

A Molecular Phylogeny of the Heterochonchia (Mollusca: Bivalvia)

김재진 · 김세창
배재대학교 생물약학과

서론

연체동물의 각 강(class) 사이의 계통 유전학적 관계를 밝히려는 시도는 여러 연구자들에 의하여 수행되었는데, 1990년대 전반까지는 현서종과 화석종의 형태학적 특징을 근거로, 1990년대 후반부터는 분자생물학적 방법을 이용되기 시작하였다 (Adamkewicz *et al.*, 1997). 그러나 이들의 계통 유전학적 유연관계는 아직도 논란이 일고 있으며(Winnepennicks *et al.*, 1996), 안정적인 18S rRNA 염기서열을 바탕으로 한 연구가 대부분이며 28S rRNA를 이용한 연구는 미미한 실정이다. 따라서 본 연구는 한국에서 채집 가능한 이치 아강에 속하는 패류들의 계통 유전학적 관계를 알아보려고 일부 이매패류를 대상으로 28S rRNA 부분 염기서열을 조사 분석하였다.

재료 및 방법

이매패 강의 5개 아강 중 이치 아강 (Heterochonchia) 13종, 익형 아강 (Pteriomorphia) 3종, 고이치 아강 (Paleoheterodonta) 1 종 등 17종의 28S rRNA 부분 염기서열을 조사하였고, Genbank에 등록된 7종의 염기서열 자료 등 총 24종의 부분 염기서열을 분석하였다.

통상적인 방법으로 DNA를 추출하고 JSD3 (5'-ACCCGCTGAATTTAAG CAT-3'), D6U (5'-ACCGTCCTGCTGTCTATATC-3'), Biv-D (5'-CAAGTACCGTGAGGGAAA-3'), Biv-U (5'-TTTCCCTCACGGTACTTG-3') primer를 이용하여 PCR 증폭 산물을 얻은 후, CEQ2000 Dye Terminator Cycling Sequencer(Beckman Co.)를 사용하여 sequencing을 실시하였다.

조사된 염기서열을 CLUSTAL X 프로그램을 이용하여 align하고 PAUP 4.0 beta10 프로그램을 이용하여 maximum parsimony 분석과 bootstrap 값을 구하였다.

결과

1435개의 염기 서열을 align하고 maximum parsimony를 이용하여 얻은 2개의 tree 중 하나를 Fig. 1에 도시하였다.

고이치 아강을 outgroup으로 사용한 결과 익형 아강과 이치 아강은 잘 클러스터링 되었다.

이치 아강내의 상과(superfamily) 수준에서의 유연관계를 살펴보면 Tellinoidea와 나머지 상과에 속하는 조개류로 구분되었고, 다시 통합 상과 (family Dreissenoidea)에 속한 종들이 다른 백합 목의 조개류와 구분이 되었다. 백합 상과(superfamily Veneoidea)의 경우 두 개의 lineage를 갖고 있었다. 재첩 아과(superfamily Corbiculidae)의 경우는 *Pisidium*이 기존의 분류 체계와는 다른 양상을 보였다.

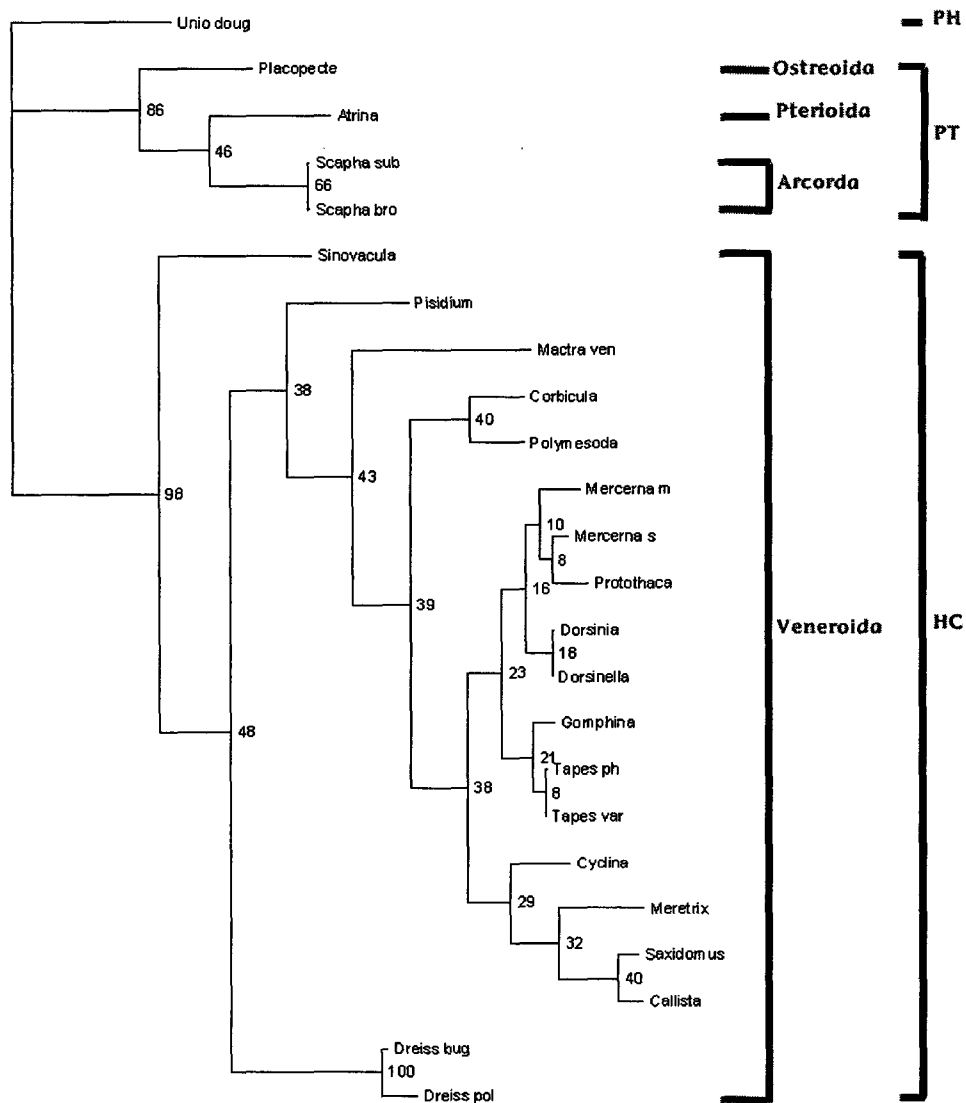


Fig. 1. Phylogenetic relationships among 24 bivalves. 19 Heteroconchia (HC), 4 Pteriomorphia (PT) and 1 Paleoheterodonta (PH) based on aligned 1435 bp of the 28S rRNA gene.

참고문헌

- Adamkewicz, S.L., M.G. Harsewych, J. Blake, D. Saudek and C.J. Bult 1997. A molecular phylogeny of the Bivalve Mollusks. *Mol. Biol. Evol.*, 14(6): 619-629.
- Winnepenninckz, B., T. Backlaju and R. DeWacher, 1996. Investigation of molluscan phylogeny on the basis of 18S rRNA sequences. *Mol. Biol. Evol.*, 13(10): 1306-1317.