

## Mitogenomics and Arthropod Phylogeny 미토콘드리아 유전체학과 절지동물의 계통

황의욱 교수  
(경북대학교)

지구상에서 현존하는 가장 번성한 동물군 중의 하나인 곤충류(파리, 나비), 갑각류(게, 새우, 물벼룩), 협각류(거미, 전갈, 투구게), 다지류(지네, 노래기) 등을 포함하는 절지동물은 생물을 연구하는 학자들 뿐 아니라 일반인들에게도 가장 관심있는 분류군 중의 하나이다. 농업, 보건 위생, 약재, 식품, 관상용 등 다양한 분야에서 귀중한 자원이자 때로는 방제해야할 대상으로서 인간의 생활과 밀접한 관계를 맺고 있기 때문이다.

절지동물은 그 세대가 짧고 많은 수의 자손을 생산할 뿐만아니라 실험실에서의 사육이 가능한 경우가 많아 다양한 연구분야에서(유전학적, 발생학적인 연구 등) 인기있는 실험 동물로 쓰이고 있는 종이 많은데 그 중에서도 파리목에 속하는 곤충인 초파리(*Drosophila melanogaster*)는 우리에게 생물의 유전과 발생 과정에 관련한 많은 지식을 선사한 대표적인 실험동물이다. 예쁜꼬마선충(*Caenorhabditis elegans*)에 이어 동물에서는 두 번째로 1999년에 초파리의 전체 지놈의 염기서열이 밝혀진 것도 초파리의 중요성을 연구자들이 얼마나 크게 인식하고 있는가와 무관하지 않다.

이와같이 일상생활에서뿐만 아니라 생물학분야에서도 그 중요성이 큰 절지동물들임에도 불구하고 아직까지 주요 네 분류군들(곤충류, 갑각류, 협각류, 다지류)간의 계통유연관계가 명확히 밝혀지지 않았다. 심지어 이 네 분류군이 공통 조상을 공유하고 있는지의 여부조차도 불투명한 상태였다. 과거에 형태적 특성(입틀의 모양, 곤충의 호흡기인 기관의 유무 등)들을 근거로 하여 작성한 절지동물 주요 네 그룹간의 계통유연관계와 분자적인 자료들(DNA 염기서열, 미토콘드리아 DNA에 있는 유전자의 배열순서, 발생에 관여하는 *hox* 유전자 등)을 근거로 추정된 계통유연관계는 서로 매우 상이하여 학자들간에 심각한 대립과 갈등을 야기시켰다.

분자적인 자료들을 계통학에 이용하기 시작한 후 지난 10여년동안 이 문제는 학자들간에 뜨거운 논쟁을 불러일으켰고 이 문제를 해결하기 위한 여러 가지 노력들이 계속되어왔으나 어떠한 의견의 일치도 도출해 내지 못하고 있다. 기존의 형태적인 분류나 계통도에 따르면 두 부(head)의 구조와 기관(trachea)의 존재에 근거하여 곤충과 다지류(지네나 노래기 등)가 계통적으로 가깝고, 다시 이 들은 입의 구조상 큰턱(대악)을 가지고 있다는 특성에 근거하여 갑각류와 가까운 유연관계를 가지고 있다고 여겼다 - Mandibulata (대악아문). 마지막으로 거미, 전갈, 진드기, 투구게 등과 같이 협각을 가지고 있는 협각류는 절지동물에서 가장 원시적인

분류군으로서 여겨져 왔었다.

반면에 최근의 분자적인 자료(발생에 관여하는 유전자인 *hox gene*, 리보솜 RNA와 미토콘드리아 genome의 유전자 배열 순서 등)를 이용한 계통분석 결과는 곤충류와 갑각류가 근연한 관계를 보인다는 일관된 견해를 지지하였다. 나머지 다지류와 협각류와의 관계는 분석에 이용한 유전자나 분석 방법에 따라 매우 다양한 결과를 나타냈다. 이 문제를 해결하기 위하여 최근에 본 연구자는 절지동물의 주요 네 분류군의 미토콘드리아 유전체 전체를 비교 분석하였는데, 그 결과 곤충류와 갑각류, 그리고 협각류와 다지류들이 각각 근연관계에 있다고 하는 사실을 확인할 수 있었다. 하지만 여전히 지네/협각류의 근연관계는 논란이 되고 있으며 앞으로 좀더 많은 자료를 획득하고 이들의 세밀한 분석을 통하여 확인하고 검증해야할 부분이다.