and Technology,
Korea Maritime University, Busan 606-791, Korea

Abstract - We report mitochondrial cytochrome b (cyt b) genes from greenling *Hexagrammos otakii* (Jordan et Starks) and spotty belly greenling, *H. agrammus* (Temminck et Schlegel) within Hexagrammidae, two species of aquaculture importance. Of 489 bp of the cytochrome b gene, a little variation occurred between species (96% similarity). The pairwise distance (0.0342) between greenling and spotty belly greenling in term of the Neighbor-joining method indicated that two species was close in molecular phylogenetic consideration. These findings are applicable to aquaculture, fisheries genetics and molecular phylogenetics in the genus *Hexagrammos*.

Key words : Cytochrome b gene, greenling, Hexagrammidae, mtDNA, phylogeny, spotty belly greenling

서 론

우리나라에서의 쥐노래미과 (Hexagrammidae) 어류는 노래미 (*Hexagrammos agrammus* Temminck et Schlegel), 줄노래미 (*H. octogrammus* Pallas), 쥐노래미 (*H. otakii*

Jordan et Starks) 및 임연수어 (*Pleurogrammus azonus* Jordan et Metz)가 있는 것으로 알려져 있다(정 1977; 최 등 2002). 이들 해산어류 중 노래미와 쥐노래미는 유사종으로 바위와 해조류가 많은 연안에 서식하며 작은 갑각류와 어류 등을 먹으며 산란기는 11월에서 12월로 해조에 비분리부착란을 산란한다. 이들의 분포는 우리나라 전해역과 일본으로서 이러한 공통적인 생태 및 분포와 더불어 외형에서 2종 모두 꼬리지느러미 외연은 원형이

* Corresponding author: In-Seok Park, Tel. 051-410-4321, Fax. 051-405-4322, E-mail. ispark@hhu.ac.kr

거나 절형이며 눈의 상후면에 피질돌기가 있다. 그러나 체측의 측선에서 노래미인 경우는 1쌍이 존재하며 쥐노래미인 경우는 5쌍이 존재하고, 쥐노래미의 꼬리지느러미는 노래미의 꼬리지느러미에 비해 외연은 절형이거나 약간 오목하다(윤 2002).

분류 및 계통을 추적하기 위한 연구의 여러가지 접근 방법 중 세포질 유전물질인 미토콘드리아 DNA와 핵 DNA를 이용한 진화 경향 및 계통분석이 최근 널리 이용되고 있다(김 등 2003, 2004). 미토콘드리아 DNA의 유전양상은 모계유전으로서 동상조직(homoplasy) 현상을 보이는 약 16 kb에서 18 kb의 genome으로, 미토콘드리아 DNA를 구성하는 대부분의 유전자의 위치나 순서가 진화상으로 잘 보존되어 있지만, 환경 변화에 민감하게 반응하여 nuclear DNA보다 빠른 속도로 변화하기 때문에 생물군간의 염기 첨가, 결실, 치환 등의 유전적 변이로 인한 중간 또는 종내 집단간 유연관계를 연구하기에 좋은 방법으로 이용되고 있다(Lee *et al.* 2001; Boudry *et al.* 2003; 김 등 2003, 2004; Kim and Lee 2004; Kim *et al.* 2004a, b).

국내에서 육수 및 해산어류 미토콘드리아 DNA 염기서열 분석을 통한 계통 분류 및 동정에 관한 보고는 연어과 어류(Lee *et al.* 1999; Park *et al.* 2000), 조피볼락(*Sebastes schlegeli*) (Kim and Lee 2004), 풀망둑(*Acanthogobius hasta*) (Kim *et al.* 2004b) 및 검정꼭지구(*Gymnogobius petschiliensis*) (Kim *et al.* 2004a), 홍어(*Raja porosa*) (Kim *et al.* 2005) 및 동사리(*Odontobutis platycephala*) (unpublished data)의 전체 미토콘드리아 염기서열 분석, 잉어(*Cyprinus carpio*)의 유전학적 동정(Nam *et al.* 1997) 등의 소수 종에 한정되어 있다.

본 연구는 개방수계인 연안의 유사한 서식지와 동일한 생태 및 외형에서의 거의 유사함을 보이는 쥐노래미과 어류인 노래미와 쥐노래미를 대상으로 종간 계통유연관계를 파악하기 위하여 미토콘드리아 DNA 내에 존재하는 cytochrome b (cyt b) 유전자 염기서열을 비교·분석하였다.

재료 및 방법

1. 실험대상 어류 및 시료준비

평균 체장과 평균 체중이 각각 22.3 ± 1.5 cm, 157 ± 39.2 g ($n=5$)인 쥐노래미 *Hexagrammos otakii*와 평균 체장과 평균 체중이 각각 19.7 ± 1.3 cm, 143.0 ± 28.6 g ($n=5$)인 노래미 *H. agrammus*를 2004년 12월에 부산광역시 영도구 동삼 1동 소재의 하리 포구 수족관에서 구입하

였다. 구입한 각 어종을 한국해양대학교 수산유전육종학 연구실 입해양식장으로 이동한 후 순화시켰다.

쥐노래미와 노래미의 동정을 정(1977)과 최 등(2002)의 기준에 의거 실시하였다. 박 등(2003)의 방법에 따라 18°C의 800 ppm 염산리도카인/1,000 ppm NaHCO₃로 쥐노래미를 마취 후 간조직을 적출하였다. 노래미 역시 쥐노래미 마취에서와 같은 동일한 방법을 적용하여 간조직을 적출하였다. 각 종으로 부터 적출된 간조직에 냉장 원액 에탄올 첨가 후 간조직을 직경 2~3 mm의 조각들로 세절하였다. 이후 800 rpm으로 10분간 원심분리하여 상등액을 제거 후 새로운 냉장 원액 에탄올을 충분히 주입 후 냉동 상태로 고정·보관하였다.

2. Genomic DNA의 추출

미토콘드리아 cytochrome (cyt) b 유전자를 polymerase chain reaction (PCR) (Bio-Rad iCycler, USA)으로 증폭하기 위해 먼저 Lee 등(1995)의 방법으로 genomic DNA를 추출하였다. 쥐노래미와 노래미의 고정된 간조직을 genomic DNA 완충액과 함께 homogenize하였다. Genomic DNA는 phenol/chloroform 및 chloroform 순으로 추출하여 원심분리 후 상등액을 취한 뒤, 0.5배 isopropanol을 첨가하여 genomic DNA만을 침전, 분리하였다. 70%의 에탄올로 세척 후 1×TE buffer (10 mM Tris·HCl, pH 8.0, 1 mM EDTA, pH 8.0)로 genomic DNA를 녹인 후 사용시까지 4°C에 보관하였다.

3. Cytochrome b 유전자의 증폭, ligation 및 transformation

쥐노래미와 노래미의 간조직 미토콘드리아 cyt b 유전자 영역을 증폭하기 위해 1 µL의 template DNA, universal primers (cyt b-L, 5'-CGA AGC TTG ATA TGA AAA ACC ATC GTT-3', cyt b-H, 5'-AAA CTG CAG CCC CTG CTC AGA ATG ATA TTT GTC C-3') 각각 1.0 µL, 1.0 µL 10× Taq polymerase (Gene Craft, Germany), 5 µL 10× PCR buffer, 1.0 µL dNTP (4 mM)와 멸균된 증류수 (40 µL)를 혼합한 후 총 50 µL의 반응액을 조성하여 PCR 반응을 각각 40회 반복(94°C로 4분, 1회→95°C로 1분, 55°C로 1분, 72°C로 1분, 각 40회→72°C로 10분, 1회)하였다.

증폭된 PCR 단편은 1.0% agarose gel (Q-BIOgene, USA)로 전기영동하여 증폭 band를 확인한 후, 증폭된 band를 적출하여 gel purification kit (Qiagen)를 사용하여 정제한 뒤, pcr 2.1 TA cloning vector에 ligation시키고, *E. coli* XL-1 blue에 보편적인 방법에 따라 transformation

시켰다.

4. 염기서열 분석 및 분자 계통도

cyt b 유전자가 제대로 pcr 2.1 vector에 들어갔는지를 확인한 후, 확인된 plasmid DNA는 ABI automated DNA sequencer로 T7과 M13 reverse primer를 이용하여 sequencing 하였다. 본 실험에서 얻어진 노래미와 쥐노래미의 염기서열과 쥐노래미속에 속한 다른 종들과의 분자계통학적인 유연관계 분석을 위하여 GenBank로부터 *H. lagocephalus*, *H. superciliosus*, *H. decagrammus*, *H. otakii*, *H. agrammus*의 cyt b DNA sequence를 인용하였다. 또한 outgroup으로 조피볼락 (*Sebastes schlegeli*)의 cyt b DNA sequence를 사용하였다.

우선 위의 7종의 어류의 cyt b DNA sequence를 Clustal X program (Ver. 1.8)(Thompson *et al.* 1997)으로 다중정렬 (multiple alignment)하여 alignment data matrix를 만들고, 이를 PAUP program을 사용하여 각 종들간의 진화

적거리 (evolutionary distance)를 분석하였다. Nucleotide substitution의 분석은 Kimura 2-parameter distance model (Kimura 1980)을 사용하여 수행하였다. 분석 결과를 이용한 phylogenetic tree는 Neighbor-Joining (NJ) method (Saitou and Nei 1987)와 Maximum parsimony (MP)를 사용하여 100회의 bootstrap method를 적용하여 구성하였다.

결과 및 고찰

국내에서 구입한 쥐노래미과 어류 2종, 쥐노래미 *Hexagrammos otakii*와 노래미 *H. agrammus*을 대상으로 하여 간조직으로부터 genomic DNA를 추출하여 cyt b 유전자를 PCR 방법에 의해 증폭하였다. 증폭된 DNA의 크기는 약 489 bp로서 cyt b 유전자의 N-terminal ATG의 5' upstream 쪽의 tRNA-Glu를 coding하고 있는 50 bp를 포함하는 것으로 sequencing 결과 확인되었다. 현재 Gen-

<i>H. agrammus</i> (this study)	ATGGCAAGCCTACGAAAAACCCACCCGTTACTAAAAATGCAAATAGCGCAGTAGTCGAC
<i>H. agrammus</i>	ATGGCAAGCCTACGAAAAACCCACCCGTTACTAAAAATGCAAATAGCGCAATAGTCGAC
<i>H. otakii</i> (this study)	ATGGCAAGCCTACGAAAAACCCACCCGTTACTAAAAATGCAAATAGCGCAGTAGTCGAC
<i>H. otakii</i>	ATGGCAAGCCTACGAAAAACCCACCCGTTACTAAAAATGCAAATAGCGCAGTAGTCGAC

<i>H. agrammus</i> (this study)	CTCCCCGCCCCCTCTAATATTTTCAGTATGATGAAACTTTGGTTCCTACTCGGCCCTCTGC
<i>H. agrammus</i>	CTCCCCGCCCCCTCTAATATTTTCAGTATGATGAAACTTTGGTTCCTACTCGGCCCTCTGC
<i>H. otakii</i> (this study)	CTCCCCGCCCCCTCTAATATTTTCAGTATGATGAAACTTTGGTTCCTACTCGGCCCTCTGC
<i>H. otakii</i>	CTCCCCGCCCCCTCTAATATTTTCAGTATGATGAAACTTTGGTTCCTACTCGGCCCTCTGC

<i>H. agrammus</i> (this study)	TTAATCATCCAAATCCTCACAGGACTATTCCCTAGCCATACACTACCTCCGACATCGCA
<i>H. agrammus</i>	TTAATCATCCAAATCCTCACAGGACTATTCCCTAGCCATACACTACCTCCGACATCGCA
<i>H. otakii</i> (this study)	TTAATCATCCAAATCCTCACAGGACTATTCCCTAGCCATACACTACCTCCGACATCGCA
<i>H. otakii</i>	TTAATCATCCAAATCCTCACAGGACTATTCCCTAGCCATACACTACCTCCGACATCGCA

<i>H. agrammus</i> (this study)	ACAGCCTTCTCATCTGTTGGCCACATTTGTCGAGACGTGAAGTACGGCTGACTTATCCGT
<i>H. agrammus</i>	ACAGCCTTCTCATCTGTTGGCCACATTTGTCGAGACGTGAAGTACGGCTGACTTATCCGT
<i>H. otakii</i> (this study)	ACAGCCTTCTCATCTGTTGGCCACATTTGTCGAGACGTGAAGTACGGCTGACTTATCCGT
<i>H. otakii</i>	ACAGCCTTCTCATCTGTTGGCCACATTTGTCGAGACGTGAAGTACGGCTGACTTATCCGT

<i>H. agrammus</i> (this study)	AATCTACACGCTAACGGTGCCTCTTCTTCTTCATCTGCATCTACGCACATATTGGACGA
<i>H. agrammus</i>	AATCTACACGCTAACGGTGCCTCTTCTTCTTCATCTGCATCTACGCACATATTGGACGA
<i>H. otakii</i> (this study)	AATTTACACGCTAACGGTGCCTCTTCTTCTTCATCTGCATCTACGCACATATCGGACGA
<i>H. otakii</i>	AATTTACACGCTAACGGTGCCTCTTCTTCTTCATCTGCATCTACGCACATATCGGACGA
	*** *****
<i>H. agrammus</i> (this study)	GGGTGTACTACGGCTCCTATCTCTACAAAGAAACATGGACTATTGGAGTTGTTCTCCTC
<i>H. agrammus</i>	GGGTGTACTACGGCTCCTATCTCTACAAAGAAACATGGACTATTGGAGTTGTTCTCCTC
<i>H. otakii</i> (this study)	GGACTCTACTACGGCTCCTACCTCTACAAAGAAACATGGACTATTGGAGTTGTTCTCCTC
<i>H. otakii</i>	GGACTCTACTACGGCTCCTACCTCTACAAAGAAACATGGACTATTGGAGTTGTTCTCCTC
	** * *****
<i>H. agrammus</i> (this study)	CTCCTGGTAATAATAACAGCCTTCGTCGGATATGTTTTGCCCTGAGGCCAAATGTCATTC
<i>H. agrammus</i>	CTCCTGGTAATAATAACAGCCTTCGTCGGATATGTTTTACCCCTGAGGACAAATATCATTC
<i>H. otakii</i> (this study)	CTCCTAGTAATAATGACAGCCTTCGTCGGATATGTTTTACCCCTGAGGCCAAATGTCATTC
<i>H. otakii</i>	CTCCTAGTAATAATGACAGCCTTCGTCGGATATGTTTTACCCCTGAGGACAAATATCATTC
	***** *****

Fig. 1. Comparison of nucleotide sequences of mitochondrial cytochrome b gene from 2 species in the Hexagrammidae. Identical nucleotides were indicated as an asterisk “*”.

Table 1. Pairwise distance matrix inferred from the nucleotide substitution of partial cytochrome b sequence of the genus *Hexagrammos*. The pairwise distance was calculated from Kimura 2-parameter (Replications=100 and random number seed=213096550)

	1*	2	3	4	5	6	7	8	9
1	-								
2	0.03342	-							
3	0.08758	0.07203	-						
4	0.08103	0.05534	0.06807	-					
5	0.07723	0.05874	0.06457	0.00257	-				
6	0.00257	0.03039	0.08371	0.07723	0.07348	-			
7	0.06886	0.04498	0.09318	0.05838	0.06182	0.06531	-		
8	0.06886	0.06492	0.08931	0.06531	0.06182	0.06531	0.06807	-	
9	0.33413	0.35258	0.32721	0.32211	0.31439	0.33413	0.35046	0.29634	-

* Numbers indicate the following species: 1, *H. agrammus* (in this study); 2, *H. otakii* (in this study); 3, *H. decagrammus*; 4, *H. superciliosus*; 5, *H. lagocephalus*; 6, *H. agrammus*; 7, *H. otakii*; 8, *H. stelleri*; 9, *S. schlegeli*.

Bank에 등록되어져 있는 노래미 관련 어종의 cyt b 유전자의 서열정보는 쥐노래미과에 속한 4개 genus (*Hexagrammos*, *Ophiodon*, *Oxylebius*, *Pleurogrammus*)에 약 11개 어종에 대해서만 부분적으로 밝혀져 있다. 쥐노래미과가 포함된 쏨뱅이목 (*Scorpaeniformes*)에서는 약 19종의 어류의 cyt b 유전자가 완전히 밝혀졌는데 모두 공통적으로 1,141 bp를 coding하고 있다. 따라서 본 실험에서 확인된 국내산 쥐노래미 2종의 sequence는 전체 sequence 중에서 약 38.5%에 해당하는 것으로 추정할 수 있다.

확인된 염기서열 정보와 GenBank에 등록되어져 있는 염기서열 정보를 Clustal X program으로 다중정렬한 결과는 Fig. 1에 나타내었다. Sequence alignment 결과 노래미와 쥐노래미 사이의 염기서열 상동성은 97%를 나타내었고, GenBank에 등록되어 있는 *H. otakii*와 *H. agrammus*사이의 서열 상동성은 96%를 나타내어 다른 종들과 더 높은 유사성을 나타내는 것으로 확인되었다.

쥐노래미과에 속한 7종들과의 유연관계를 분석하기 위한 진화적 거리는 DNA 염기서열의 염기치환 정도를 Kimura 2-parameter distance model을 사용하여 계산하였다. 그 결과로 산출된 pairwise distance matrix는 Table 1에 나타내었다. 노래미와 쥐노래미 사이의 진화적 거리는 0.03342이고, *H. otakii*와 *H. agrammus*는 0.06531으로 본 실험에서 확인된 노래미와 쥐노래미가 GenBank에 등록되어 있는 동일종들보다 더 근연관계에 있음을 확인할 수 있었다. 이는 국내에서 수집된 어종이 GenBank에 등록되어 있는 어종과 차이를 나타낸다는 것을 의미하는데, 노래미와 *H. agrammus*는 pairwise distance가 0.00257로서 거의 동일한 종임을 의미하지만, 쥐노래미와 *H. otakii*는 0.04498로서 서로 차이를 나타내고 있다. 오히려 *H. agrammus*와 0.03039로서 더 가까운 것으로 확인되었다.

분석에 사용된 어류 종들 사이의 유연관계를 나타낸

계통도는 Fig. 2-B, C에 예시하였다. 계통도는 PAUP을 이용하여 Neighbor-Joining method와 Maximum parsimony method에 의해 그려졌으며, 분지의 정확도는 100회의 bootstrap method로서 구하였다. 또한 outgroup으로 쏨뱅이목의 조피볼락 *Sebastes schlegeli*을 사용하여 rooted tree로 만들었다. 그 결과 노래미과에 속하는 7종들은 크게 두개의 그룹으로 나뉘어졌다. 그룹 1은 *H. agrammus*와 *H. otakii*가 포함된 그룹으로 본 실험에 분석된 노래미와 쥐노래미는 그룹 1로 분류되었다. 또 다른 그룹은 *H. decagrammus*, *H. superciliosus*, *H. lagocephalus*가 포함된 그룹이다. 계통도에서도 확인할 수 있듯이 우리나라에서 수집된 노래미와 쥐노래미는 GenBank에 등록된 동일종들과 같은 그룹으로 분류되어 나왔으며, 특히 우리나라에서 수집된 쥐노래미의 경우 노래미와 더 진화적 거리가 가까운 것으로 확인되었다.

쥐노래미과의 분자계통학적인 재구성은 2004년도에 Crow 등(2004)에 의해 시도되었다(Fig. 2-A). 이때 발표된 계통도와 본 논문에서 구성한 계통도의 topology는 서로 일치하지 않는 부분이 있다. 이러한 차이는 Crow 등(2004)은 4개의 핵내 유전자(CaM, S7RP, Ldh, ck)와 2개의 mtDNA (16S, Cyt b)를 조합하여 계통도를 구성한 데서 기인하는 것으로 추정된다. Crow 등(2004)의 계통도는 1994년도에 Shinohara(1994)에 의해 발표된 형태학적 특성에 근거한 계통도와 차이를 나타내었는데, 형태학적인 계통도에서는 *H. stelleri*가 가장 바깥쪽에 위치하여 진화적 거리가 가장 먼 종으로 분류되었지만, Crow 등(2004)의 계통도에서는 쥐노래미과 glade에서 중간에 위치하는 것으로 구성되어 형태학적 특성이 반영되지 못하였다. 그러나 본 논문에서 cyt b 유전자로 구성한 계통도에서는 *H. stelleri*가 Shinohara(1994)의 계통도와 마찬가지로 바깥쪽에 위치하여 일치되는 결과를 보여주었다. 이와같은 결과는 cyt b 유전자의 서열 분석만으로 근연종의 어류 사이의 유연관계를 충분히 파악

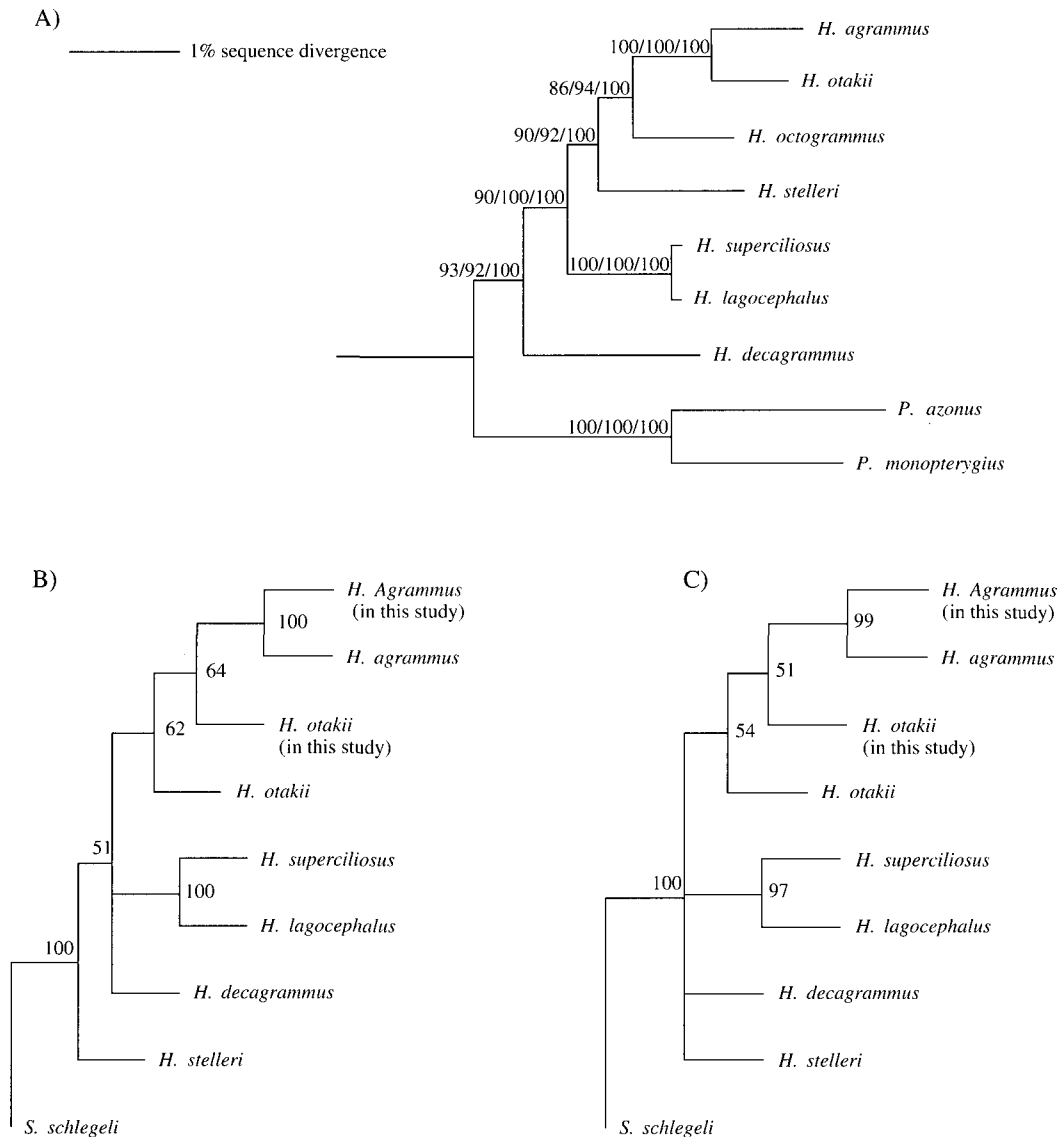


Fig. 2. Phylogenetic tree of the genus *Hexagrammos*. A : Phylogenetic tree of the family Hexagrammidae. This tree was constructed by the combined data from two mtDNA (16S and Cyt b) and four nuclear loci (CaM, S7RP, Ldh and ck). It was cited from Crow *et al.* (2004). B : Phylogenetic tree of the genus *Hexagrammos* inferred from the partial cytochrome b (392 bp) sequence of mitochondrial DNA. The tree was constructed by the NJ method (bootstrap replication number 100) with Kimura 2-parameter after Clustal X analysis. C : Phylogenetic tree of the genus *Hexagrammos* inferred from the partial cytochrome b (392 bp) sequence of mitochondrial DNA. The tree was constructed by the MP method (bootstrap replication number 100). * Numbers indicate the bootstrap value.

할 수 있음을 의미하며, 실제 cyt b 서열은 어류에 있어 근연종의 비교 연구에 있어 가장 풍부하게 이용되는 자료로 알려져 있다(김 등 2003).

취노래미과에 속하는 어류들은 일반적으로 북태평양, 우리나라의 서해로부터 California 지역, 멕시코 지역에서 발견되어진다. 이중 *H. agrammus*와 *H. otakii*는 서태평양 지역에서, 그리고 *H. octogrammus*, *H. stelleri*는 북태평양 지역에 좀더 광범위하게 분포하고 있으며, *H. lagocephalus*는 북태평양 서쪽, *H. superciliosus*와 *H. decagram-*

*mus*는 북태평양 동쪽에 주로 분포하는 것으로 알려져 있다(Crow *et al.* 2004). 이와 같이 취노래미과에 속하는 어종들은 태평양 전역에 분포하고 있으며 지역에 따라서 다른 종들이 분포한다. 따라서 계통지리학적 연구에 있어 좋은 모델이 될 수 있다. 본 논문에서 분석된 우리나라에서 수집된 취노래미(*H. otakii*)는 GenBank에 등록된 일본에서 수집된 취노래미(*H. otakii*)와 비교시 진화적 거리에 있어 차이를 나타내어 노래미(*H. agrammus*)와 더 가까운 것으로 나타나, 지역적 특성이 반영된 것

으로 추정되어진다. 그러나 Crow 등 (2004)의 계통도, Shinohara (1994)에 의한 계통도들과 차이를 나타내고 있으며, 본 연구에서는 cyt b 유전자의 완전한 전체 염기서열을 이용하여 분석한 것이 아님을 고려하여 차후, 이에 대한 연속적인 연구가 필요할 것으로 사료된다.

본 연구 결과는 노래미와 쥐노래미의 분자 수준에서 접근한 연구로, 앞으로 두 종을 구분하는데 기본적인 정보를 제공하게 될 것으로 사료된다. 본 연구에서와 마찬가지로, 현재까지 노래미와 쥐노래미를 대상으로 비교한 세포유전학적 연구에서 노래미는 쥐노래미에 비하여 적혈구 세포와 핵의 크기가 컸으며 DNA 함량 또한 크게 나타났으나, 염색체 수나 핵형에서는 노래미와 쥐노래미가 동일하게 나타난 바 있다(심 등 2002). 심 등(2002)의 결과와 본 연구 결과를 종합적으로 평가시, 노래미는 쥐노래미에 비해 염색체 수나 핵형에서의 변화는 없이 DNA 함량이 증가함과 동시에 cyt b 유전자 변화를 야기시키는 방향으로 진화되었음을 알 수 있다. 이와 더불어 쥐노래미에 대하여 성장호르몬 cDNA 유전자의 염기서열 변이 및 발현 특성이 남과 김 (2002)에 의하여 구명된 바 있다.

본 논문에서는 미토콘드리아 cyt b 유전자의 부분 염기서열을 이용한 분자계통학적 분석을 통하여 한국산 쥐노래미과에 속하는 소수 종들의 계통간 유연관계를 조사해 보았다. 분자 수준에서 쥐노래미과 어류들에 대한 진화관계를 재조명하고 한국산 쥐노래미과에 속하는 상위 그룹간의 좀 더 정확한 분자계통학적 위치를 규명하기 위해서는 차후, 목 또는 과내로 실험 종의 수를 증가시켜 다양한 정보를 획득함이 필요하다. 이와 동시에 cyt b 유전자의 전체 염기서열의 분석, 그리고 다른 연구들에서처럼 진화의 속도가 빠른 다른 영역이나 미토콘드리아 전체 염기서열과 같이 긴 염기서열을 분석하여 (Miya et al. 2003; 김 등 2003, 2004) 이에 대한 고찰이 있어야 할 것으로 사료된다.

적 요

본 연구는 쥐노래미과(Hexagrammidae)에 속하고 양식산업에서 중요한 위치를 차지하고 있는 노래미, *Hexagrammos otakii* (Jordan et Starks)와 쥐노래미, *H. agrammus* (Temminck et Schlegel)의 미토콘드리아 cytochrome b (cyt b) 유전자의 염기서열을 서로 비교·분석하였다. 총 489 bp 크기의 cyt b 염기서열에서 종간의 변이는 거의 없었다(96%의 유사성). Neighbor-joining 방법에 의한 노래미와 쥐노래미에서의 0.0342인 pairwise distance는

두 종이 분자계통유전학적으로 유사함을 시사한다. 이러한 연구 결과들은 쥐노래미(*Hexagrammos*)속을 대상으로 한 양식, 수산유전학 및 분자계통학 분야에 적용 가능할 것이다.

사 사

본 연구는 환경부 차세대핵심환경사업의 지원(2004년, 052-041-026)에 의해 수행되었습니다.

참 고 문 헌

- 김영자, 김일찬, 이세영, 이완욱, 조용철, 이재성. 2003. 한국산 어류 미토콘드리아 DNA의 분자계통학적 이용 및 보존. 한국수산학회지. 36:221-234.
- 김영자, 이완욱, 김종만, 이재성. 2004. 한국산 농어목 망둥어 아목 어류의 미토콘드리아 cytochrome b 유전자 염기서열 분석에 의한 분자계통. 한국어류학회지. 16:51-59.
- 남윤권, 김동수. 2002. 쥐노래미(*Hexagrammos otakii*) 성장호르몬 cDNA 유전자의 염기서열 변이 및 발현 특성. 한국수산학회지. 35:676-681.
- 박인석, 조진희, 이수진, 김유아, 박기의, 허준욱, 유종수, 송영채. 2003. 쥐노래미(*Hexagrammos otakii*)에 대한 염산리도카인-중탄산나트륨과 MS-222의 마취효과. 한국수산학회지. 36:449-453.
- 심미아, 노재구, 남윤권, 김동수. 2002. 노래미(*Hexagrammos agrammus*)와 쥐노래미(*H. otakii*)의 세포유전학적 연구. 한국수산학회지. 35:682-685.
- 윤창호. 2002. 한국어류검색도감. 아카데미서적. 서울. 747 pp.
- 정문기. 1977. 한국어도보. 일지사. 서울. pp. 477-479.
- 최 윤, 김지현, 박종영. 2002. 한국의 바닷물고기. 교학사. 서울. pp. 197-200.
- Boudry P, S Heutebise and S Lapégué. 2003. Mitochondrial and nuclear DNA sequence variation of presumed *Crassostrea gigas* and *Crassostrea angulata* specimens: a new oyster species in Hong Kong. Aquaculture 228:15-25.
- Crow KD, Z Kanamoto and G Bernardi. 2004. Molecular phylogeny of the hexagrammid fished using a multi-locus approach. Mol. Phylogenet. Evol. 32:986-997.
- Kim I-C and J-S Lee. 2004. The complete mitochondrial genome of the rockfish *Sebastes schlegeli* (Scorpaniformes, Scorpaenidae). Mol. Cells. 17:322-328.
- Kim YJ, H-S Kweon, I-C Kim, Y-M Lee, JM Kim and J-S Lee. 2004a. The complete mitochondrial genome of the floating goby, *Gymnogobius petschiliensis* (Perciformes, Gobiidae). Mol. Cells. 17:446-453.
- Kim I-C, H-S Kweon, YJ Kim, C-B Kim, MC Gye, W-O Lee,

- Y-S Lee and J-S Lee. 2004b. The complete mitochondrial genome of the javeline goby *Acanthogobius hasta* (Perciformes, Gobiidae) and phylogenetic considerations. *Gene* 336:147-153.
- Kim I-C, S-O Jung, Y-M Lee, J-K Park and J-S Lee. 2005. The complete mitochondrial genome of the rayfish *Raja porosa* (Chondrichthyes, Rajidae). *Mol. Cells*. 19: revised.
- Kimura M. 1980. A simple method for estimating evolutionary rate of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences. *J. Mol. Evol.* 16:111-120.
- Lee HJ, JY Park, WJ Kim, KS Min, Y Kim, MA Yoo and WH Lee. 1999. Genetic study of the subfamily Salmoninae based upon mitochondrial DNA control region sequences. *Korean J. Ichthyol.* 11:163-171.
- Lee J-S, J Choe and E-H Park. 1995. Genomic structure of *c-Ki-ras* proto-oncogene of the hermaphroditic fish *Rivulus marmoratus* (Teleostei: Rivulidae). *Biochem. Mol. Biol. Int.* 35:57-63.
- Lee J-S, M Miya, Y-S Lee, CG Kim, E-H Park, Y Aoki and M Nishida. 2001. The complete DNA sequence of the mitochondrial genome of the self-fertilizing fish *Rivulus marmoratus* (Cyprinodontiformes, Rivulidae) and the first description of duplication of a control region in fish. *Gene* 280:1-7.
- Miya M, H Takeshima, H Endo, NB Ishiguro, JG Inoue, T Mukai, TP Satoh, M Yamaguchi, A Kawaguchi, K Mabuchi, SM Shirai and M Nishida. 2003. Major pattern of higher teleostean phylogenies: a new perspective based on 100 complete mitochondrial DNA sequences. *Mol. Phylogenet. Evol.* 26:121-138.
- Nam YK, SD Chu, CH Jeong, CH Noh, JY Jo and DS Kim. 1997. Genetic stock indentification of common carp (*Cyprinus carpio*) by detection of intraspecific DNA sequence variation in the mitochondrial 12S rRNA gene. *J. Aquacult.* 10:403-407.
- Park JY, HJ Lee, WJ Kim, JH Lee and KS Min. 2000. Mitochondrial cytochrome b sequence variation in Korean salmonids. *J. Fish Biol.* 56:1145-1154.
- Saitou N and M Nei. 1987. The neighbor-joining method: A new method for reconstructing phylogenetic trees. *Mol. Biol. Evol.* 4:406-425.
- Shinohara G. 1994. Comparative morphology and the phylogeny of the suborder Hexagrammoidei and related taxa (Pisces: Scorpaeniformes). *Mem. Fac. Fish. Hokkaido Univ.* 41:1-97.
- Thompson JD, TJ Gibson, F Plewniak, F Jeanmougin and DG Higgins. 1997. The ClustalX windows interface: flexible strategies for multiple sequence alignment aided by quality analysis tools. *Nucleic Acids Res.* 24:4876-4882.

Manuscript Received: September 2, 2005

Revision Accepted: May 2, 2006

Responsible Editorial Member: Inn-Sil Kwak
(Yosu Univ.)