

미토콘드리아 Cytochrome Oxidase I 유전자 마커에 의한 한국·중국 낙지의 종판별 및 집단분석

강정하, 유기환, 김상규, 박종연, 김봉석, 안철민

국립수산과학원 전략양식연구소 생명공학과

Species Identification and Genetic Structure of *Octopus minor* from Korea and China on the Basis of Partial Sequences of Mitochondrial Cytochrome Oxidase I

Jung-Ha Kang, Ki Hwan Yu, Sang-Kyu Kim, Jung-Yeon Park, Bong-Seok Kim and Chel-Min An

Biotechnology Research Division, NFRDI, Busan 619-705, Korea

ABSTRACT

The nucleotide sequences of the mitochondrial cytochrome oxidase subunit 1 (CO1) gene of octopus groups collected from Muan, Taean, Yesu, Jeju in Korea and Youngsung, Daeryen in China were analyzed for the identification of species and populations. Six haplotypes were identified from the analyzed 60 individuals. All of the individuals (N = 10) from Jeju showed the A haplotype which was not observed from other groups, and could be classified as a distinct group. The analyzed groups could form two separate clade in MEGA4 analysis. The individuals from Muan, Taean, Yesu in Korea and Daeryen in China form a clade and the others from Jeju in Korea and Youngsung in China formed the other clade. The analysis of relationship among the groups showed the same results. Individuals belong to the group A (Muan, Taean, Yesu and Daeryen) showed closer relationship than individuals belong to the group B (Jeju and Youngsung). Although the CO1 universal primers used in this study was useful as a marker for species identification among Octopus, analysis of population was limited because of few variations in the partial sequences of CO1 analyzed in this study. However, it was possible to show the limited gene flow among the groups which is resulted from the spatial separation and differences in their habitats.

Keywords: Octopus, Mitochondrial cytochrome oxidase, genetic marker

서론

낙지 (*Octopus minor*) 는 주꾸미 (*O. ocellatus*), 왜문어 (*O. vulgaris*), 문어 (*O. dofleini*) 와 함께 두족강 (Cephalopoda), 문어목 (Octopoda), 문어과 (Octopodidae) 에 속하는 연체동물로서 한국, 일본, 중국 등 서부 태평양 연안에 분포한다 (Roper *et al.*, 1984). 특히 우리나라연안에서는 제주도 이북의 조간대에서 수심 150 m 사이의 바위틈과 내만의 갯벌지역에 주로 분포하며 연승과 통발, 도수 등으로

어획하는 서해 남부와 남해 서부 연안어업의 중요한 소득 대상 종이다. 낙지 중 서해남부해역 니질 함량이 풍부한 갯벌에 서식하는 일명 빨낙지 (세발낙지) 는 사니질, 돌이나 모래에 서식하는 돌낙지 그리고 연안의 통발에 의해 어획되는 통발낙지 보다 고가로 판매된다. 우리나라 낙지 어획량은 1993년 14,000 톤으로 최고치를 기록한 후 어획량이 점차 감소하여 2002년 6,000 톤까지 현저하게 감소하였고, 이후 자원관리 시급성이 대두되면서 종 및 집단의 유전학적 연구에 의한 집단 구조 및 관리방안이 모색되고 있다.

본 연구에서는 서식지 혹은 지역마다 다양한 명칭으로 불리는 낙지 종류에 대한 종개념에서의 유전학적 차이를 조사하고 집단분석을 통해 지역집단 간 특성조사를 실시하였다. Mitochondria DNA (mtDNA) 의 진화속도는 일반적으로 nuclear DNA (nDNA) 에 비해 빠르고 (Hillis *et al.*, 1996) 하나의 세포에 여러 copy의 mtDNA가 있으므로 세포

Received October 11, 2010; Revised November 1, 2010; Accepted November 11, 2010

Corresponding author: Kang, Jung-Ha

Tel: +82 (51) 720-2462 e-mail: kjh0124@nfrdi.go.kr

1225-3480/24365



Fig. 1. Locality of sampling of *Octopus minor*.

당 한 copy씩만 존재하는 핵 내의 DNA 보다 PCR을 이용하여 증폭하기가 용이하다. 또한 모계유전을 하므로 유전자 재조합이 일어나지 않아 종내 (intraspecific), 및 종간 (interspecific) 의 일련의 점진적인 변화를 관찰할 수 있어 (Zhu *et al.*, 1994) 분류군의 계통 유연관계를 밝히고 집단 유전적 다양성 분석에 이용된다. 특히 mitochondrial cytochrome c oxidase subunit I (CO1) 유전자는 어류를 포함한 많은 종에서 DNA barcode로서 종 판별 마커로 universal 하게 널리 사용되고 있다 (Ward *et al.*, 2005). 미토콘드리아 CO1 유전자의 전체 길이는 1,500 bp 내외이지만, 동물계의 DNA 바코드에는 이중 한 번의 분석으로 염기서열을 알 수 있고 충분한 종 식별 해상력을 갖고 있는 600 bp 내외만을 전략적으로 이용하는 경우가 대부분이다 (Hebert *et al.*, 2004).

본 연구는 우리나라 태안 (빨낙지), 무안 (세발낙지), 여수 (통발낙지), 제주 (돌낙지) 및 중국 대련 및 영성 집단 낙지를 대상으로 CO1 유전자의 일부 염기서열을 조사하고, 낙지와 같은 속 (genus) 에 있는 문어 (*O. dofleini*) 의 CO1 유전자 분석을 통해 종 간 및 종 내 유전적 변이를 비교 조사하였다.

재료 및 방법

1. 시료 확보 및 DNA 추출

우리나라 낙지 주산지인 무안을 중심으로 태안, 여수, 제주 등 4집단 및 중국 대련 및 영성 집단에서 낙지 시료를 확보하였다 (Fig. 1). 각 집단에서 각각 10개체를 대상으로 일부 조직을 추출하여 99.9% 에타놀에 보관하였다. DNA 추출을 위해 약 20mg 조직을 lysis buffer (MFX-2000, TOYOBO) 에 넣고 proteinase K 처리 후 Mag Extractor genome DNA purification kit (TOYOBO) 와 함께 자동 DNA 추출기 (Mag Extractor MFX-6100, TOYOBO) 를 이용하여 total genomic DNA를 추출하였다.

2. PCR 증폭 및 염기서열 분석

낙지 CO1 유전자 PCR 증폭을 위해 사용된 universal CO1 primer는 HCO2198 (5'-TAA ACT TCA GGG TGA CCA AAA AAT CA-3')와 LCO1490 (5'-GGT CAA CAA ATC ATA AAG ATA TTG G-3')를 사용하였다 (Folmer *et al.*, 1994). PCR 조성은 template DNA 3 μ l, forward primer와 reverse primer 각각 1 μ l (10pM μ l⁻¹), 10 X Taq PCR buffer 3 μ l, dNTP mixture (2.5 mM each) 2.4 μ l, Taq DNA polymerase (5 unit μ l⁻¹) 0.6 μ l를 넣고, 멸균된 증류수로 최종부피 30 μ l를 맞추었다. Thermocycler (PTC-220, BIO-RAD, USA) 를 이용한 PCR 증폭은 94 $^{\circ}$ C에서 10 min간 preincubation 한 후, 94 $^{\circ}$ C에서 1 min간 denaturation 하였으며, 51 $^{\circ}$ C에서 1 min간 primer annealing 하였다. 그 후 DNA extension는 72 $^{\circ}$ C에서 1 min 하여 총 35 cycles을 수행하였다. 모든 PCR 과정이 끝난 후 agarose gel 전기영동으로 증폭된 DNA의 크기를 확인하였다. PCR 산물은 QIA quick PCR purification kit (QIAGEN) 로 PCR amplicon을 정제한 후, 염기서열분석에 이용하였다. Prism Big Dye Terminator Cycle Sequencing kit를 이용하여 3130XL Genetic Analyzer (Applied Biosystems) 및 DNA sequencing analysis software (Applied Biosystems) 를 이용하여 염기서열을 분석하였다.

3. Data 분석

본 연구에서 얻어진 낙지 및 문어의 염기서열은 SeqMan software 프로그램 (DNASTAR Lasergene 8 package) 을 이용하여 sequence assembly하여 정렬하였고, MEGA 4 프로그램 (Tamura *et al.*, 2007) 에 의해 haplotype 분석 및 유전적 거리를 추정하였다.

결과 및 고찰

1. mtDNA CO1 염기서열 분석

PCR primer pair HCO2198와 LCO1490에 의해 예상된 약 620bp 크기를 agarose gel 전기영동으로 확인한 후 염기서열 분석에 이용하였다. 한국과 중국 각 집단에서 확보된 총 60개체의 낙지 CO1 염기서열을 비교하였을 때, 본 연구에서 사용된 다양한 명칭의 낙지 개체군간 유사도가 99%로 매우 높은 것으로 확인되었고 NCBI GenBank에 등록된 *Octopus minor* mtDNA CO1 염기서열 (AB430541) 과 비교한 결과 99% 상동성을 가지고 있었다. 또한 같은 속 (Genus) 으로 분류되는 문어 (*O. dofleini*) 와 낙지의 CO1 유전자는 81%의 상동성을 나타내었다. 분석된 partial CO1 유전자 염기서열에서 131, 334, 352, 382 및 401 위치에서 염기치환 (base

Haplotype A	C	CAAAAAATCAGAATAAATGTTGGTAT AAGAT TGGAATCTCCTCCTCCTTTGGGTCAAAGA	60
Haplotype B	C	CAAAAAATCAGAATAAATGTTGGTAT AAGAT TGGAATCTCCTCCTCCTTTGGGTCAAAGA	60
Haplotype C	C	CAAAAAATCAGAATAAATGTTGGTAT AAGAT TGGAATCTCCTCCTCCTTTGGGTCAAAGA	60
Haplotype D	C	CAAAAAATCAGAATAAATGTTGGTAT AAGAT TGGAATCTCCTCCTCCTTTGGGTCAAAGA	60
Haplotype E	C	CAAAAAATCAGAATAAATGTTGGTAT AAGAT TGGAATCTCCTCCTCCTTTGGGTCAAAGA	60
Haplotype F	C	CAAAAAATCAGAATAAATGTTGGTAT AAGAT TGGAATCTCCTCCTCCTTTGGGTCAAAGA	60

Haplotype A	A	AAGTAGTAT TAAAAATTCGATCAGTTAATAATATAGTAATAGCTCCAGCAAGAACAGGTA	120
Haplotype B	A	AAGTAGTAT TAAAAATTCGATCAGTTAATAATATAGTAATAGCTCCAGCAAGAACAGGTA	120
Haplotype C	A	AAGTAGTAT TAAAAATTCGATCAGTTAATAATATAGTAATAGCTCCAGCAAGAACAGGTA	120
Haplotype D	A	AAGTAGTAT TAAAAATTCGATCAGTTAATAATATAGTAATAGCTCCAGCAAGAACAGGTA	120
Haplotype E	A	AAGTAGTAT TAAAAATTCGATCAGTTAATAATATAGTAATAGCTCCAGCAAGAACAGGTA	120
Haplotype F	A	AAGTAGTAT TAAAAATTCGATCAGTTAATAATATAGTAATAGCTCCAGCAAGAACAGGTA	120

Haplotype A	A	GTGATAAAAGAGAGGATAGCTGTAATAAATACTGATCAAACAAAACAAAGGAGAGCGTT	180
Haplotype B	A	GTGATAAAAGAGAGGATAGCTGTAATAAATACTGATCAAACAAAACAAAGGAGAGCGTT	180
Haplotype C	A	GTGATAAAAGAGAGGATAGCTGTAATAAATACTGATCAAACAAAACAAAGGAGAGCGTT	180
Haplotype D	A	GTGATAAAAGAGAGGATAGCTGTAATAAATACTGATCAAACAAAACAAAGGAGAGCGTT	180
Haplotype E	A	GTGATAAAAGAGAGGATAGCTGTAATAAATACTGATCAAACAAAACAAAGGAGAGCGTT	180
Haplotype F	A	GTGATAAAAGAGAGGATAGCTGTAATAAATACTGATCAAACAAAACAAAGGAGAGCGTT	180

Haplotype A	A	CTATTGTATT CCTTCTCATCGTATATTGAT AATAGTAGTATGAAAGT TAATAGCTCCTA	240
Haplotype B	A	CTATTGTATT CCTTCTCATCGTATATTGAT AATAGTAGTATGAAAGT TAATAGCTCCTA	240
Haplotype C	A	CTATTGTATT CCTTCTCATCGTATATTGAT AATAGTAGTATGAAAGT TAATAGCTCCTA	240
Haplotype D	A	CTATTGTATT CCTTCTCATCGTATATTGAT AATAGTAGTATGAAAGT TAATAGCTCCTA	240
Haplotype E	A	CTATTGTATT CCTTCTCATCGTATATTGAT AATAGTAGTATGAAAGT TAATAGCTCCTA	240
Haplotype F	A	CTATTGTATT CCTTCTCATCGTATATTGAT AATAGTAGTATGAAAGT TAATAGCTCCTA	240

Haplotype A	A	AAATAGATGAAATTCCTGCTAAATGGAGTGAGAAAATTGCTAGGTCTACAGATGGTCCGTG	300
Haplotype B	A	AAATAGATGAAATTCCTGCTAAATGGAGTGAGAAAATTGCTAGGTCTACAGATGGTCCGTG	300
Haplotype C	A	AAATAGATGAAATTCCTGCTAAATGGAGTGAGAAAATTGCTAGGTCTACAGATGGTCCGTG	300
Haplotype D	A	AAATAGATGAAATTCCTGCTAAATGGAGTGAGAAAATTGCTAGGTCTACAGATGGTCCGTG	300
Haplotype E	A	AAATAGATGAAATTCCTGCTAAATGGAGTGAGAAAATTGCTAGGTCTACAGATGGTCCGTG	300
Haplotype F	A	AAATAGATGAAATTCCTGCTAAATGGAGTGAGAAAATTGCTAGGTCTACAGATGGTCCGTG	300

Haplotype A	A	TATGAGCGAGATTCTTGATAAAGGAGGATATACG GTT CAT CCTGTTCCTACT CCTCTTT	360
Haplotype B	A	TATGAGCGAGATTCTTGATAAAGGAGGATATACG GTT CAT CCTGTTCCTACT CCTCTTT	360
Haplotype C	A	TATGAGCGAGATTCTTGATAAAGGAGGATATACG GTT CAT CCTGTTCCTACT CCTCTTT	360
Haplotype D	A	TATGAGCGAGATTCTTGATAAAGGAGGATATACG GTT CAT CCTGTTCCTACT CCTCTTT	360
Haplotype E	A	TATGAGCGAGATTCTTGATAAAGGAGGATATACG GTT CAT CCTGTTCCTACT CCTCTTT	360
Haplotype F	A	TATGAGCGAGATTCTTGATAAAGGAGGATATACG GTT CAT CCTGTTCCTACT CCTCTTT	360

Haplotype A	A	CAACAGCTGCAGAGGT TAATAAT AAGGT TAGGGAAGGAGGAGAGAGTCAAATCTTATAT	420
Haplotype B	A	CAACAGCTGCAGAGGT TAATAAT AAGGT TAGGGAAGGAGGAGAGAGTCAAATCTTATAT	420
Haplotype C	A	CAACAGCTGCAGAGGT TAATAAT AAGGT TAGGGAAGGAGGAGAGAGTCAAATCTTATAT	420
Haplotype D	A	CAACAGCTGCAGAGGT TAATAAT AAGGT TAGGGAAGGAGGAGAGAGTCAAATCTTATAT	420
Haplotype E	A	CAACAGCTGCAGAGGT TAATAAT AAGGT TAGGGAAGGAGGAGAGAGTCAAATCTTATAT	420
Haplotype F	A	CAACAGCTGCAGAGGT TAATAAT AAGGT TAGGGAAGGAGGAGAGAGTCAAATCTTATAT	420

Haplotype A	A	TATTTATT CGGGGGAATGCTATATCTGGTGCACCTAATAT TAAAGGAACTAATCAAATTC	480
Haplotype B	A	TATTTATT CGGGGGAATGCTATATCTGGTGCACCTAATAT TAAAGGAACTAATCAAATTC	480
Haplotype C	A	TATTTATT CGGGGGAATGCTATATCTGGTGCACCTAATAT TAAAGGAACTAATCAAATTC	480
Haplotype D	A	TATTTATT CGGGGGAATGCTATATCTGGTGCACCTAATAT TAAAGGAACTAATCAAATTC	480
Haplotype E	A	TATTTATT CGGGGGAATGCTATATCTGGTGCACCTAATAT TAAAGGAACTAATCAAATTC	480
Haplotype F	A	TATTTATT CGGGGGAATGCTATATCTGGTGCACCTAATAT TAAAGGAACTAATCAAATTC	480

Haplotype A	A	CAAATCCTCCGAT TATAACAGGTATTACTAAAAAATAAT TATTACAAATGCATGTGCA	540
Haplotype B	A	CAAATCCTCCGAT TATAACAGGTATTACTAAAAAATAAT TATTACAAATGCATGTGCA	540
Haplotype C	A	CAAATCCTCCGAT TATAACAGGTATTACTAAAAAATAAT TATTACAAATGCATGTGCA	540
Haplotype D	A	CAAATCCTCCGAT TATAACAGGTATTACTAAAAAATAAT TATTACAAATGCATGTGCA	540
Haplotype E	A	CAAATCCTCCGAT TATAACAGGTATTACTAAAAAATAAT TATTACAAATGCATGTGCA	540
Haplotype F	A	CAAATCCTCCGAT TATAACAGGTATTACTAAAAAATAAT TATTACAAATGCATGTGCA	540

Haplotype A	A	GTACAAAT AACAT TATAAAGT TGATCAT CAT TGAGTAGTGAACCTGGT TGACCTAATTCA	600
Haplotype B	A	GTACAAAT AACAT TATAAAGT TGATCAT CAT TGAGTAGTGAACCTGGT TGACCTAATTCA	600
Haplotype C	A	GTACAAAT AACAT TATAAAGT TGATCAT CAT TGAGTAGTGAACCTGGT TGACCTAATTCA	600
Haplotype D	A	GTACAAAT AACAT TATAAAGT TGATCAT CAT TGAGTAGTGAACCTGGT TGACCTAATTCA	600
Haplotype E	A	GTACAAAT AACAT TATAAAGT TGATCAT CAT TGAGTAGTGAACCTGGT TGACCTAATTCA	600
Haplotype F	A	GTACAAAT AACAT TATAAAGT TGATCAT CAT TGAGTAGTGAACCTGGT TGACCTAATTCA	600

Haplotype A	A	GTACGAAT TATAATCTTAAAGAAGT	626
Haplotype B	A	GTACGAAT TATAATCTTAAAGAAGT	626
Haplotype C	A	GTACGAAT TATAATCTTAAAGAAGT	626
Haplotype D	A	GTACGAAT TATAATCTTAAAGAAGT	626
Haplotype E	A	GTACGAAT TATAATCTTAAAGAAGT	626
Haplotype F	A	GTACGAAT TATAATCTTAAAGAAGT	626

Fig. 2. DNA sequence alignment for a partial region of the mitochondrial CO1 gene in 6 haplotypes isolated from the *Octopus minor*.

Table 1. Frequencies of polymorphic sites detected in the sequenced partial mitochondrial CO1 gene through the populations

		131		334		352		382		401	
		A	G	A	G	T	C	A	G	A	G
Korea	Jeju	1	0	0	1	1	0	1	0	0	1
	Taeon	0	1	1	0	0	1	0	1	1	0
	Yesu	0.1	0.9	0.9	0.1	0.2	0.8	0.1	0.9	1	0
	Muan	0.1	0.9	0.9	0.1	0.1	0.9	0.1	0.9	1	0
China	Daeryen	0.2	0.8	0.8	0.2	0.2	0.8	0.4	0.6	1	0
	Youngsung	0.9	0.1	0.1	0.9	0.9	0.1	0.9	0.1	1	0

Table 2. Relative frequencies of mitochondrial DNA CO1 gene haplotypes through the populations

Haplotype		A	B	C	D	E	F
Korea	Jeju	1	0	0	0	0	0
	Taeon	0	0	1	0	0	0
	Yesu	0	0	0.7	0	0.2	0.1
	Muan	0	0	0.9	0.1	0	0
China	Daeryen	0	0.2	0.6	0.2	0	0
	Youngsung	0	0	0	0.9	0.1	0

substitution) 이 관찰되었고, 이들 변이는 모두 transition (A↔G, C↔T) 으로 transversion (A↔T, A↔C, C↔G, G↔T) 변이는 관찰되지 않았다 (Fig. 2.). 유전적 특성에 의해 다양한 종을 혼선 없이 명확히 식별하기 위해서는 종 동정에 활용되는 유전자의 종내 변이성이 종간 변이성에 비해 훨씬 낮은 특성을 가져야 한다 (Hebert *et al.*, 2003). 그렇지만 고등생물의 경우 미토콘드리아의 길이가 150 kb 이상으로 매우 길고 CO1을 비롯한 대부분의 단백질 합성 (coding) 유전자의 종간 변이성이 거의 없어 종 식별에 이용할 수 없는 경우도 있다 (Chase *et al.*, 2005). 본 연구에서는 5개의 염기치환 위치에서 각 집단 개체군별 변이를 조사한 결과, 국내 낙지집단은 제주를 제외한 대부분 (태안, 여수, 무안) 집단의 개체군에서의 allele 빈도는 유사하였으나, 제주 집단의 모든 개체 (N = 10) 는 유전적으로 동질하면서 다른 한국 집단의 개체군과는 완전히 다른 allele 분포를 가지고 있었다 (Table 1). 중국 낙지인 경우 대련 집단은 우리나라 태안, 여수, 무안 집단과 유사하였고, 영성 집단은 제주 집단과 유사하였다.

2. Haplotype 분석

미토콘드리아 CO1 유전자의 131, 334, 352, 382, 401 염기위치에서 염기치환에 의한 6종의 haplotype (A, B, C, D, E, F) 을 구분할 수 있었다. 제주를 제외한 대부분의 국내 낙지 개체군은 C haplotype으로, 태안 낙지 개체군인 경우 모든 개체가 (N = 10) C type, 여수 개체군에서의 C type 빈도 0.7, 무안 개체군에서는 0.9로 관찰되었으나, 제주 개체군인 경우 모든 개체 (N = 10) 가 A haplotype으로 다른 지역과 뚜렷한 차이를 나타내었다. 중국산 낙지 개체군인 경우 대

련지역 개체군은 C type 0.6, D type 0.2로 조사되었고, 영성 개체군은 D type이 0.9, E type 0.1로 분석되었다. 국내 낙지 집단에서 관찰된 haplotype 분포와는 많은 차이를 나타내는 것으로 분석되었다 (Table 2). 관찰된 6개 haplotype은 두 개의 cluster로 나누어지면서 우리나라 제주와 중국 영성 집단의 개체군에서 주로 관찰된 haplotype A와 haplotype D가 하나의 cluster를 형성하고, 무안, 태안, 여수 그리고 중국 대련 집단에서 주로 관찰되었던 haplotype B, C, E가 다른 하나의 cluster를 형성하고 있었다 (Fig. 3.).

3. 집단분석

동일 속 (Genus) 에 있는 문어 (*O. dofleini*) 를 기준으로 6지역의 낙지집단의 유연관계를 분석하였다 (Fig. 4.). 문어와 낙지의 유전적 거리는 0.2896로 추정되고, 낙지 집단은 2개의 group으로 구분되어 group A 인 경우 국내무안, 태안, 여수 그리고 중국 대련 집단이 포함되고, group B 인 경우는 국내 제주 집단과 중국 영성집단이 포함되었다. Group A에 속한 개체군 사이의 평균 유전적 거리는 0.0051로 매우 가까워 낙지 분류군내 유전적 차이는 크지 않은 것으로 추측된다. 한국 연안의 갯벌을 주 서식지로 하는 일명 세발낙지는 무안 (KMA) 과 태안 (KTA) 이 주 생산지이며 이들 집단은 CO1 유전자 분석에서 유전적 동질성을 발견할 수 있었다. 제주 (KJC) 의 암반주변을 서식지로 하는 일명 돌낙지인 경우 지역적 거리 및 장벽으로 인해 제한적인 gene flow로 설명될 수 있는 특이적 변이를 나타내고 있었다. Kim *et al.* (2009) 등은 16S rRNA 유전자를 이용하여 낙지집단의 유전학적 분석을 실시하였고 그 결과 남해 (남해, 여수, 무안, 진도), 서해

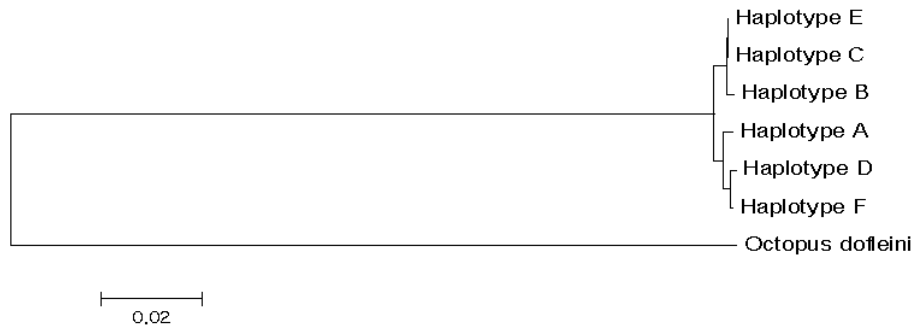


Fig. 3. Relationship of six haplotypes mitochondrial CO1 sequence in *Octopus minor*.

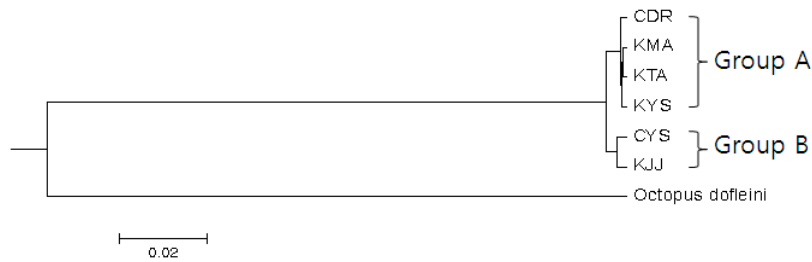


Fig. 4. Genetic relationship of *Octopus* populations in Korea and China.

(거문도, 서산) 그리고 중국 (산둥) 낙지 집단으로 구분됨을 보고하였다. 본 연구에서는 중국 영성 (CYS) 집단은 중국 대련 집단보다 한국 제주 집단과 유전적으로 가까운 것으로 분석되어, 중국 영성 집단에서 확보된 낙지의 서식지 및 생태가 제주 집단과 어떤 공통점이 있는지 확인할 필요가 있을 것으로 판단된다.

요 약

본 연구는 우리나라 무안, 태안, 여수, 제주 지역 및 중국 영성, 대련 지역의 낙지 개체군의 종 및 집단분석을 위해 미토콘드리아 CO1 유전자의 염기서열을 조사하였다. 유전자 분석은 총 60 개체로부터 6개의 haplotype이 조사되었다. 제주 개체군인 경우 모든 개체 (N = 10) 가 다른 집단에서는 관찰되지 않은 A haplotype으로 구성되어 있어 다른 지역과 뚜렷한 차이를 나타내었다. 이들 haplotype은 MEGA 4 분석에 의해 두 개의 clade로 나뉘어지는데 하나는 무안, 태안, 여수, 중국 대련집단이었고 다른 하나는 제주, 중국 영성집단으로 나뉘는 구조를 하고 있었다. 집단 간 유연관계 분석에서도 같은 현상이 관찰되었다. Group A에 속하는 무안, 태안, 여수, 대련 집단의 낙지 개체군은 group B (제주, 영성) 에 속하는 집단 개체군 보다 유전적 거리가 아주 가까웠다. 본 연구에서 사용한 CO1 universal primer는 종 판별 유전자 마커로서 낙지류

에서도 유용하게 활용될 수 있었으나 partial CO1 유전자 내의 변이가 많지 않기 때문에 집단분석에는 한계가 있으나, 지역적 거리 및 장벽 그리고 서식지 차이 등에서 오는 제한적 gene flow에 대한 논의는 가능할 것으로 판단된다.

사 사

본 연구는 국립수산물과학원 (RP-2010-BT-038) 지원에 의해 수행되었습니다.

REFERENCES

Chase M.W., Salamin N., Wikinson M., Dunwell J.M., Kesanakurthi R.P., Haidar N. & Savolainen V. (2005) Land plants and DNA barcodes: Short-term and Long-term goals. *Philosophical Transactions of the Royal Society Biological Sciences*, **360**: 1889-1895.

Folmer O., Black M., Lutz R. & Vrijenhoek R. (1994) DNA primers for amplification of mitochondrial cytochrome c oxidase subunit I from diverse metazoan invertebrates. *Molecular Marine Biology and Biotechnology*, **3**: 294-299.

Hebert P.D.N., Ratnasingham S. & Waard J.R. De (2003) Barcoding animal life: cytochrome c oxidase subunit I divergences among closely related species. *Philosophical Transactions of the Royal Society Biological Sciences*, **270**: 96-99.

Hebert P.D.N., Penton E.H., Burns J.M., Janzen D.H. &

Species Identification and Genetic Structure of *Octopus minor* from Korea and China on the Basis of Partial Sequences of Mitochondrial Cytochrome Oxidase I

- Hallwachs W. (2004) Ten species in one: DNA barcoding reveals cryptic species in the neotropical skipper butterfly *Astraptes fulgerator*. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, **101**: 14812-14817.
- Hillis D.M., Mabel B.K. & Moritz C. (1996) Application of molecular systematics: The state of the field and a look to the future. *Molecular Systematics*. Sinauer. Sunderland. 515-543.
- Kim J.I., Oh T.Y., Seo Y.I. & Cho E.S. (2009) Population genetic structure of *Octopus minor* Sasaki from Korea and China based on a partial sequencing of mitochondrial 16S rRNA. *Korean Journal of Life Science*, **19**: 711-719
- Roper C.F.E., Sweeney M.J. & Nauen C.E. (1984) Cephalopods of the World: An annotated and illustrated catalogue of species of interest to fisheries. *FAO. Fisheries Synopsis*, 125(3).
- Tamura K., Dudley J., Nei M. & Kumar S. (2007) MEGA4: Molecular evolutionary genetics analysis (MEGA) software version 4.0. *Molecular Biology and Evolution*, **24**: 1596-1599.
- Ward R.D., Zemlak T.S., Innes B.H., Last R.R. & Hebert P.D.H. (2005) DNA barcoding Australia's fish species. *Philosophical Transactions of the Royal Society Biological Sciences*, **360**: 1847-1857.
- Zhu D., Jamieson B.G.M., Huggall A. & Moritz C. (1994) Sequence evolution and phylogenetic signal in control region and cytochrome b sequences of rainbow fishes. *Molecular Biology and Evolution*, **11**: 672-683.