SG - 2

어류 mitochondrial DNA의 분자계통학적 이용과 국내에서의 분류학적 적용 현황

김영자 • 김일찬[*] • 이세영[**] • 이완옥[***] • 이재성
한양대학교 대학원 환경과학과, [*]한양대학교 의과대학 생화학교실,
[**]한국민물고기과학관, [***]국립수산과학원 청평내수면연구소

기존의 계통분류는 비교해부학적 및 비교발생학적 방법에 의해 소수의 특징적인 기준형질만을 가지고 상위분류군간의 분류범주를 정하고, 종을 배정하였기 때문에 상당한 인위성이 개입되었고, 이렇게 주관적으로 정리하다 보면 종종 한개의 분류군에 대하여 서로 불일치하는 경우도 있다. 따라서 상위분류군들은 분류군을 구성하는 많은 구성원들이 나타내고 있는 형질의 집합체로서, 다양한 형질에 의해서 다루어져야 한다. 더우기 진화의 과정동안 엄청나게 분화되어 현서하는 종들의 다양성과 그들의 오래된 기원들은 현재 계통분류를 하는데 있어서 많은 논란을 야기시키고 있고 있기때문에 이러한 다양한 종들의 형태적 형질에 분자유전학적 형질들을 보충하여 종분화 및 계통을 좀 더 객관적으로 추적한다면, 결과를 도출하는데 소요되는 많은 시간을 절약할 수 있을 뿐만 아니라 높은 정확성을 기대할 수 있을것이다. 현재 활발히 연구되는 미토콘드리아 DNA를 이용한 분자계통분류학적 연구의 효율성이 부각되면서 여러 분류군을 대상으로 연구가 진행되고 있는데, 이와같이 미토콘드리아 DNA 염기서열분석을 통하여 유전적 상동성과 형태적 상동형질을 비교하여 공동조상을 유추할 수도 있고, 몇가지 모델 동물의 완전한 유전체정보가 알려지면 각 동물군에 특이한 유전자군의 팽창과 축소에 관한 정보를 수집함으로써 진화에 의한 유전체 분화메커니즘에 대한 많은 지식을 가질 수 있기 때문에 앞으로 미토콘드리아를 이용한 새로운 분자계통분류학적 연구는 그동안 풀리지 않았던 계통분류의 난점을 해소하는데 중요한 역할을 할 것으로 기대하는 바이다.