

Aisozyme분석에 의한 민꽃게, *charybdis japonica* 및 민꽃게속 *Charybdis* 8종의 유전적 변이성

허윤성^a, 이복규^a, 혀만규^a 와타나베 세이치^b

^a동의대학교 분자생물학과

^b동경해양대학교 자원육성학과

아이소자임 유전적 표식에 의한 집단분석은 생물종의 재생산의 기본단위가 되는 멘델집단을 명확하게 파악 할 수 있는 방법 중에 하나이지만 아이소자임분석에 의한 각종 해산어류와 패류 등이 지금까지 생각 되어진 것보다도 높은 수준의 집단내, 집단간의 다양한 유전적 변이를 포함하고 있는 것이 밝혀졌다. 아이소자임 분석은 효소에 관계하고 있는 많은 유전자좌와 대립 유전자좌(변이)를 명확하게 표시되어지고, DNA분석과 아미노산 분석법이 진행됨과 동시에 분자형의 예비적, 기초적인 지식을 얻기 위해서 이행되어져 왔다.

본 연구에서는 우리나라 및 일본, 중국 해안지역에 널리 분포하고 있는 민꽃게집단과 민꽃게속 집단의 유전적 차이를 아이소자임 분석으로 규명하고 자원보존 및 유전적 구조를 밝히기 위하여 이행하였다.

재료 및 방법

재로는 1996년부터 2001년 사이에 토쿄(東京), 시즈오카(靜岡), 오카야마(岡山), 코지(高知), 구마모토(熊本) 일본의 5개 지역과 한국의 태안, 여수 2개 지역을 포함해서 총 7개 지역으로부터 민꽃게 331개체 그리고 민꽃게속의 7종의 계류 106개체를 수평식 전기영동법을 이용하여 AISozyme분석을 이행했다.

결과 및 고찰

11개효소 16유전자좌가 추정되어져, 그 중에서 AAT*, G3PDH*, GPI*, IDHP-1*, IDHP-2*, LDH*, MDH-1* 그리고 MDH-2*에서 유전자 치환이 보였다. 그러나 7개 지역으로 수집한 민꽃게 331개체에 있어서는 집단간 그리고 개체간의 유전적 변이는 나타나지 않았다. 또한 민꽃게와 민꽃게속 7종의 유전적 변이는 16개 유전자좌중 AAT*, G3PDH*, GPI*, IDHP-1*, IDHP-2*의 5개 유전자좌에서 종간에 변이에 의한 유전자 치환이 나타났다. 민꽃게와 민꽃게

속 7종의 계류의 유전적 거리는 0.065-0.359로서 민꽃게와 유전적 거리가 가장 가까운 종은 *Chrybdis annulata*였으며 가장 유전적으로 거리가 먼 종은 *C. miles*였다. 여기서 민꽃게와 다른 아속에 분류되어져 있는 *C. Gonionectunus* 아속의 *C. (Gonionectunus) bimaculata*가 민꽃게과 같은 아속에 분류되어져 있는 *C. feriata*, *C. natator*, *C. miles*, *C. lucifera*, *C. anisodon* 보다 더욱더 민꽃게와 근연한 종으로 밝혀져 형태분류와는 다른 결과가 나타났다.

*Corresponding author: tear91@hanmail.net