

남조류의 유전적 다양성과 녹조 제어에의 시사점



안 치 용

한국생명공학연구원 세포공장연구센터
책임연구원

남조류 유전자형의 다양성 및 변화

남조류, 그 중에서도 특히 녹조 발생과 밀접하게 연관되어 있는 *Microcystis*, *Anabaena* 등에 대한 연구가 오랫동안 진행되어 왔음에도, 아직 우리는 이들의 효과적인 제어 방법을 갖고 있지 못하다. 질소, 인의 유입에 의한 부영양화 및 여름철 높은 수온이 가장 직접적인 원인이라는 점에는 이견이 없으나, 같은 수역에 왜 해마다 서로 다른 남조류가 녹조를 일으키는지, 발생하는 시점과 정도는 어떤 이유로 계속 바뀌는지, 이에 대한 명확한 해답을 우리는 아직 얻지 못했다. 전통적인 이화학적 수질분석과 현미경을 이용한 남조류의 동정 및 계수 방법으로는 여전히 이에 대한 설명을 해 줄 수 없으며, 앞으로도 어려우리라 판단된다.

남조류를 현장에서 분리하여 실험실에서 다양한 조건으로 배양, 비교함으로써, 어떤 환경요인이 이들의 성장에 영향을 주는지, 남조류 독소인 microcystin의 합성이 어떤 조건에서 증가하는지

에 대해서도 많은 연구가 이루어졌으나, 공통적인 결론에 이르지 못 했다. 심지어는 높은 수온에서 독소 생산이 증가한다, 아니다 낮은 수온에서 증가한다 또는 낮은 인 농도에서 독소 생산이 증가한다, 아니다 높은 인 농도에서 독소 합성이 증가한다 등 연구자에 따라서 서로 상반되는 결론을 주장하는 경우도 많았다(표 1). 이러한 불일치는, 이들이 모두 서로 다른 strain 또는 genotype(유전자형)을 사용하여 실험한 데에서 기인한다. 같은 대장균이라도 유전자형에 따라 장내에서 유익한 역할을 하기도 하고, 심각한 질병을 유발하기도 하는 것처럼, 남조류도 동일한 종 이름을 갖고 있더라도 유전자형이 다르면 이들의 특성은 큰 차이를 나타내기도 한다. 이전에는 분석방법의 한계에 의해 남조류에 대한 이러한 인식이 명확히 없었지만, 이제는 보편적인 상식으로 자리잡은 상태이다.

또한 *Microcystis*의 유전체(genome) 연구결과, 전체 유전자 중 약 20% 가까이가 유전자 재배치(genetic rearrangement)와 전이인자(transposon) 관련된 유전자로 밝혀졌다(Frangeul et al, 2008). 즉 유전적 변이가 다른 어떤 박테리아보다도 자주 일어남으로써, 환경변화에 더 유연하게 적응할 뿐만 아니라 유전자형의 다양성도 높아, 마치 해마다 유행하는 독감 바이러스가 달라지듯, 녹조 발생의 주요 유전자형도 계속 바뀌고 있을 가능성도 배제할 수 없다.

Table 1. Laboratory studies on factors affecting toxicity of *Microcystis* (Rinta-Kanto, 2007)

	Parameter	<i>Microcystis</i> strain(s) studied	Effect on microcystin production in <i>Microcystis</i>	Method used to determine toxicity	Reference
광도	Light intensity (range 7.53, 30.1, 75.3 $\mu\text{E m}^{-2} \text{s}^{-1}$)	<i>M. aeruginosa</i> M288	Highest toxicity at 30.1 $\mu\text{E m}^{-2} \text{s}^{-1}$	Mouse assay (LD_{50})	Watanabe and Oishi, 1985
	Light intensity (range 21-205 $\mu\text{mol photons m}^{-2} \text{s}^{-1}$)	<i>M. aeruginosa</i> UV-006	Highest toxicity at 145 $\mu\text{mol photons m}^{-2} \text{s}^{-1}$	Mouse assay (LD_{50})	Van der Westhuizen and Eloff, 1985
온도	Temperature (+16-36°C)	<i>M. aeruginosa</i> UV-006	Highest toxicity at +20°C	Mouse assay (LD_{50})	Van der Westhuizen and Eloff, 1985
	Temperature (+18, 25, 32°C)	<i>M. aeruginosa</i> M288	Temperature ↓, toxicity ↑ (highest toxicity at +18°C)	Mouse assay (LD_{50})	Watanabe and Oishi, 1985
	Temperature (+15, 25, 34°C)	<i>M. aeruginosa</i> 7813	Highest toxicity at +25°C	Mouse assay (LD_{50})	Codd and Poon, 1988
영양분	P (undiluted MA medium, 10 and 20 fold dilutions)	<i>M. aeruginosa</i> M288	P ↑, toxicity ↑	Mouse assay (LD_{50})	Watanabe and Oishi, 1985
	P (14.4, 143.5 $\mu\text{M K}_2\text{HPO}_4$)	<i>M. aeruginosa</i> CYA228/1	P ↑, toxin content per dry weight ↑, toxin content to protein content ↓	ng microcystin-RR* μg^{-1} dry weight, ng microcystin-RR* ng^{-1} protein	Utkilen and Gjolme, 1995
	Phosphorus limitation	<i>M. aeruginosa</i> UTEX 2388	P ↓, toxicity ↑	μg total microcystin* g^{-1} dry weight	Oh et al., 2000
	P	<i>M. aeruginosa</i> UTEX 2388	N constant, total P ↓, toxicity ↑	μg microcystin* g^{-1} dry weight	Lee et al., 2000

일례로, *Microcystis* 내에서도 독소를 생산하는 유전자형과 생산 능력이 없는 유전자형이 있으며, 대청호에서는 녹조 발생이 심해질수록 비독성 종보다 독성종의 비중이 증가함으로써, 독소 생산 정도가 가속화될 수 있음을 보여준 사례도 있다 (Joung et al. 2011). 일본 카스미가우라 호수(Lake Kasumigaura)에서의 수십 년에 걸친 유전자형 조성의 변화 조사 결과에서는, 특정 유전자형이 점차 사라지면서 이전에 없었던 새로운 유전자형이 이를 대체하기도 하였다(Tanabe and Watanabe, 2011). 또한 같은 호수에서 동일한 연도에도 계절 변화에 따라, 우점하는 *Microcystis*의 유전자형 군집구조도 변화함이 반복적으로 보고되고 있다(Bozart et al. 2010; Kim et al. 2010) (Fig. 1). 이는 결국, 다양한 유전자형의 *Microcystis*가 항상 공존하고 있으며, 특정 환경조건에서 가장 유리한 유전자형이 일시적으로 우점하지만, 환경조건의 변화와 계절 변화에 따라 우점하는 *Microcystis*의 유전자형도 끊임없이 변화함을 나타낸다(Fig. 2).

따라서 유전자형의 다양성과 특성의 차이를 고려하지 않고는, 녹조 제어 및 관리 대책은 충분한 효

과를 보기 어려우리라 예상된다. 수계별로 수리수문학적 특성, 이화학적 수질, 기후, 유역의 토지 활용도 등 환경조건의 차이에 의해, 실제 우점하는 *Microcystis*의 유전자형에 차이가 발생할 것이다. 그러므로 수계 특성별, *Microcystis* 유전자형 특성별, 맞춤형 녹조 제어 대책이 다양하게 마련될 필요가 있다고 하겠다. 이렇게 함으로써 녹조는 보다 효과적으로 경제적으로 관리될 수 있으며, 국민 식수원의 안전성도 높일 수 있다.

미래의 생물학적 녹조 연구의 방향

이처럼 복잡한 상황은, 단일한 녹조제어 방법이 항상 성공적으로 적용될 수 있으리라는 기대를 무너뜨린다. 물론 질소, 인 농도의 저감을 통한 부영양화 방지는 가장 근원적인 해결책이지만, 여기에는 막대한 예산이 소요되며, 약 10년 이상의 많은 시간이 지난 이후에나 실질적인 효과를 볼 수 있다는 점에서 여전히 쉽지 않은 방법이다. 그럼에도 장기적 관점에서의 부영양화 저감 대책을 정부 차원에서 준비하

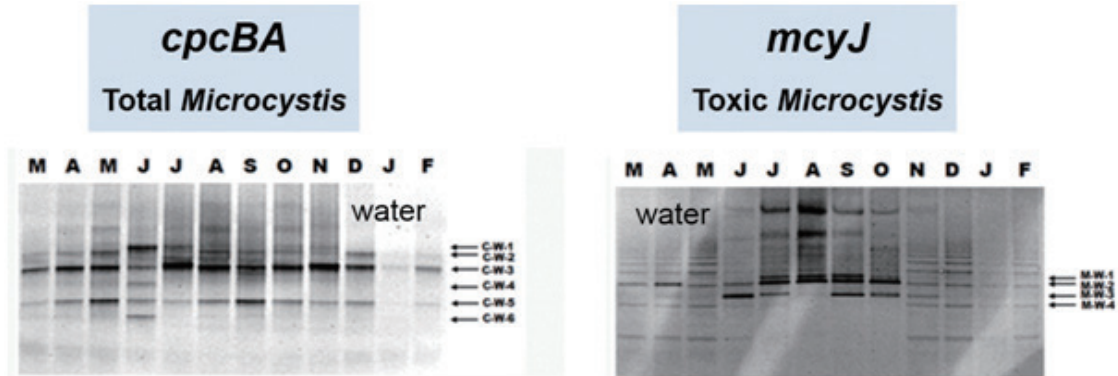


Figure 1. Seasonal change of dominant *Microcystis* genotypes in Daechung Reservoir (Kim et al. 2010).

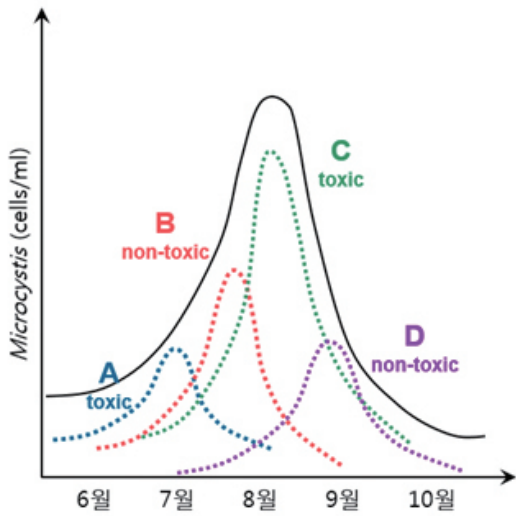


Figure 2. A schematic graph illustrating a real situation of *Microcystis* bloom

고 실행하는 것은 여전히 유효하고 필요하다.

생물학적 측면에서는 아직도 녹조의 발생, 소멸 기작에 대해 모르는 바가 너무 많다. 이는 전통적인 분석기법의 한계 내에서는 새로운 지식을 이끌어 낼 여지가 별로 없었다는 사실에서 기인하기도 한다. 그러나 최근 분자생물학적 분석기법의 급속한 발달은 이전에는 불가능해 보였던 많은 분석을 가능하게 해 주었다. 남조류 연구에 있어서도 이러한 기법의 도입으로, 녹조 발생 및 사멸 기작에 대한 새로운 해

석이 가능할 것이라는 기대가 높아지고 있다.

특히 차세대 염기서열 분석(next generation sequencing, NGS) 기법은, 수중의 모든 미생물의 조성을 알 수 있게 해 주며, metatranscriptome, metaproteome 등의 분석은 모든 미생물 구성원의 유전자 발현 정도를 알 수 있게 해준다. 오믹스(omics)로 통칭되는 이러한 분석 비용은 15년 사이 약 10만 배 감소함으로써, 지금은 많은 미생물 연구팀에서 큰 부담없이 오믹스 분석을 수행할 수 있게 되었다. 녹조 문제가 해결된 것으로 여겼던 미국에서는 2000년대 들어 남조류에 의한 녹조가 이리호(Lake Erie)를 중심으로 다시 발생하면서 환경, 보건 문제를 야기하였다. 다양한 분야의 전문가가 협력하면서, 녹조 부활의 원인, 양상 등을 연구하게 되었는데, 생물학적 연구에서는 오믹스 기법 적용을 통해 *Microcystis*가 우점하는 조건과 *Anabaena*, *Planktothrix*가 우점하는 조건이 다름을 밝히고, 각 남조류의 어떤 유전자 발현의 차이가 이러한 결과를 초래하는지 규명한 사례도 있다(Harke et al. 2016). 16S rRNA 유전자보다 해상도를 높여 oligotype 수준까지 볼 경우, 더 상세하고 정확한 생태적 해석이 가능하다는 주장도 있다(Berry et al. 2017). 이처럼 NGS, 오믹스 기법의 적용을 통해 기존의 방법으로는 전혀 몰랐던 새로운 사실들이 속속 밝혀지고 있으며, 녹조를 좀더 효과적으로 제어할

수 있는 획기적인 아이디어도 이로부터 얻을 수 있으리라 예상된다.

국내에서의 녹조 제어 관련해서는, 담수의 남조류 유전형 구성과 계절 천이에 대한 기초 조사부터 진행되어야 하며, 각각의 유전형 특성 비교 분석을 위해서는, 충분한 수의 다양한 유전자형을 분리, 배양할 수 있어야 한다. Microcystis에 의한 녹조가 거의 해마다 발생하는 이스라엘의 키너렛 호수(Lake Kinneret)에서는 2009년까지는 초록색의 일반적인 Microcystis가 녹조를 발생시켰으나, 2010년부터는 갈색의 Microcystis가 녹조를 발생시키고 있다. 이러한 변화의 원인에 대해서는 아직 연구가 진행중이나, 각각의 주요 Microcystis 유전자형을 분리하고 실험실 배양과 분석을 통해, 이와 같은 색깔의 차이가 유전자형 별로 phycoerythrin이라고 하는 남조류 고유 색소의 함량 차이에서 기인함과 남조류 독소 microcystin 농도가 녹조 색깔의 변화와 연동하여 변화하였음을 밝히기도 하였다. 이러한 연구결과, 수계별로 우점하는 Microcystis 유전자형의 특성에 따라, 환경보건학적 영향은 달라질 수 있으며, 제어 방법도 달라질 수 있음을 시사한다.

남조류에 의한 녹조 발생에서 우리에게 가장 중요한 요소는 독소 microcystin 농도와 수생태계의 건강성이다. 독소는 수도물의 안전과 직접 연결되며,

수생태 건강성은 남조류가 일차생산 이후의 모든 수생태계 구조를 결정짓는 주요 요소라는 점에서 중요하다. 국내의 정수 시설은 이미 남조류 독소를 성공적으로 제거하고 있으며, 남조류의 분포가 높은 표층수대신 분포가 적은 심층수를 채수함으로써 어느 정도 해결하고 있다. 그러나 4대강 사업 이후, 수심이 깊어지고, 보의 유무에 의해 유속의 변화폭도 커짐에 따라, 수생태계의 교란은 이전보다 높아졌음에도 불구하고, 이를 정확하게 판단할 수 있는 기준은 마련되지 못한 상태이다. 기존의 전통적인 수생태 건강성 지표는 부착돌말, 수서곤충, 어류상을 기준으로 산정하는데, 지표종 생물의 채취가 숙련도를 요구하는 어려운 작업인데다가, 시간과 비용이 많이 들고, 얇은 수심 기반의 지표인 까닭에, 깊은 수역까지의 모니터링 지점 확대와 시간적으로 더 촘촘한 샘플링은 현실적으로 불가능한 상황이다. 반면 남조류 포함 미생물의 오믹스 분석은 표층수만으로 분석이 가능하기 때문에, 샘플링 과정이 간단해 지면서 수역에 구애 받지 않을 뿐만 아니라, 오믹스 비용이 해마다 급감하므로 조사지점의 확대에도 유용하다는 장점이 있다. 또한 오믹스 분석은 유전학적, 생화학적 단기 반응을 측정할 수 있으므로, 기존의 장기 반응에 해당하는 개체군, 군집 수준의 지표에 비해 생태계의 신속한 반응을 측정해 볼 수 있다는 장점도 있다(Fig. 3).

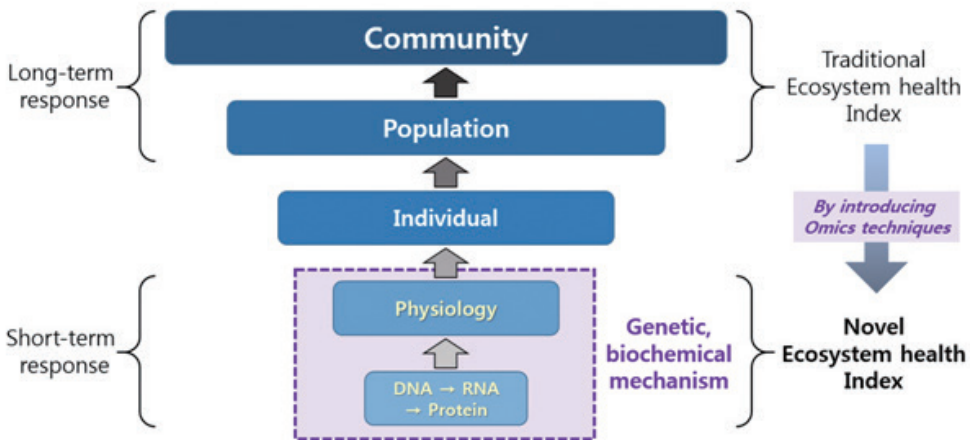


Figure 3. Levels of organization in an ecosystem and two types of ecosystem health index

결론

빅데이터는 이 시대의 화두처럼 주어졌다. 미생물 생태 연구는 이제, 엑셀 데이터 정리와 간단한 그래프, 표 몇 개로 표현하던 시대를 벌써 지나쳤다. 통계학과 빅데이터 분석 기술이 생물학의 핵심으로 자리잡고 있으며, 생태 분야 역시 마찬가지이다. 생물학적 녹조 연구가 오래 되었음에도 아직 뚜렷한 해결책 제시 없이 정체되었던 이유 중에는, 새로운 질문을 던지고, 또 이러한 탐구를 가능케 할 수 있는 첨단 기술이 그 동안 부족했고, 학제적 연구 또한 제한되었던 탓이 크다. 분자생물학과 오믹스 기술의

급속한 발전은, 이전에 생각할 수도 없었던 질문을 가능하게 해 주었으며, 따라서 지금부터의 관건은 누가 얼마나 핵심적이고 좋은 질문을 던질 수 있는가에 달려있다고 하겠다. 특히 세포 안에서 발생하는 미세한 생물 현상을 총체적으로 해석하는 오믹스라는 빅데이터와 이러한 미생물들이 모인 군집 전체를 한번에 조망할 수 있는 NGS, 다양한 환경요인과의 복잡한 연관성을 분석할 수 있는 생태 모델링 등 다양한 수준과 상이한 분야의 빅데이터 분석의 협업은, 가까운 미래에 녹조 제어의 결정적 힌트를 제공할 수 있으리라 기대된다.



Berry, M.A., J.D. White, T.W. Davis, S. Jain, T.H. Johengen, et al. 2017. Are oligotypes meaningful ecological and phylogenetic units? A case study of *Microcystis* in freshwater lakes. *Front. Microbiol.* 8: 365.

Bozart, C.S., A.D. Schwartz, J.W. Shepardson, F.S. Colwell, and T.W. Dreher. 2010. Population turnover in a *Microcystis* bloom results in predominantly nontoxic variants late in the season. *Appl. Environ. Microbiol.* 76: 5207–5213.

Frangoul, L., P. Quillardet, A.-M. Castets, J.-F. Humbert, H.C.P. Matthijs, et al. 2008. Highly plastic genome of *Microcystis aeruginosa* PCC 7806, a ubiquitous toxic freshwater cyanobacterium. *BMC Genomics* 9: 274.

Harke, M.J., T.W. Davis, S.B. Watson, and C.J. Gobler. 2016. Nutrient-controlled niche differentiation of Western Lake Erie cyanobacterial populations revealed via metatranscriptomic surveys. *Environ. Sci. Technol.* 50: 604–615.

Joung, S.-H., H.-M. Oh, S.-R. Ko, and C.-Y. Ahn. 2011. Correlations between environmental factors and toxic and non-toxic *Microcystis* dynamics during bloom in Daechung Reservoir, Korea. *Harmful Algae* 10: 188–193.

Kim, S.-G., S.-H. Joung, C.-Y. Ahn, S.-R. Ko, S.-M. Boo, and H.-M. Oh. 2010. Annual variation of *Microcystis* genotypes and their potential toxicity in water and sediment from a eutrophic reservoir. *FEMS Microbiol. Ecol.* 74: 93–102.

Rinta-Kanto, J.M. 2007. Biogeography and genetic diversity of toxin producing cyanobacteria in a Laurentian Great Lake. Ph.D. Thesis, University of Tennessee, USA

Tanabe, Y. and M.M. Watanabe. 2011. Local expansion of a panmictic lineage of water bloom-forming cyanobacterium *Microcystis aeruginosa*. *PLoS ONE* 6: e17085.