

Note

## 미호강 수계 생물막의 환경유전자를 이용한 담수해파리 (*Craspedacusta sowerbii* Lankester, 1880) 유전자 탐색

김건희 · 조현진 · 김정희<sup>1</sup> · 양윤모<sup>2</sup> · 주현지<sup>2</sup> · 정현기<sup>2,\*</sup>

건국대학교 휴먼엔에코케어센터, <sup>1</sup>주식회사 에코리서치, <sup>2</sup>국립환경과학원 금강물환경연구소

**Detection of Freshwater Jellyfish (*Craspedacusta sowerbii* Lankester, 1880) by Biofilm eDNA in Miho River Watershed.** Keonhee Kim (0000-0002-5725-1447), Hyeonjin Cho (0000-0003-0591-519X), Jeong-Hui Kim<sup>1</sup> (0000-0003-2331-4232), Yun-mo Yang<sup>2</sup> (0000-0003-4457-5319), Hyunji Ju<sup>2</sup> (0000-0002-2945-8168) and Hyun-Gi Jeong<sup>2,\*</sup> (0000-0002-5162-7175) (Human and Eco-Care Center (HECC), Konkuk University, Seoul 05029, Republic of Korea; <sup>1</sup>Eco Research Incorporated, Gongju 32556, Republic of Korea; <sup>2</sup>Geum-River Environment Research Center, National Institute of Environmental Research, Okcheon 29027, Republic of Korea)

**Abstract** Freshwater jellyfish, a type of jellyfish exclusively found in freshwater, has a limited number of species but is found globally. However, their ecology and causes of occurrence are largely unknown. Therefore, understanding the distribution of polyps, which produce the larvae of freshwater jellyfish, can provide important data for comprehending their ecology. This study aims to explore the COI gene of freshwater jellyfish using environmental DNA from the microbial film in the Miho River system. Among the 12 survey points in the Miho River watershed, genetic material of freshwater jellyfish was detected in 8 points, mainly located upstream near reservoirs. These genetic materials were identified as genes of the well-known freshwater jellyfish species, *Craspedacusta sowerbii*. Notably, the *C. sowerbii* genes found in the Miho River watershed survey points were closely related to a species previously discovered in Italy. Consequently, utilizing environmental DNA to explore the genetic traces of freshwater jellyfish enables rapid screening of areas with a high likelihood of freshwater jellyfish occurrence. This approach is deemed to provide crucial information for understanding the distribution and ecology of freshwater jellyfish in Korea.

**Key words:** Miho River, biofilm eDNA, freshwater jellyfish, *Craspedacusta sowerbii*, polyp

### 서 론

담수해파리(Freshwater jellyfish)는 저수지 및 호수 등에서 발견되는 담수해파리목(Order Limnomedusae Karp, 1938)에 속하는 동물로써 일반적으로 바다에서 서식하는 해양해파리보다 크기가 매우 작은 형태적 특성을 나타낸다(Boothroyd *et al.*, 2002; Moreno-Leon and Ortega-Rubio, 2009; Galarce *et al.*, 2013). 이러한 담수해파리의 기원은 확실하게 밝혀진 바는 없지만, 해양해파리와 유사한 생활사와 구조적 특징을 나타내기 때문에 해양 또는 연안에 서식 하던 해파리가 진화과정을 통해 담수지역으로 그 범위가 확산된 것으로 추정하고 있다(Zienkiewicz, 1940; Angradi,

Manuscript received 28 August 2023, revised 5 September 2023,  
revision accepted 6 September 2023  
\* Corresponding author: Tel: +82-43-730-5608  
E-mail: jhpl@korea.kr

© The Korean Society of Limnology. All rights reserved.

This is an open-access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution Non-Commercial License (<http://creativecommons.org/licenses/by-nc/3.0/>), which permits unrestricted non-commercial use, distribution, and reproduction in any medium, provide the original work is properly cited.

1998; Jankowski, 2001; Sandy and Terry, 2014). 담수해파리는 전 세계적으로 12종이 분포하는 것으로 알려져 있으나 이에 대한 연구가 매우 미흡하며 담수해파리의 생태특성에 대해서는 알려진 바가 거의 없다. 페달해파리속(Genus *Craspedacusta* Lankester, 1880)은 가장 대표적인 담수해파리로써 담수에서 흔하게 발견되고 있다(Arbačiauskas and Lesutienė, 2005; Jankowski *et al.*, 2008). 특히 중국 장강(양쯔강)에서 기원한 것으로 알려진 소위비꽃모자해파리(*Craspedacusta sowerbii* Lankester, 1880)는 영국에서 처음으로 발견되었고, 이후 북미·유럽대륙 등 많은 지역에서 보고되었다(Lankester, 1880; Kramp, 1961). 최근에는 *Limnocoela*속(genus)의 *L. tanganyicae*가 아프리카 탄자니아 호수 지역에서 처음 발견되어 특정 지역에서만 발견되는 담수해파리 종의 존재를 추정하였다(Salonon *et al.*, 2012).

해양해파리에 비해 담수해파리는 상대적으로 낮은 출현율과 다양성을 띠고 있으나, 미국과 유럽 지역에서는 담수해파리를 외래침입종으로 지정하여 이에 대한 분포조사를 수행하였다(Karaouzas *et al.*, 2015; McKercher *et al.*, 2017). 하지만 대부분 국가에서는 현재까지 담수해파리의 대발생을 플랑크톤 단계의 미소먹이망(micro-food web) 현상으로 인지함에 따라 직접적인 방제사업이 수행된 바는 없다(Dodson and Cooper, 1983; Dumont, 1994; Spadinger and Maier, 1999). 아시아 지역에서는 일본과 중국에서 담수해파리가 출현한 사례가 존재하지만 북미와 유럽대륙에 비해서 출현 빈도 및 개체수가 매우 낮은 것으로 보고되었다(Marchessaux *et al.*, 2021). 그러나, 최근 아프리카와 남미대륙 및 중앙아시아 지역에서도 담수해파리의 출현이 확인됨에 따라 담수해파리에 대한 인식이 높아지고 있다(Kozuharov *et al.*, 2017; Riyas and Kumar, 2017; Fuentes *et al.*, 2019; Ozbek and Sömek, 2020).

담수해파리 성체는 늪, 연못, 강 등의 정수 또는 유속이 느린 환경에서 주로 발견되며 수중에서 부드럽게 유영하면서 플랑크톤과 같은 하위 단계의 미생물을 먹이원으로 한다(Jankowski *et al.*, 2005; Smith and Alexander Jr, 2008; Moreno-Leon and Ortega-Rubio, 2009; Stefani *et al.*, 2010; Duggan and Eastwood, 2012; Lucas *et al.*, 2013). 담수해파리 번식은 해양해파리와 마찬가지로 유성생식과 무성생식의 두 단계로 구분된다(Pennak, 1989; DeVries, 1992). 유성생식 기작을 통해 산란된 알(egg)은 플라눌라(planula)로 발아한 뒤, 다양한 기질에 부착하여 폴립(polyp)을 형성한다. 폴립은 스트로빌라(strobila)로 성장하여 무성생식을 통해 에피라(ephyra)를 생성하고, 이들이 해파리유생(medusa)으로 성장하게 된다. 이러한 과정을 통해 하나의 폴립은 최대 5000개의 해파리유생을 생성할 수 있다(Lucas *et al.*, 2012).

성체 담수해파리는 그물망이나 좁은 망목의ネットで 걸려 확인되는 등 주로 표층에서 발견된다. 국내의 경우, 90년대 중반에 대청호와 주암호에서 처음 발견되었으며, 2009년에도 대청호에서 담수해파리 성체들이 발견되었다(Lee, 1996). 그 후, 공식적인 출현 보고서는 없지만, 제주도 효돈천의 웅덩이와 임하호에서 담수해파리가 발견되었으며 최근에는 소양호 상류에서 담수해파리의 성체가 대발생하여 큰 주목을 받았다(Jang, 2018; Won, 2018; Lee, 2021). 이러한 담수해파리의 대발생과 관련하여 명확한 원인과 기작은 규명되지 않았다. 하지만 해양해파리의 생존기작과 유영성 플랑크톤의 번식기작을 고려하였을 때, 담수해파리의 폴립 또한 번식에 적합하지 않는 수환경에서 휴면단계를 통해 생존할 수 있으며, 하나의 폴립에서 다수의 성체가 번식할 수 있기 때문에 기질에 부착해 있는 폴립의 분포를 탐색하는 것은 매우 중요하다. 하지만 기질에 부착되어 있는 폴립을 육안으로 확인하는 것은 거의 불가능하며, 현미경으로 폴립을 확인하는 것 역시 많은 시간이 소요된다. 따라서 이를 해결하기 위해 많은 시료를 신속하게 분석할 수 있는 환경유전자 분석법이 필요하다.

본 연구는 미호강 수계 하상에 분포하는 기질의 생물막(biofilm)에서 환경유전자를 기반으로 담수해파리 폴립을 탐색하였으며, 미호강 수계에서 발견된 담수해파리의 유전자 염기서열을 파악하고자 하였다.

## 재료 및 방법

### 1. 조사 지역 및 환경유전자(environmental DNA) 채집

본 연구는 금강본류와 합류되며 금강본류에 큰 영향을 미칠 수 있는 유역 중 하나인 미호강 수계를 대상으로 하였다(Fig. 1). 본 연구는 2023년 3월에 미호강 본류와 지천을 포함하는 12개 지점에서 환경유전자를 채집하였으며, 환경유전자는 하상(호박돌 크기) 기질에 부착되어 있는 생물막 환경유전자를 대상으로 하였다. 생물막 채집은 하천수생태계 건강성평가의 부착돌말류 채집을 위한 생물막 채집 지침(NIER, 2019)에 따라 수행하였으며 채집된 환경유전자는 냉암소(4°C) 조건을 유지한 상태로 실험실로 운반하였다. 지점 사이의 교차오염을 방지하기 위해 지점별 일회용 채집도구를 사용하였으며, 사용 후 폐기하였다. 또한 비커는 매회 증류수로 세척 후, 지점의 현상수로 세척하였다. 채집된 생물막은 실험실에서 Sterivex filter (SVGPL10RC, Millipore, MA, USA)를 사용하여 여과농축하였으며 일본 eDNA 학회에서 제안한 추출법에 따라 환경유전자를 추출하였다(Minamoto *et al.*, 2021).

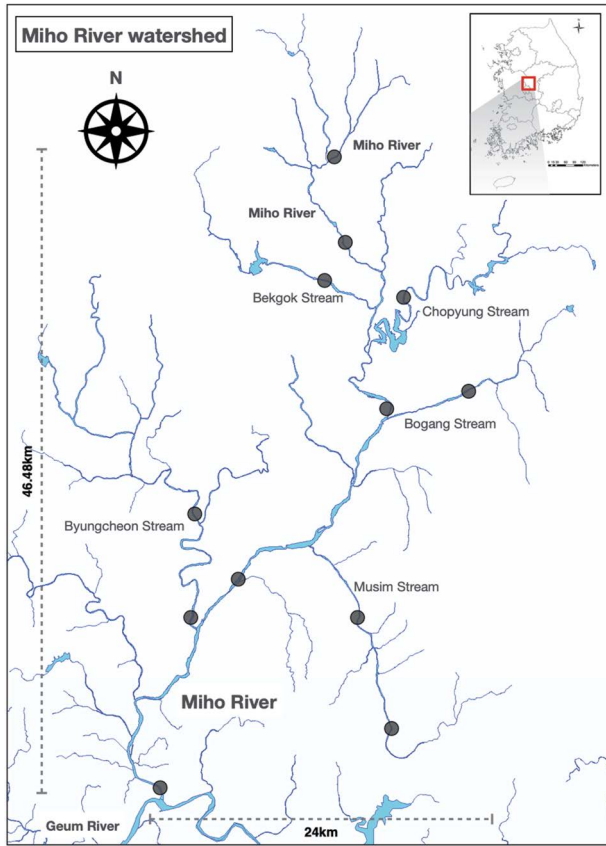


Fig. 1. Sampling points of Miho River watershed.

## 2. 환경유전자 meta-barcoding 분석 및 유전자 계통 분석

담수해파리를 포함하는 자포동물문은 대형무척추동물로 분류되기 때문에 12개 지점의 환경유전자에서 대형무척추동물의 COI (mitochondrial cytochrome C oxidase I) 유전자를 증폭하여 meta-barcoding 분석하였다. Meta-barcoding 분석을 위해 두 단계 PCR을 수행하였으며 이를 통해 대형무척추동물의 COI 유전자를 증폭하였다 (Elbrecht and Leese, 2017) (BF2: GCHCCHGAYATRGCHTTYCC, BR2: TCDGGRTGNCCRAARAAYCA). 1차 PCR 과정에서 증폭산물 (amplicon size: 451 bp)이 확인된 지점을 선별하였으며 2차 PCR을 통해 meta-barcoding library를 제작하였다 (Illumina, 2020). 실험실에서 제작한 meta-barcoding library는 전문 분석업체 (Metagenom bio life Co., Waterloo, Canada)에서 Illumina miseq system (MiSeq Reagent Kit v2) 기반으로 염기서열을 분석하였으며 DECIPHER package (Murali *et al.*, 2018)의 IdTaxa classifier (Quast *et al.*, 2012)를 활용하여 COI 유전자 염기서열에 기반하여 종을 동정하였다.

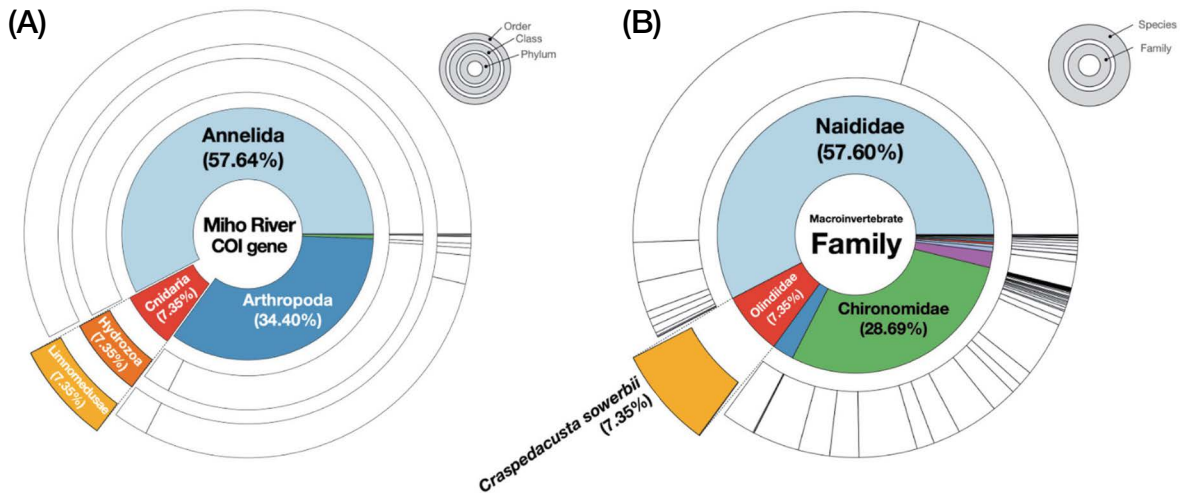
미호강 수계에서 동정된 담수해파리의 COI 유전자 염기서열을 기반으로 담수해파리목 (Order Limnomedusae) COI 유전자의 계통분석을 수행하였다. 이를 위해 GenBank에서 담수해파리목의 COI 유전자 정보를 수집하였다. 계통분석을 위해 MEGA 11 (Molecular evolutionary genetics analysis: version 11.0.11)을 사용하였으며 maximum likelihood 방식으로 계통수를 작성하였다 (Tamura and Nei, 1993; Stecher *et al.*, 2020; Tamura *et al.*, 2021).

## 결과 및 고찰

### 1. 미호강 유역의 생물막 (biofilm)에 존재하는 COI 유전자 다양도 분석

미호강 수계 내 12개 지점의 생물막에서 COI 유전자를 meta-barcoding 분석한 결과 총 3,882 OTU에서 242,910 contig가 발견되었다. Unknown species OTU는 총 1,842 OTU (63.71%), 183,057 contig (75.36%)로 전체의 50% 이상을 차지하였다. 이러한 unknown species는 GenBank에 존재하지 않는 생물의 유전자이거나 생물막 내부에서 세균에 의해 분해되어 절편화 (fragmentation)된 유전자가 1차 PCR 증폭에서 무의미한 산물을 합성하여 종 구분이 불가능할 수 있다 (Leray *et al.*, 2013; Elbrecht and Leese, 2015; Bista *et al.*, 2018; Salter, 2018; Zulkefli *et al.*, 2019).

세균 (Bacteria) 및 균류 (Fungi)와 유사한 염기서열을 제외하고, 대형무척추동물의 종 수준까지 분석할 수 있는 COI 유전자를 선별하였을 때, 총 172 OTU에서 29,967 contig가 확인되었다. 최종적으로 COI 유전자를 기반으로 대형무척추동물의 분류군을 파악하였을 때 총 7문 10강 14목 20과 48속 74종이 발견되었다. 분류군 중에서 환형동물문 (Annelida)이 57.68%로 가장 많은 비율을 차지하였으며 그 뒤로 절지동물문 (Arthropoda)과 자포동물문 (Cnidaria)이 각각 34.42%와 7.35%로 많은 비율을 차지하였다 (Fig. 2A). 자포동물문 (Phylum Cnidaria)의 하위 분류군에는 담수해파리 분류군이 포함되는 히드라충강 (Class Hydrozoa), 담수해파리목 (Order Limnomedusae)만 발견되었으며 전체 COI 유전자에서 차지하는 비율은 두 분류군 모두 7.35%로 자포동물문의 비율과 동일하였다. 따라서 미호강 수계 내 12개 지점에서 발견된 자포동물문의 생물은 담수해파리목 하나만 존재하였으며 미호강 수계 생물막의 환경유전자에서 많은 비율을 차지하는 것으로 확인되었다. 또한 본 연구에서는 생물막의 환경유전자를 대상으로 하였기 때문에 meta-barcoding 분석에서 발견된 담수해파리의 유전자는 해파리 성체보다

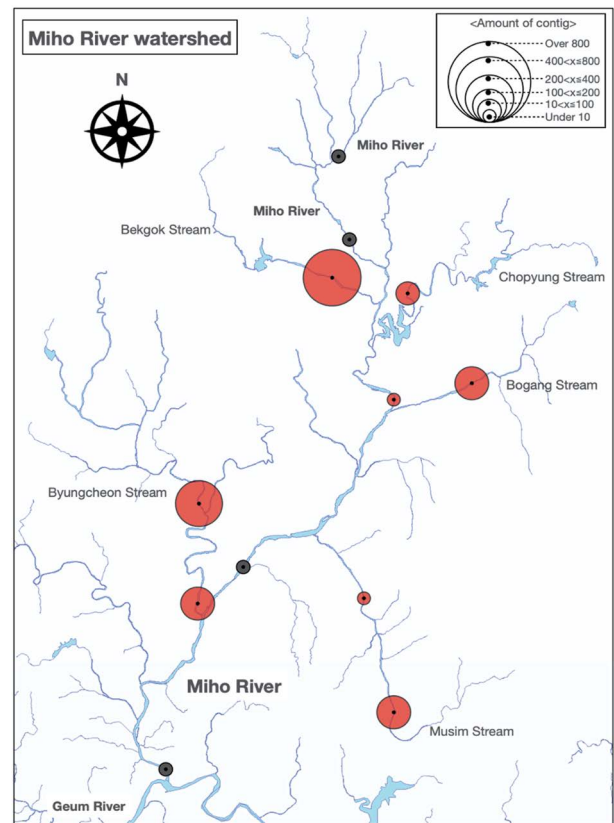


**Fig. 2.** Taxonomic component of biofilm in Miho River watershed based on COI gene (DataGraph 5.1.1, Visual Data Tools, Inc., NC, USA). Each circle means taxonomic class (A). From inner circle to outer circle indicate phylum, class, and order. (B) Inner circle means family and outer circle means species.

는 유성생식 이후 기질에 부착된 해파리 폴립(polyp)의 유전자일 가능성이 높다(Pennak, 1989; Slobodkin and Bossert, 1991). 자포동물문에는 히드라충강(Class Hydrozoa), 해파리강(Class Scyphozoa), 상자해파리강(Class Cubozoa), 산호충강(Class Anthozoa)의 4개 분류군이 존재한다(Ander-son, 1998). 일반적인 해양해파리로 분류되는 십자해파리목(Order Stauromedusae), 관해파리목(Order Coronatae), 기구해파리목(Order Semaestomeae), 근구해파리목(Order Rhizostomae)은 모두 해파리강에 포함되어 있으나 담수해파리목(Order Limnomedusae)은 히드라충강으로 분류되어 해양해파리와 서로 다른 분류군으로 구분된다(Jankowski, 2001). 이를 통해 해양해파리와 담수해파리가 생활사 및 형태구조가 매우 유사하지만 해파리의 진화과정에서 담수해파리와 해양해파리가 매우 오래전에 분화되어 각자의 진화단계를 거친 것으로 판단된다(Kayal *et al.*, 2013).

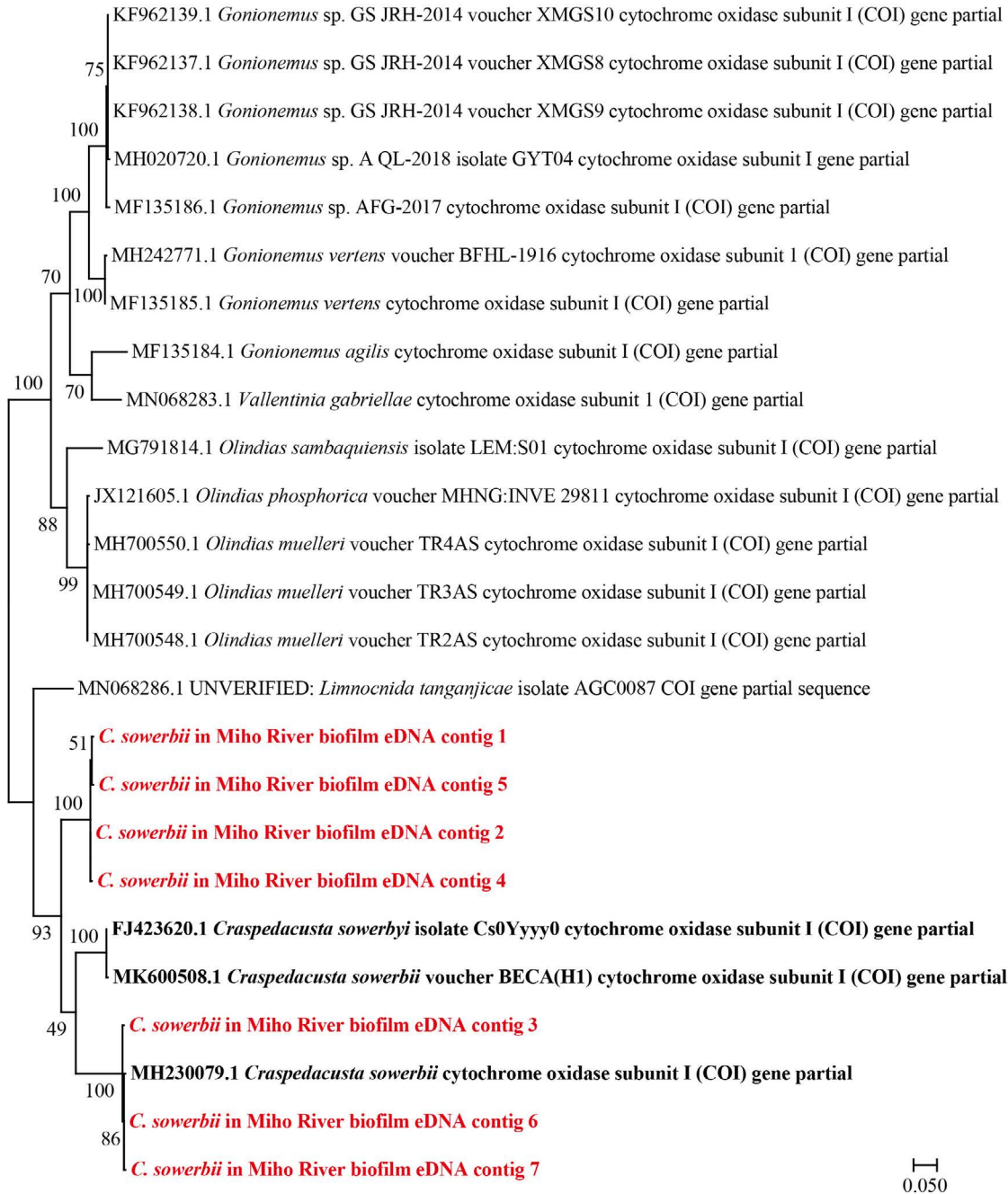
**2. 담수해파리의 COI 유전자 분석**

미호강 수계 내 12개 지점 중에서 담수해파리목의 유전자는 8개 지점에서 발견되었으며 각 지점 사이에 담수해파리목 유전자 contig 수의 차이가 존재하였다(Fig. 3). 미호강 조사 지점에서 발견된 담수해파리목의 유전자는 모두 소위비꽃모자해파리(*Craspedacusta sowerbii*)의 유전자로써 1990년대 대청호와 주암호에서 발견된 담수해파리와 동일한 종으로 확인되었다(Fig. 2B). 미호강 지점에서 발견된 *C. sowerbii*의 contig 중에서 일부는 이탈리아에서 발견된 *C. sowerbii* 개체와 하나의 계통군을 형성하였으며 나머지 contig들은 스페인과 독일에서 발견된 개체와 매우 가까운 계통으로 나타



**Fig. 3.** Distribution of *Craspedacusta sowerbii*'s COI gene in Miho River watershed. Red color means detected *C. sowerbii* gene and dark gray color means absent of the gene in biofilm.

났다(Fig. 4). *C. sowerbii*의 유전자 contig는 주로 미호강으로 유입되는 유입하천의 생물막에서 발견되었는데, 특히 백

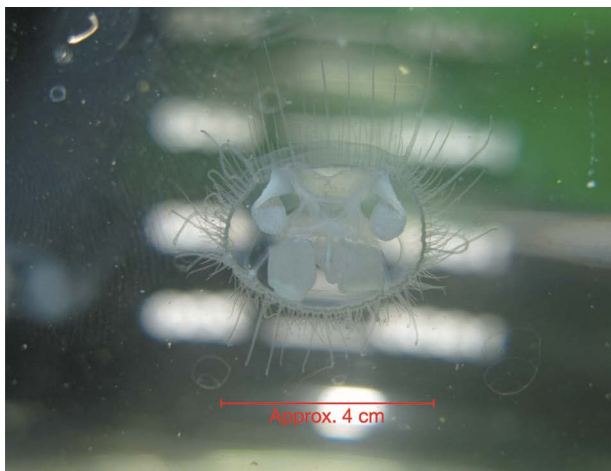


**Fig. 4.** Phylogenetic tree of Limnomedusae based on COI gene sequence. The evolutionary history was inferred by using the Maximum Likelihood method and Tamura-Nei model. The percentage of trees in which the associated taxa clustered together is shown next to the branches. This analysis involved 25 nucleotide sequences. There was a total of 703 positions in the final dataset. Evolutionary analyses were conducted in MEGA11.

곡천 지점에서 가장 많이 발견되었고 보강천 지점과 병천천 지점에서도 300 contig 이상의 *C. sowerbii*의 유전자가 발견되었다. 반면에 미호강 본류 지점에서는 *C. sowerbii*의 유전자가 거의 발견되지 않았으며 백곡천이 합류하는 미호강 본

류 지점에서 유일하게 4 contig의 매우 낮은 수준이 발견되었다. 가장 하류에 위치한 미호강 본류 지점은 유속이 느리며 가까운 상류의 병천천에서 많은 수의 *C. sowerbii* 유전자 contig가 발견되었음에도 불구하고 생물막에서 *C. sowerbii*

의 유전자가 발견되지 않았다. 이는 미호강 하류가 하폭이 넓고 하상기질이 대부분 모래 기질로 구성되어 있기 때문에 다른 지점들보다 폴립의 부착가능성이 매우 낮은 것으로 판단된다(De Kluijver and Leewis, 1994; Lengkeek *et al.*, 2013; Schrieken *et al.*, 2013; Meyling *et al.*, 2014). 충주시를 통과하는 무심천 상류에서는 124 contig가 발견되었으나 충주시내가 위치한 하류 지점에서는 3 contig로 매우 낮았다. *C. sowerbii* 유전자 contig가 가장 많이 발견된 백곡저수지 하류의 백곡천 지점은 저수지 방류구부터 조사 지점까지 직강화된 수로가 존재하여 저수지와 백곡천 지점 사이 직선거리로 가장 근접해 있다. 특히 백곡저수지는 미호강 유역에서 저수용량이 높은 저수지 중 하나로써 대청호 및 주암호와 함께 *C. sowerbii* 성체가 서식할 가능성이 존재한다. 이외에도 병천천 지점과 보강천 지점도 각각 상류에 대정저수지, 용연저수지 및 소매저수지와 같이 *C. sowerbii* 성체가 발견될 수 있는 저수지가 위치하고 있다. 아직까지 이러한 저수지에서 담수해파리의 출현은 보고된 바 없으나 경북 영천호에서도 담수해파리의 성체를 직접 확인할 수 있었다(Fig. 5). 따라서 미호강 수계에 위치하는 저수지들에서 담수해파리의 출현이 보고된 바 없지만 성체 및 폴립이 존재할 가능성은 충분하다. 이러한 담수해파리의 폴립은 유속이 빠른 하천에서는 부착되지 않고 하류로 이동하지만 유속이 느린 구간에서는 기질에 부착하여 존재할 수 있다. 하지만 해양해파리보다 크기가 매우 작기 때문에 육안으로 관찰이 어려우며 생물막을 채집하는 과정에서 폴립이 물리적으로 파손될 수 있다. 이러한 문제는 담수해파리 폴립의 유전자가 기질의 환경유전자에 존



**Fig. 5.** The photo of freshwater jellyfish in Youngcheon Lake. This photo was directly taken on the field by the Author (Hyun-Gi Jeong). The jellyfish's diameter was approximately 4 centimeters, and they had a clear, colorless body.

재하므로 개체가 파손되거나 부분적으로 존재하더라도 유전자 기반의 탐색법을 통해 폴립의 유무를 파악할 수 있다.

유럽 및 북미지역에서도 담수해파리목의 *C. sowerbii*는 주로 저수지 및 호수에서 서식하는 것으로 보고되고 있으며 저수지 하류의 느린 유속이 존재하는 수체에서도 주로 발견된다(DeVries, 1992; Tittizer *et al.*, 2000; Peard, 2002; Silva and Roche, 2007). 미호강 수역의 경우, 유입하천 지점들은 유속이 다소 느리고, 하상이 자갈 및 호박돌 기질로 구성되어 있거나 수로에 나무 및 수생식물들이 밀생하여 폴립이 부착할 수 있는 기질이 풍부하게 존재할 수 있다. 폴립의 무성생식 기작에 따르면 기질에 부착하여 겨울에는 족낭(podocyst) 상태의 휴면기에 돌입하게 된다(Acker and Muscat, 1976). 족낭은 최적 환경이 조성될 때까지 휴면 상태로 기질에 부착하며, 최적 조건이 되면 다시 폴립상태로 활성화된다.

## 결론

담수환경에서 생물막의 환경유전자는 담수해파리 폴립의 유전자를 포함하고 있으며, 환경유전자의 meta-barcoding 분석에 따르면 담수해파리 폴립을 탐색할 수 있었다. 특히 담수해파리 유전자가 발견된 지점들은 공통적으로 상류에 저수지가 위치하고 있기에 해파리 성체가 발견될 가능성이 매우 높을 것으로 판단된다. 하지만 본 연구 결과와 같이 담수해파리의 정확한 분포와 생태에 대해서는 오늘날 거의 연구된 바 없으며, 담수해파리의 대발생이 어떠한 조건에서 발생하는지, 수환경에 어떠한 영향을 미치는지 알 수 없다. 뿐만 아니라 현재 GenBank에 존재하는 담수해파리목의 COI 유전자는 *Gonionemus* genus (갈퀴손해파리속), *Olindias* genus (꽃모자해파리속), *Craspedacusta* genus (페달해파리속), *Limnocyclus* genus, *Vallentinia* genus 분류군의 유전자만이 등록되어 있으며 *Limnocyclus*와 *Vallentinia*속(genus)의 담수해파리목 유전자는 각각 단 1개만 존재하기 때문에 기초적인 생물정보가 매우 부족한 실정이다. 따라서 담수해파리의 생태학적 분포를 파악함으로써 각 개체의 생물학적·유전학적 정보를 확보하고 담수해파리의 대발생 기작과 생활사를 이해하는 데 매우 중요한 단서를 얻을 수 있다.

본 연구와 같이 환경유전자를 활용하여 담수해파리의 흔적을 탐색한다면 담수해파리가 출현할 가능성이 높은 지역을 빠르게 탐색할 수 있다. 특히 이러한 접근은 저수지 하류에 위치한 하천의 생물막에서 폴립의 유전자를 탐색함으로써 담수해파리가 발생할 가능성이 높은 유역을 선택적 선별(screening)하는 데 중요한 정보를 제공할 수 있다. 하지만 본 연구에서 성체의 대발생을 직접적으로 확인한 것은 아

니기 때문에 환경유전자를 활용한 담수해파리 탐색 가능성의 제안이 더욱 중요하다고 판단된다. 또한 향후 환경유전자 meta-barcoding 기법을 적용하여 담수해파리 성체 또는 폴립과 같은 미소 개체의 분포를 명확히 파악하기 위해서는 미소개체를 대상으로 실험실 내 환경유전자 용출(release) 연구가 병행되어야 할 것으로 판단된다.

## 적 요

담수해파리는 담수에서만 발견되는 해파리로서 다양성은 낮지만 전 세계적으로 보고 되고있다. 하지만 이들의 생태 및 발생 원인에 대해서는 정확하게 밝혀진 바가 없다. 따라서 모니터링을 통해 유생에서 폴립(polyp)단계를 통해 성장하는 담수해파리의 분포를 파악하는 것은 이들의 생태를 이해하는 데 중요하다. 본 연구는 미호강 수계 생물막(biofilm)의 환경유전자(eDNA)를 이용하여 담수해파리의 COI 유전자를 탐색하고 환경유전자를 이용한 담수해파리 탐색 가능성을 확인하고자 하였다. 미호강 수계 내 12개 지점 중 8개 지점에서 담수해파리 유전자가 확인되었으며, 대부분 상류에 저수지가 위치한 특성을 보였다. 이들 유전자는 대표적인 담수해파리로 알려진 소위비꽃모자해파리(*Craspedacusta sowerbii*)의 유전자로 확인되었으며 미호강 조사 지점에서 발견된 *C. sowerbii*는 이탈리아에서 발견된 종과 같은 계통이었다. 결과적으로 생물막의 환경유전자를 이용한 담수해파리 유전자 탐색방법은 담수해파리 출현 가능성이 높은 지역을 선택적으로 빠르게 선별(screening)할 수 있으며 이는 국내 담수해파리의 분포와 발생기작을 이해하는 데 중요한 단서를 제공할 수 있을 것으로 판단된다.

**저자정보** 김건희(건국대학교 휴먼엔에코케어센터 학술연구교수), 조현진(건국대학교 휴먼엔에코케어센터 연구원), 김정희(주식회사 에코리서치 대표이사), 양윤모(국립환경과학원 금강물환경연구소 전문위원), 주현지(국립환경과학원 금강물환경연구소 전문위원), 정현기(국립환경과학원 금강물환경연구소 환경연구사)

**저자기여도** 개념설정: 김건희, 방법론: 김건희, 분석: 김건희, 조현진, 자료제공: 양윤모, 주현지, 원고초안작성: 김건희, 교정: 조현진, 김정희, 정현기, 연구비 수주: 김정희, 정현기

**이해관계** 이 논문에는 이해관계 충돌의 여지 없음.

**연구비** 본 연구는 환경부의 재원으로 국립환경과학원(R&D) 연구사업(NIER-01-01-178) 지원을 받아 수행되었습니다.

## REFERENCES

- Acker, T.S. and A.M. Muscat. 1976. The ecology of *Craspedacusta sowerbii* Lankester, a freshwater hydrozoan. *American Midland Naturalist*. pp. 323-336.
- Anderson, D. 1998. Introduction to arthropods, Oxford University Press, Oxford.
- Angradi, T.R. 1998. Observations of freshwater jellyfish, *Craspedacusta sowerbyi* Lankester (Trachylina: Petasidae), in a West Virginia reservoir. *Brimleyana*. pp. 34-42.
- Arbačiauskas, K. and J. Lesutienė. 2005. The freshwater jellyfish (*Craspedacusta sowerbii*) in Lithuanian waters. *Acta Zoologica Lituanica* **15**: 54-57.
- Bista, I., G.R. Carvalho, M. Tang, K. Walsh, X. Zhou, M. Hajibabaei, S. Shokralla, M. Seymour, D. Bradley and S. Liu. 2018. Performance of amplicon and shotgun sequencing for accurate biomass estimation in invertebrate community samples. *Molecular Ecology Resources* **18**: 1020-1034.
- Boothroyd, I.K., M.K. Etheredge and J.D. Green. 2002. Spatial distribution, size structure, and prey of *Craspedacusta sowerbyi* Lankester in a shallow New Zealand lake. *Hydrobiologia* **468**: 23-32.
- De Kluijver, M. and R. Leewis. 1994. Changes in the sublittoral hard substrate communities in the Oosterschelde estuary (SW Netherlands), caused by changes in the environmental parameters. The Oosterschelde Estuary (The Netherlands): a case-study of a changing ecosystem. pp. 265-280.
- DeVries, D.R. 1992. The freshwater jellyfish *Craspedacusta sowerbyi*: a summary of its life history, ecology, and distribution. *Journal of Freshwater Ecology* **7**: 7-16.
- Dodson, S.I. and S.D. Cooper. 1983. Trophic relationships of the freshwater jellyfish *Craspedacusta sowerbyi* Lankester 1880. *Limnology and Oceanography* **28**: 345-351.
- Duggan, I.C. and K.R. Eastwood. 2012. Detection and distribution of *Craspedacusta sowerbii*: observations of medusae are not enough. *Aquatic Invasions* **7**: 271-275.
- Dumont, H.J. 1994. The distribution and ecology of the fresh-and brackish-water medusae of the world. *Studies on the ecology of tropical zooplankton*. pp. 1-12.
- Elbrecht, V. and F. Leese. 2015. Can DNA-based ecosystem assessments quantify species abundance? Testing primer bias and biomass-sequence relationships with an innovative metabarcoding protocol. *PLoS One* **10**: e0130324.
- Elbrecht, V. and F. Leese. 2017. Validation and development of COI metabarcoding primers for freshwater macroinvertebrate bioassessment. *Frontiers in Environmental Science* **5**: 11.
- Fuentes, R., L. Cárdenas, A. Abarzua and L. Caputo. 2019. Southward invasion of *Craspedacusta sowerbii* across mesotrophic lakes in Chile: geographical distribution and genetic diversity of the medusa phase. *Freshwater Science* **38**: 193-202.

- Galarce, L.C., K.V. Riquelme, D.Y. Osman and R.A. Fuentes. 2013. A new record of the non indigenous freshwater jellyfish *Craspedacusta sowerbii* Lankester, 1880 (Cnidaria) in Northern Patagonia (40 S, Chile). *BiolInvasions Records* **2**: 263-270.
- Illumina. 2020. Illumina DNA Prep reference guide (10000000 25416), Illumina, Inc. San Diego, CA.
- Jang, T. 2018. Hyodon stream freshwater jellyfish, who exactly are you? Seogwipo Newspaper, <http://www.seogwipo.co.kr/news/articleView.html?idxno=150997>.
- Jankowski, T. 2001. The freshwater medusae of the world - a taxonomic and systematic literature study with some remarks on other inland water jellyfish. *Hydrobiologia* **462**: 91-113.
- Jankowski, T., A.G. Collins and R. Campbell. 2008. Global diversity of inland water cnidarians. *Freshwater Animal Diversity Assessment*. pp. 35-40.
- Jankowski, T., T. Strauss and H.T. Ratte. 2005. Trophic interactions of the freshwater jellyfish *Craspedacusta sowerbii*. *Journal of Plankton Research* **27**: 811-823.
- Karaouzas, I., S. Zogaris, M. Lopes-Lima, E. Froufe, S. Varandas, A. Teixeira and R. Sousa. 2015. First record of the freshwater jellyfish *Craspedacusta sowerbii* Lankester, 1880 in Greece suggests distinct European invasion events. *Limnology* **16**: 171-177.
- Kayal, E., B. Roure, H. Philippe, A.G. Collins and D.V. Lavrov. 2013. Cnidarian phylogenetic relationships as revealed by mitogenomics. *BMC Evolutionary Biology* **13**: 1-18.
- Kozuharov, D., R. Kalchev, M. Beshkova, M. Stanachkova, L. Kenderov, V. Vasilev and T. Trichkova. 2017. Occurrence of the alien freshwater jellyfish *Craspedacusta sowerbii* Lankester, 1880 (Cnidaria: Hydrozoa) in some Bulgarian reservoirs. *Acta Zoologica Bulgarica*. pp. 67-72.
- Kramp, P.L. 1961. Synopsis of the medusae of the world. *Journal of the Marine Biological Association of the United Kingdom* **40**: 7-382.
- Lankester, E.R. 1880. On a new jelly-fish of the order Trachomedusae, living in fresh water. *Science*. 34p.
- Lee, J. 2021. Unfamilarly named 'freshwater jellyfish' found in large quantities... "Concerns about ecosystem disturbance". KBS News, <https://news.kbs.co.kr/news/view.do?ncd=5284174>.
- Lee, T. 1996. A study on the aquatic ecosystem changes in dam reservoir (2nd year), Kwater research center, Kwater.
- Lengkeek, W., J. Coolen, A. Gittenberger and N. Schrieken. 2013. Ecological relevance of shipwrecks in the North Sea. *Nederlandse Faunistische Mededelingen* **41**: 49-57.
- Leray, M., J.Y. Yang, C.P. Meyer, S.C. Mills, N. Agudelo, V. Ranwez, J.T. Boehm and R.J. Machida. 2013. A new versatile primer set targeting a short fragment of the mitochondrial COI region for metabarcoding metazoan diversity: application for characterizing coral reef fish gut contents. *Frontiers in Zoology* **10**: 1-14.
- Lucas, C.H., W.M. Graham and C. Widmer. 2012. Jellyfish life histories: role of polyps in forming and maintaining scyphomedusa populations. *Advances in Marine Biology* **63**: 133-196.
- Lucas, K., S.P. Colin, J.H. Costello, K. Katija and E. Klos. 2013. Fluid interactions that enable stealth predation by the upstream-foraging hydromedusa *Craspedacusta sowerbyi*. *The Biological Bulletin* **225**: 60-70.
- Marchessaux, G., F. Lüsckow, G. Sarà and E.A. Pakhomov. 2021. Predicting the current and future global distribution of the invasive freshwater hydrozoan *Craspedacusta sowerbii*. *Scientific Reports* **11**: 23099.
- McKercher, E., D. O'Connell, P. Fuller, J. Liebig, J. Larson, T. Makled, A. Fusaro and W. Daniel. 2017. *Craspedacusta sowerbyi* Lankester, 1880: US Geological Survey, Nonindigenous Aquatic Species Database. Gainesville, Florida, USA.
- Meyling, A.G., I. van Lente, N. Schrieken, A. Gitteberger and R. de Bruyne. 2014. Het Duiken Gebruiken 3. Gegevensanalyse van het Monitoringproject Onderwater Oever (MOO): Fauna-onderzoek met sportduikers in de Oosterschelde en de Grevelingen. Periode 1994 t/m 2012.
- Minamoto, T., M. Miya, T. Sado, S. Seino, H. Doi, M. Kondoh, K. Nakamura, T. Takahara, S. Yamamoto and H. Yamanaka. 2021. An illustrated manual for environmental DNA research: Water sampling guidelines and experimental protocols. *Environmental DNA* **3**: 8-13.
- Moreno-Leon, M.A. and A. Ortega-Rubio. 2009. First record of *Craspedacusta sowerbyi* Lankester, 1880 (Cnidaria: Limnomedusae: Olindiidae) in Mexico (Adolfo Lopez Mateos reservoir), with notes on their feeding habits and limnological dates. *Biological Invasions* **11**: 1827-1834.
- Murali, A., A. Bhargava and E.S. Wright. 2018. IDTAXA: a novel approach for accurate taxonomic classification of microbiome sequences. *Microbiome* **6**: 1-14.
- NIER. 2019. Guidelines for Aquatic Ecosystem Assessment and Health Evaluation Methods, National Institute of Environmental Research, Incheon, Republic of Korea.
- Ozbek, M. and H. Sömek. 2020. Invasive freshwater jellyfish *Craspedacusta sowerbii* (Lankester, 1880) in Turkey: New locality record and habitat limnology, with an overview of distributional data in the Middle East and Balkans. *Acta Aquatica Turcica* **16**: 487-497.
- Peard, T. 2002. *Freshwater Jellyfish!* Indiana University of Pennsylvania, Indiana, PA. 25pp.
- Pennak, R.W. 1989. *Fresh-water invertebrates of the United States*. Wiley,
- Quast, C., E. Pruesse, P. Yilmaz, J. Gerken, T. Schweer, P. Yarza, J. Peplies and F.O. Glöckner. 2012. The SILVA ribosomal RNA gene database project: improved data processing and web-based tools. *Nucleic Acids Research* **41**: D590-D596.
- Riyas, A. and A. Kumar. 2017. Record of freshwater jellyfish blooms of invasive *Craspedacusta sowerbii* Lankester, 1880 (Hydrozoa, Limnomedusae) from Kerala, India. *Journal*



- of Aquatic Biology, Fisheries* **5**: 154-159.
- Salonen, K., P. Högmander, V. Langenberg, H. Mölsä, J. Sarvala, A. Tarvainen and M. Tirola. 2012. Limnocyclus tanganyicae medusae (Cnidaria: Hydrozoa): a semiautonomous microcosm in the food web of Lake Tanganyika. *Hydrobiologia* **690**: 97-112.
- Salter, I. 2018. Seasonal variability in the persistence of dissolved environmental DNA (eDNA) in a marine system: The role of microbial nutrient limitation. *PLoS One* **13**: e0192409.
- Sandy, E. and P. Terry. 2014. Aquatic Invasive Species Monitoring Training Materials, Paul Skawinski, Citizen Lake Monitoring Network Educator, University of Wisconsin.
- Schrieken, N., A. Gittenberger, J. Coolen and W. Lengkeek. 2013. Marine fauna of hard substrata of the Cleaver Bank and Dogger Bank. *Nederlandse Faunistische Mededelingen* **41**: 69-78.
- Silva, W.M. and K.F. Roche. 2007. Occurrence of the freshwater jellyfish *Craspedacusta sowerbii* (Lankester, 1880) (Hydrozoa, Limnomedusae) in a calcareous lake in Mato Grosso do Sul, Brazil. *Biota Neotropica* **7**: 227-230.
- Slobodkin, L. and P. Bossert. 1991. The Freshwater Cnidaria or Coelenterates in Ecology and Classification of North American Freshwater Invertebrates, JH Thorp and AP Covich (edt). Academic Press, Inc. San Diego, USA.
- Smith, A.S. and J.E. Alexander Jr. 2008. Potential effects of the freshwater jellyfish *Craspedacusta sowerbii* on zooplankton community abundance. *Journal of Plankton Research* **30**: 1323-1327.
- Spadinger, R. and G. Maier. 1999. Prey selection and diel feeding of the freshwater jellyfish, *Craspedacusta sowerbyi*. *Freshwater Biology* **41**: 567-573.
- Stecher, G., K. Tamura and S. Kumar. 2020. Molecular evolutionary genetics analysis (MEGA) for macOS. *Molecular Biology and Evolution* **37**: 1237-1239.
- Stefani, F., B. Leoni, A. Marieni and L. Garibaldi. 2010. A new record of *Craspedacusta sowerbii*, Lankester 1880 (Cnidaria, Limnomedusae) in northern Italy. *Journal of Limnology* **69**: 189.
- Tamura, K. and M. Nei 1993. Estimation of the number of nucleotide substitutions in the control region of mitochondrial DNA in humans and chimpanzees. *Molecular Biology and Evolution* **10**: 512-526.
- Tamura, K., G. Stecher and S. Kumar. 2021. MEGA11: molecular evolutionary genetics analysis version 11. *Molecular Biology and Evolution* **38**: 3022-3027.
- Tittizer, T., F. Schöll, M. Banning, A. Haybach and M. Schleuter. 2000. Aquatische Neozoen im Makrozoobenthos der Binnenwasserstraßen Deutschland. Mauch, Germany.
- Won, Y. 2018. Mass discovery of algal bloom and freshwater jellyfish in Andong's Imha Lake. Kyungbook Newspaper, <http://www.kbsm.net/news/view.php?idx=214768>.
- Zienkiewicz, L. 1940. Rasprostranenie presnovodnykh i slonovotvodnykh kishchnopolostnykh. *Zoologicheskii Zhurnal* **19**: 580-602.
- Zulkefli, N.S., K.-H. Kim and S.-J. Hwang. 2019. Effects of microbial activity and environmental parameters on the degradation of extracellular environmental DNA from a eutrophic lake. *International Journal of Environmental Research and Public Health* **16**: 3339.