

BSPE99242-10658-3

동중국해 공통 산호집단의 기후변화 반응 연구

Molecular Responses to the Climate Change in
the East China Sea shared Coral

2014.02

한국해양과학기술원

제 출 문

한국해양과학기술원장 귀하

본 보고서를 “ 동중국해 공통 산호집단의 기후변화 반응 연구”과제의 (최종)보고서로 제출합니다.

2015. 2. 25.

총괄연구책임자 : 우 선 옥

참 여 연 구 원 : 염 승 식
이 애 경

보고서 초록

과제고유 번호	PE99242	해당단계 연구기간	2014.01.01.- 2014.12.31	단계 구분	
연구사업명	중사업명				
	세부사업명				
연구과제명	대과제명				
	세부과제명	동중국해 공통 산호집단의 기후변화 반응 연구			
연구책임자	우 선 옥	해당단계 참여연구원수	총 : 명 내부: 명 외부: 명	해당단계 연구비	정부: 천원 기업: 천원 계 : 천원
		총연구기간 참여연구원수	총 : 3 명 내부: 2 명 외부: 1 명	총 연구비	정부: 30,000천원 기업: 천원 계 : 천원
연구기관명 및 소속부서명	한국해양과학기술원 남해연구소		참여기업명		
국제공동연구					
위탁연구					
요약				보고서 면수	
<p>-산호종의 외부환경 스트레스에 대응하는 분자수준의 반응을 연구하기 위하여, 쿠로시오 난류 영향 내 동중국해 (한국-대만-일본) 공통종 개체군 선정</p> <p>-공통 산호종을 이용한 온도스트레스 실험 후 RNA 추출 방법 확립</p> <p>-공통 산호종 유전자 마이크로어레이를 이용한 온도 특이적 유전자 마커 탐색</p>					
색인어 (각 5개 이상)	한 글	산호, 스트레스반응, 유전자발현, 기후변화, 동중국해			
	영 어	coral, stress response, gene expression, climate change, East China Sea			

요 약 문

I. 제 목

동중국해 공통 산호집단의 기후변화 반응 연구

II. 연구개발의 목적 및 필요성

해양 및 해양생물을 포함한 분야의 연구는 어류나 해조류 등에서 증식 및 양식 연구에 국한되어 왔으며, 해양생물의 생체네트워크 기본구조와 그 특성, 대량의 생물학적 데이터에 근거한 다양한 환경에 대한 분자수준반응과 같은 접근방식은 적은 상태이다. 이에 해양환경 생태계 조기 진단 기술을 목표로 외부환경변화 특히 수온변화나 오염 등에 의한 산호종의 스트레스 대응 반응 탐색을 위해 주변 환경의 변화에 따라 발현특성이 달라지는 mRNA 특징을 이용한 연구가 필요하다. 또한 기후변화나 해양산성화와 같은 환경변화에 대해 해양생태계의 건강성을 평가하기 위하여, 산호종의 유전자발현에 대한 정량과 아울러 단백질 및 펩티드 발현 변화의 작용 규명을 목표로 기능유전체학, 화학유전체학, 프로테오믹스 같은 새로운 학문 분야가 기존의 생태학과 접목되면 해양생물의 생체 내 복잡한 영향과 기능을 이해하는데 절대적인 도움이 될 것이다.

III. 연구개발의 내용 및 범위

- 쿠로시오 난류 영향 내 동중국해 (한국-대만-일본) 공통종 개체군 선정
- 공통 산호종을 이용한 온도스트레스 실험 후 RNA 추출 방법 확립
- 공통 산호종 유전자 마이크로어레이를 이용한 온도변화 특이적 유전자 마커 탐색
- 공통 산호종 수온상승 대응 생체지표의 기능적 분류

IV. 연구개발결과

- 쿠로시오 난류 영향 내 동중국해 산호종의 채집
- 공통 산호종을 이용한 온도스트레스 실험 후 RNA 추출
- 동중국해 공통 산호종의 기후변화 대응 생체지표 발굴

V. 연구개발결과의 활용계획

- 쿠로시오 난류 영향 내 동중국해 산호초 생태계의 다양성 및 생물자원조사를 통해 전략 자원 확보 및 이용을 위한 미래전략 수립에 이용
- 쿠로시오 난류 영향 내 동중국해 산호초 환경연구에서 얻어진 해양과학기술 지식으로 생태계 연구 및 전 지구적 환경변화의 예측 및 관리방안 수립에 기여

SUMMARY

I. Title

Molecular Responses to the Climate Change in the East China Sea shared Coral

II. Purpose and Necessity

In the last decades, corals have been threatened by overfishing, urban and agricultural runoff and water pollution. Coral ecosystem is the home for over 1500 species of fish, 800 of reef-building corals, and millions of invertebrates, algae, and microbes. It is estimated over 8-9 millions undescribed, unknown, and unable to know marine species in the ocean, and majority of them are associated with coral reefs. The productivity of coral reefs are high that makes coral reefs critical to the survival of tropical marine ecosystems and hence of local people. The loss of coral reef biodiversity is further exacerbated by climate change, ocean acidification and other anthropogenic impacts. Due to the increasing need for coral conservation strategies, it is important to identify and deal with emerging environmental stress and coral diseases. However, many of the fundamental aspects of the coral holobiont-environment relationship remain poorly understood. This study purposed to get basic information about the relationship between bacterial communities and environmental conditions, using common coral species from different latitudes.

III. Content and Scope

- Information search of East China Sea shared coral species and its distribution
- East China Sea shared coral collection
- Exploring of thermal stress related genes in coral

IV. Results and Conclusions

- Coral collection and coral RNA extraction
- Coral microarray analysis
- Gene expression profiling

Keywords: coral, stress response, gene expression, climate change, East China Sea

C O N T E N T S

Chapter 1. Introduction	1
1. Background	1
2. Importance of the study	1
3. Objectives	3
4. Contents of study	3
Chapter 2. States of technical trends and outlook	5
1. Trends of study in Foreign country	5
2. Trends of study in Korea	5
Chapter 3. Research scheme and methods	8
1. Research scheme	8
2. Research methods	8
Chapter 4. Results of the study	9
1. Selection of East China Sea shared coral species	9
2. Transcriptional changes in coral exposed to thermal stress	10
3. List of marker genes in thermal stress response	14
4. Conclusion	21
Chapter 5. Achievements of objectives and application plans of the results	22
1. Achievements of objectives	22
2. Application plans of the results	22
Chapter 6. References	23

목 차

요약문	i
제1장 서론	1
1. 연구배경	1
2. 연구 중요성	1
3. 연구개발 목표	3
4. 연구내용	3
제2장 국내·외 관련 연구 동향	5
1. 국외 연구개발 동향	5
2. 국내 연구개발 동향	5
제3장 연구추진전략 및 방법	8
1. 연구 추진전략	8
2. 연구 방법	8
제4장 연구결과	9
1. 동중국해 공통종 개체군 선정	9
2. 온도상승에 노출된 산호에서의 전사변화	11
3. 온도상승 대응 마커 유전자 목록	15
4. 결론	22
제5장 연구개발목표 달성도 및 연구개발결과 활용계획	23
1. 연구개발목표 달성도	23
2. 연구결과 활용	23
제6장 참고문헌	25

그림 목차

그림 1. 쿠로시오난류 해역 대표적 공통산호종	3
그림 2. 동중국해역 (위)와 한국-대만 해역의 쿠로시오 난류 해수면 온도 및 산호초와 비산호초 군락의 분포도	7
그림 3. 쿠로시오난류 공통 산호종의 기후변화 대응 생물반응	8
그림 4. 분홍바다맨드라미 (<i>Scleronephthya gracillimum</i>)	9
그림 5. 쿠로시오 난류내 공동서식종인 분홍바다맨드라미 산호류의 채집 정 점 및 채집샘플	10
그림 6. 온도스트레스 실험	10
그림 7. 핵산추출결과 및 정량분석 및 젤 이미지	11
그림 8. 온도상승 조건에 노출된 연산호에서의 차등발현 유전자 프로파일링	12
그림 9. 온도상승에 노출된 산호에서의 발현 유전자들의 분류	15

표 목 차

표 1. 온도상승에 24시간 노출된 산호에서 발현 유전자의 기능 분류	13
표 2. 온도상승에 48시간 노출된 산호에서 공통 발현 유전자의 기능 분류	14
표 3. 온도상승 (28 ℃) 스트레스에 24시간동안 노출된 산호에서의 발현 증감한 유전자	15
표 4. 온도상승 (28 ℃) 스트레스에 48시간동안 노출된 산호에서의 발현이 증감한 유전자	19

제1장 서론

1. 연구배경

산호와 산호초들은 그들의 다양성 측면 및 인간 활동에 따른 감소 때문에 최우선적으로 보존해야 할 생물 가운데 하나이다. 산호생태계는 열대 우림과 견줄 만한 정도로 단위 면적당 서식하는 생물종의 수가 많고 다양성이 풍부하여 경제적으로나 생물학적으로 매우 중요하다. 그러나 급격한 지구 환경의 변화 및 인간 활동에 의해 산호생태계의 감소가 진행되고 있으며 이는 세계적인 문제가 되고 있다. 범지구적으로 진행되고 있는 기후변화, 즉, 해수온도의 상승 및 화학성분의 변화 그리고 연안의 난개발, 남획, 오염 등에 의해 산호생태계는 심각한 영향을 받고 있다. 인간 활동으로 생산되는 이산화탄소와 온실가스에 의한 기후변화는 산호생태계를 두 가지로 위협하고 있다. 첫째, 해수온도의 상승은 산호의 백화현상을 일으키고, 질병을 유발시킨다. 둘째, 대기의 이산화탄소 증가로 해수에 흡수되는 이산화탄소가 증가하고, 이에 따라 해수가 산성화된다. 이러한 산성화 현상은 산호의 골격 형성을 방해하고, 다른 해양생물들이 사용하는 탄산칼슘의 농도를 낮게 하여 산호초 뿐 아니라 다양한 해양생물들의 생존을 위협하는 요소로 작용하고 있다. 실제로 1880년도 해수의 이산화탄소 농도는 280 ppmv 이었으나 2000년도에는 367 ppmv 이었다고 한다. 이러한 추세를 감안하면 2050년도에는 463-623 ppmv가 될 것으로 추측된다. 이러한 증가는 해수상층의 탄산칼슘 농도를 30% 감소시킬 것이며 산호초의 골격 형성에 심각한 영향을 주게 될 것이다. 이에 따라 쿠로시오 난류의 영향을 크게 받고 있는 대만, 한국, 일본, 3국의 공통산호종의 환경스트레스에 따른 영향을 조기에 탐색할 수 있는 방법 및 미래예측을 위한 분자생물학적 수준의 연구 접근이 필요하였고, 본 연구는 환경스트레스 중 수온상승에 대하여 산호종의 분자수준의 반응을 탐구하고자 하였다.

2. 연구 중요성

- 산호류는 해양에서 중요한 생산자의 역할을 담당하며, 다른 해양생물들의 서식처로 이용되는 등 요람과 같은 역할을 하고 있으나, 기후변화로 인한 해수온 상승 및 산성화에 따라 종 다양성 및 개체군이 급격히 감소하며, 인간 간섭으로 인한 서식지 파괴가 급격히 진행 중에 있어 산호류를 보전하기 위한 생태적인 모니터링과 더불어 분자생물학적 수준에서의 연구 접근이 필요하다 (그림 1)
- 산호 개체군은 인접한 개체군 끼리 유생의 분산에 의해 연관되어 있는데, 이는 산호류의 보전을 위한 보호구역 설정 시에 보호구역의 위치, 크기, 보호구역 간 거리 설정 등을 최적화 하는데 매우 중요한 지표로 활용 될 수 있으며, 연관도는 분포상 및 개체군의 유전적 구조 조사를 통해서 판별할 수 있다 (1, 12)
- 한국, 대만 해역은 북서 태평양의 가장자리에 위치하며, 이들 해역의 해양생물의 분포 및 분산은 해류의 흐름에 영향을 받는다. 이 두 해역을 공통으로 통과하는 해류로는 쿠로시오 및 대만 난류가 있으며, 대한해협으로 들어오는 난류는 계절적으로 여름에는 대마 난류, 겨울에는

쿠로시오 난류의 영향을 받는다 (3, 11).

- 세계적으로 환경관련기술은 환경오염 처리기술에 주력해 왔으나, 최근 오염 예방 및 오염 사전 진단기술, 즉 오염물질이나 환경변화에 대한 생물의 반응에 기초한 환경 생태계 조기 진단 기술이 중요하게 부각되고 있다
- 환경변화에 대한 생태계의 건강도를 평가하기 위하여 기능유전체학, 대사체학, 환경독성유전체학 같은 새로운 학문 분야가 접목되어 생체 내 복잡한 영향과 기능을 이해하려는 노력이 시도되고 있다 (8, 18)
- 현재까지 우리나라의 생물공학, 유전공학 등의 연구 분야가 육상에 존재하는 생물, 특히 동물에 치중되어 있고, functional genomics/ proteomics 등의 post-genome 연구는 인간유전체의 완성 이후 더더욱 이미 구축된 육상동물의 유전정보를 중심으로만 편중되고 있다. 해양 및 해양생물을 포함한 분야의 연구는 어류나 해조류 등에서 식량 공급과 식용소재 개발에 관한 증식 및 양식 연구에 국한되어 왔으며, 해양생물의 생체네트워크 기본구조와 특성, 대량의 생물학적 데이터에 근거한 다양한 환경에 대한 반응과 같은 접근방식은 전무하다
- 동중국해내 한국, 대만 해역은 북서 태평양의 가장자리에 위치하며, 이들 해역의 해양생물의 분포 및 분산은 해류의 흐름에 크게 영향을 받는다. 이 두 해역을 공통으로 통과하는 해류로는 쿠로시오난류가 대표적이다 (그림 2)
- 쿠로시오 난류는 필리핀 남쪽 해역에서 기원하여 대만 해협을 거쳐 대한해협으로 들어오는 난류로 해당 해역에 서식하는 해양생물의 분포에 많은 영향을 주고, 특히 이러한 난류해역에 분포하는 산호생태계는 해양생물 서식처의 기반이 되며, 해조류와 어류 등 해양자원을 위한 생산자역할을 한다
- 이러한 생산자 역할을 하는 주요 생태계를 보전하고 환경변화에 대한 생물의 스트레스반응을 분자수준에서 체계적으로 연구하여 급격한 환경의 변화 또는 인간의 간섭에 의한 종 다양성 감소 및 서식처 파괴를 방지함으로써 국가 생물자원의 감소를 예방할 필요가 있다
- 실험실 조건에서 예견되는 환경오염에 대한 모의실험과 그에 따른 대상 생체지표들의 발현 분석을 통해 미래의 변화 또는 오염된 환경에서의 생물 반응을 유전자 수준에서 알아내고, 이를 토대로 미래 대비, 미래 지향적 연구 계획을 수립함으로써 선진국의 물질 특허 및 지적소유권 확보에 대비할 필요가 있다
- 산호류는 국제적으로 CITES에서 돌산호류과 해송류에 속하는 모든 종을 국제적 멸종위기종 II급으로 보호·관리되는 해양생물군으로 해양생태계의 기반을 조성하는 매우 중요한 분류군이다 (4)

○ 산호류는 자포동물로서 돌산호류와 연산호류로 구분된다. 열대 및 아열대 해역에서 산호초를 형성하는 산호종은 주로 돌산호류이며, 온대 해역에서 군락을 이루는 종은 주로 연산호류이다. 현재 기후변화 등 환경변화로 인해 온대해역인 우리나라 남해 및 제주연안에서 산호초를 형성하는 돌산호류가 증가하는 현상이 관찰되고 있다



그림 1. 쿠로시오난류 해역 대표적 공통산호종: 큰수지맨드라미 *Dendronephthya gigantea* (상좌), 분홍바다맨드라미 *Scleronephthya gracillimum* (상우), 금빛나팔돌산호 *Tubastraea coccinea* (하좌), 그물코돌산호 *Montipora trabeculata* (하우)

3. 연구개발 목표

본 연구의 최종 목표는 분자적 기법을 이용한 산호충류의 스트레스 반응을 탐구하는데 있으며, 급변하는 지구 환경에 의해 소실되어 가는 해양 생물 다양성을 회복하는데 있다. 이러한 최종 목표의 달성을 위해서, 첫째, 각기 다른 위도에서 적응한 공통 산호충류에서의 환경 스트레스 반응 유전자를 확보하고, 둘째, 기능적으로 분류된 유전자들을 체계적으로 목록화하며, 셋째, 특정 스트레스에 대한 유전자의 발현을 정성, 정량화하여 분자 마커를 개발하는데 있다.

4. 연구내용

- 쿠로시오 난류 영향 내 동중국해 (한국-대만-일본) 공통종 개체군 선정
- 공통 산호종을 이용한 온도스트레스 실험 후 RNA 추출
- 공통 산호종 유전자 마이크로어레이를 이용한 온도 특이적 유전자 마커 탐색
- 공통 산호종 수온상승 대응 생체지표의 기능적 분류
- 생존/적응/회피반응 그룹 생체지표의 발현 프로파일링

제2장 국내·외 관련 연구동향

1. 국외 연구개발 동향

○ 국외의 산호 연구는 1800년대부터 1900년대 중반까지는 주로 분류학적 연구, 1970년대 이후는 생태학적 연구, 1990년대 이후는 분자생물학적 연구가 진행되었으며, 2000년대에 들어와 환경 변화로 인해 종 다양성 감소 및 서식처 파괴로 인하여 보전 생물학적 연구가 진행되고 있다 (2, 6, 7, 12, 13, 15)

○ 미국, 일본, 오스트레일리아 및 필리핀, 태국, 인도네시아 등 남아시아 국가 등과 같이 산호초가 잘 형성된 나라에서는 오래전부터 산호초의 중요성을 인식하고, 종 분류에서부터 생태학적 모니터링까지 여러 각도에서 연구를 진행해 왔다

○ 최근에도 종 보존 및 복원에 필요시 되는 중간 및 종내 유전적 다양성에 대한 연구가 이루어진 바 있으며, 산호초를 형성하는 산호종을 분자생물학적으로 이해하고, 산호 군락의 보전 및 보호에 분자적 기초 자료를 제공할 목적으로 NHGRI에서는 산호 계놈 프로젝트를 시작하였다

○ 환경변화에 대한 생태계의 건강도를 평가하기 위하여 유전자발현에 대한 정량과 아울러 단백질 및 펩티드 발현 변화의 작용 규명을 위하여 기능유전체학, 화학유전체학, 프로테오믹스 같은 새로운 학문 분야가 접목되어 생체 내 복잡한 영향과 기능을 이해하려는 노력이 시도되고 있다

○ 해양생물다양성 보전연구를 위해 특히 호주 및 미국이 중심이 되어 산호질병 콘소시엄, 산호유전체학 및 대사체 등의 융합적 연구를 수행하고 있고, 인도네시아, 말레이시아, 남태평양 국가들의 국제적 협력 연구를 통해 산호 생태계 보전 및 복원 연구가 급속도로 확장되고 있다

○ 1992년 리우 데 자네이로에서 개최된 유엔환경개발회의에서 생물다양성협약이 채택됨에 따라 개별국가의 소유권을 인정하게 됐으며, 국가 간 생물자원 선점경쟁이 치열해지게 되었고, 세계 각국은 국가적인 중요자원으로서 생물자원의 확보와 이를 활용한 연구 및 생물산업 (신약개발, 신소재개발 등)의 육성에 많은 관심을 기울이고 있다

2. 국내 연구개발 동향

○ 해양생물 다양성 확보를 위해 2008년부터 산호류를 포함한 2,000여종의 해양생물 표본을 수집하고 산호자원은행과 같은 해양생물 자원은행 등의 연구사업을 진행하고 있다

○ 국내의 산호 연구는 1970년대 이후로 처음으로 시작되었으며, 분류학적 연구를 시작으로 계통·진화/ 공생·생활사/ 증식·보전 등의 다양한 연구가 진행되어 왔다 (9, 10, 14, 16, 17)

○ 또한, 국내에서는 제주연안연산호군락지가 천연기념물 제 442호 지정·관리되고 있으며, 감태 및 잘피 군락과 함께 3대 주요 연안 생태계를 형성하고 있다 (5)

○ 수중생태를 1m단위로 조사해 수심별로 서식하는 동·식물 종류와 개체 등을 담은 생태지도를 만들거나, 우리나라 주요 해양생물 60종, 200여 개체를 대상으로 수행한 해양동식물 유전자 바코드 사업을 진행 중에 있다

○ 최근 우리나라 해역에서 남방 아열대해역에 주로 서식하는 산호 및 멧게류가 대량 발생 및 관찰되고 있으며, 갯녹음 등 해양생태계변화가 가속화되고 있다. 또한 지구온난화에 따른 기후 변화로 남부해역 토속어종들의 서식지가 북부해역으로 이동하고 있으나 이에 관한 원인규명연구는 미흡하다

○ 아열대성 미세조류 및 열대성 어류들이 급증하는가 하면, 열대성 산호들이 증가하는 현상이 관찰되고 있으나 해양생태계 변화현상의 모니터링 관련 연구정도가 수행되고 있는 실정이다

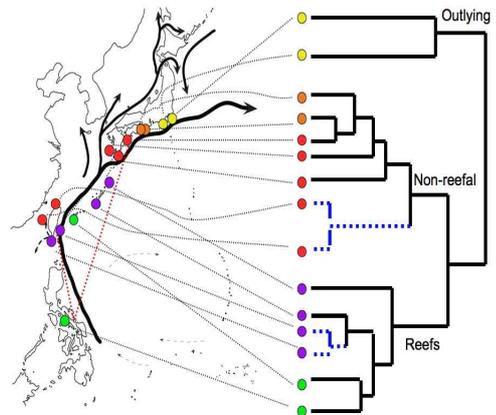
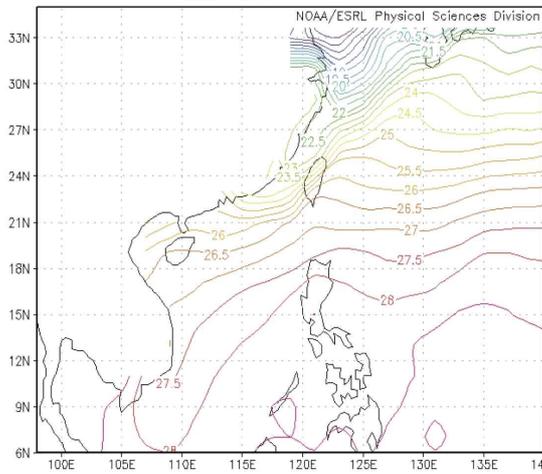


그림 2. 동중국해역 (위)와 한국-대만 해역의 쿠로시오 난류 해수면 온도(좌) 및 산호초와 비산호초 군락의 분포도(우)

제3장 연구추진전략 및 방법

1. 연구 추진전략

○ 쿠로시오 난류는 필리핀 동쪽 해안에서 발원하여 대만, 일본 해안을 거쳐 한국 해안에 영향을 주는 해류이다

○ 전 지구적인 기후변화에 의한 해수온 상승과 산성화가 가속화 되는 상황에서 쿠로시오 난류의 영향 하의 해역에 서식하는 산호류연구를 위해 한국, 대만, 일본 내 지역의 산호를 채집하여 비교하였다 (그림 3)

Kuroshio current link corals



그림 3. 쿠로시오난류 공통 산호종의 기후변화 대응 생물반응

2. 연구 방법

- 확립된 연산호 특이 RNA 추출법으로 고순도의 RNA를 분리 및 정제
- 기후변화 대응 특이 유전자 후보 대량 발굴
- 마이크로어레이 분석
- 공통 산호종 수온상승 대응 생체지표의 기능적 분류
- 수온상승 대응 생체지표의 한국-대만-일본 정점별 발현량 분석
- 생존/적응/회피반응 그룹 생체지표의 발현변화를 통한 기후변화대응 반응 해석

제4장 연구결과

1. 동중국해 공통종 개체군 선정



그림 4. 분홍바다맨드라미 (*Scleronephthya gracillimum*)

한국-대만-일본 공통종으로 분홍바다맨드라미 (*Scleronephthya gracillimum*)을 선정하여 3개국에 걸쳐 실험대상으로 사용할 샘플을 확보하였다. 각국당 2개의 정점을 선택하였고, 한국은 제주 두 지역 (문섬, 성산), 일본은 Kochi와 Wakayama, 그리고 대만은 Kenting과 Green island를 선택하였다. (그림 5)

분홍바다맨드라미 (*Scleronephthya gracillimum* Kükenthal, 1906)산호는 자포동물문, 산호충강, 해계두목, 곤봉바다맨드라미과, 바다맨드라미속에 속하고, 수심 15-20m에 서식한다. 돌산호류의 약 4분의 3이 선택하고 있는 체외수정, 즉 난자와 정자를 동시에 바닷물 속으로 방출하여 수정하는 방식으로 번식한다. 수정된 알은 쌀알모양의 플라눌라 유생으로 발생하고 유생은 바닷물 속을 떠다니다가 바위에 부착하여 폴립으로 변태한 후 성장한다.

공생조류가 없는 asymbiotic이며, 색은 물속에서 오렌지색 또는 분홍색을 띤다. 필리핀 북쪽부터 대만, 일본, 한국 등에 걸쳐 서식하는 것으로 보고되어 있다.

공생조류가 없는 특징은 마이크로어레이 실험에 중요한 요소로 작용하기 때문에, 본 연구에서는 쿠로시오난류 공통종으로 분홍바다맨드라미산호를 선택하였고, 이는 RNA분석에서 타 생물종의 핵산과 섞여 일어날 수 있는 데이터의 오류를 없애는데 큰 요소로 작용하였다.

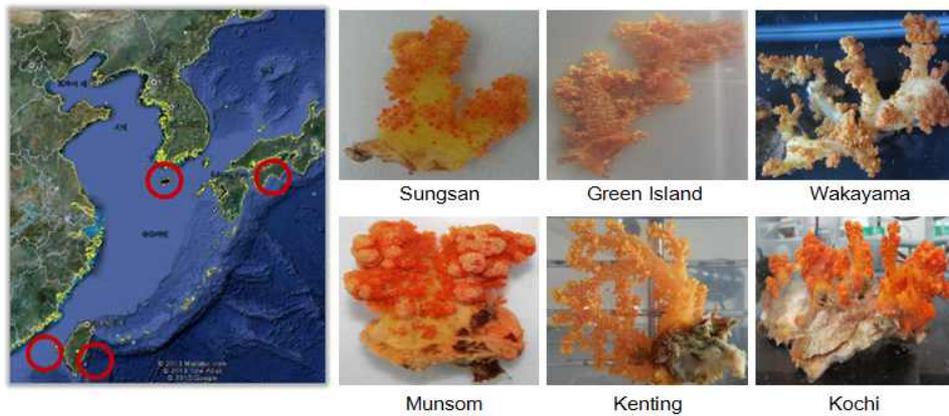


그림 5. 쿠로시오 난류내 공동서식종인 분홍바다맨드라미 산호류의 채집 정점 및 채집샘플



그림 6. 온도스트레스 실험

온도상승 실험을 위해 24도를 대조군으로 선정하고 각각 26, 28, 30도에 산호샘플을 24시간 방치하고, RNA를 추출하여 냉동보관 하였다. 그리고 분홍바다맨드라미를 이용한 온도변화실험 및 수조내 산호의 생존상태를 관찰하여 비교하였다. 총 순치시간은 채집 후 3일이었고, 실험실 수조에서 3일간의 순치상태를 거친 후 중량과 부피가 비슷한 개체를 골라 온도스트레스 실험에 사용하였다 (그림 6)

온도스트레스 실험은 온도조건 3가지와 시간조건 2가지를 복합적으로 실험하였으며, 0시간 노출된 산호군을 대조군으로 하여 24시간 노출군과 47시간 노출군의 RNA를 추출하여 각각 0시간 대조군 그룹과 마이크로어레이 실험에 투입되었다.

핵산추출 후 정량 및 정성적 분석을 통하여 마이크로어레이 실험에 투입될 수 있는지를 가려낸 후 다음순서로 진행하였다. (그림 7)

	Area	Concentration (ng/ μ l)
1	Sungsan	297.2
2	Munsom	580.4
3	Kenting	618.0
4	GI 2012.05	323.2
5	GI 2012.12	116.5
6	Wakayama	293.8
7	Tatsukushi	81.6

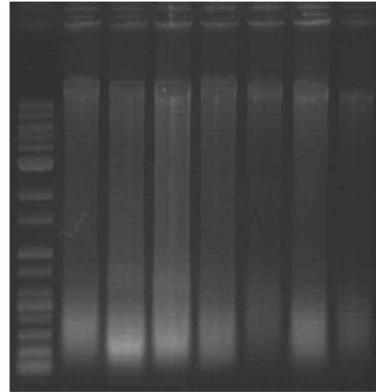


그림 7. 핵산추출결과 및 정량분석 및 젤 이미지

각각 유전자 발현량을 비교할 목적으로 농도와 상태를 분석하였고, 3개국에 걸친 산호류의 핵산 샘플이 모두 마이크로 어레이에 적합함을 입증하였다.

2. 온도상승에 노출된 산호에서의 전사변화

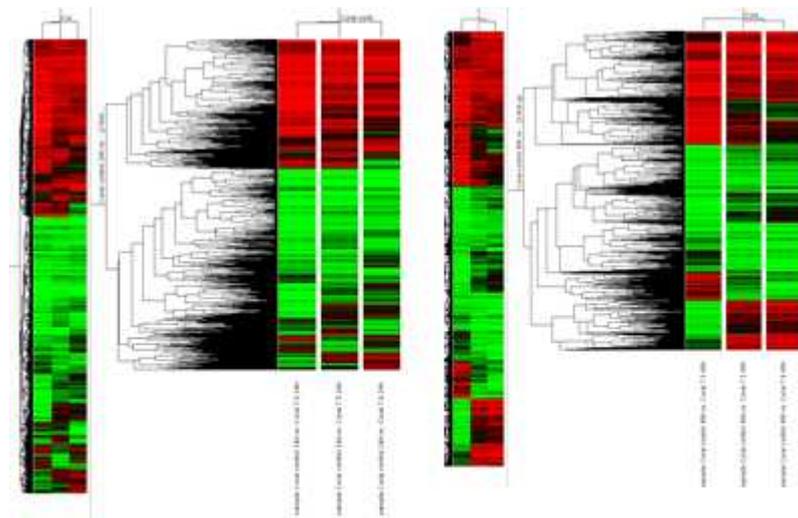
온도스트레스에 반응하여 발현변화를 가져온 유전자 마커, 온도상승과 노출시간변화 동시에 진행된 해수에 노출된 조건에 반응하여 발현 변화를 가져온 유전자 마커를 각각 분석하였다. 온도, 그리고 온도상승과 노출시간변화 동시 조건 모두에 노출하여 특히 발현을 보인 유전자 마커를 골라내어, 각각의 조건에서 공통적으로 특히 발현을 보인 유전자 마커를 선별하였다 (그림 8).

변화를 보인 유전자들을 골라내어 그들의 각각의 기능을 분류하였고 이는 크게, 4그룹으로 나누어, information storage and processing, cellular processes and signaling, metabolism 그리고 poorly characterized 로 분류하였다 (그림 9),

이는 다시 translation, RNA processing, transcription, chromatin structure 기능과, cell cycle, nuclear structure, defense mechanism, signal transduction, cell motility, cytoskeleton, extracellular structure, intracellular trafficking, posttranslational modification 기능, energy production and conversion, carbohydrate transport, amino acid transport, nucleotide transport, lipid transport, coenzyme transport, inorganic ion transport, secondary metabolite biosynthesis 기능으로 세분화되어 분류되었다.

각각의 유전자들중 기능을 분류할수 없거나 알려진 유전자의 기능이 없는 경우는 general fuction and prediction only, function unknown 그룹으로 분류하였다.

온도상승 스트레스에 노출된 산호에서 발현 변화를 가진 유전자들을 기능별로 분석하였다. (표 1, 표 2) 온도상승 (28°C) 과 시간을 기준으로 (24h, 48h) 각각을 분석한 결과 RNA processing and modification (A), Signal transduction mechanism (T) 기능을 가진 유전자들의 변화량이 가장 크게 나타났다.



DEG profiling of *S. gracillimum* exposed to various stress

그림 8. 온도상승 조건에 노출된 연산호에서의 차등발현 유전자 프로파일링

표 1. 온도상승에 24시간 노출된 산호에서 발현 유전자의 기능 분류

	KOG	26C - 24h		28C - 24h		30C - 24h	
		No	%	No	%	No	%
Information storage and processing	J	158	2.94	83	2.31	82	2.35
	A	584	10.88	437	12.17	415	11.91
	K	196	3.65	107	2.98	93	2.67
	L	86	1.60	32	0.89	33	0.95
	B	51	0.95	31	0.86	35	1.00
Cellular processes and signaling	D	186	3.46	133	3.70	109	3.13
	Y	16	0.30	12	0.33	15	0.43
	V	50	0.93	31	0.86	40	1.15
	T	735	13.69	493	13.73	487	13.97
	M	33	0.61	18	0.50	15	0.43
	N	17	0.32	7	0.19	9	0.26
	Z	314	5.85	219	6.10	201	5.77
	W	72	1.34	53	1.48	55	1.58
	U	260	4.84	168	4.68	173	4.96
	O	448	8.35	299	8.33	306	8.78
Metabolism	C	145	2.70	82	2.28	75	2.15
	G	114	2.12	59	1.64	58	1.66
	E	148	2.76	97	2.70	96	2.75
	F	50	0.93	32	0.89	34	0.98
	H	34	0.63	20	0.56	22	0.63
	I	307	5.72	211	5.88	213	6.11
	P	96	1.79	77	2.14	88	2.53
	Q	124	2.31	99	2.76	90	2.58
Poorly characterized	R	677	12.61	429	11.95	416	11.94
	S	467	8.70	361	10.06	325	9.33
Total		5368 (456)	100	3590 (293)	100	3485 (286)	100

표 2. 온도상승에 48시간 노출된 산호에서 공통 발현 유전자의 기능 분류

	KOG	26C - 48h		28C - 48h		30C - 48h	
		No	%	No	%	No	%
Information storage and processing	J	120	2.70	103	3.48	114	3.57
	A	488	11.00	387	13.06	413	12.95
	K	144	3.24	88	2.97	98	3.07
	L	45	1.01	28	0.94	45	1.41
	B	47	1.06	24	0.81	26	0.82
Cellular processes and signaling	D	150	3.38	95	3.21	108	3.39
	Y	13	0.29	10	0.34	15	0.47
	V	51	1.15	36	1.21	34	1.07
	T	650	14.65	395	13.33	411	12.88
	M	21	0.47	16	0.54	16	0.50
	N	15	0.34	7	0.24	8	0.25
	Z	254	5.72	150	5.06	156	4.89
	W	69	1.55	60	2.02	54	1.69
	U	190	4.28	115	3.88	120	3.76
	O	352	7.93	279	9.41	300	9.40
Metabolism	C	119	2.68	82	2.77	93	2.92
	G	88	1.98	51	1.72	48	1.50
	E	117	2.64	74	2.50	72	2.26
	F	34	0.77	25	0.84	26	0.82
	H	22	0.50	14	0.47	18	0.56
	I	268	6.04	180	6.07	202	6.33
	P	92	2.07	53	1.79	52	1.63
	Q	107	2.41	74	2.50	84	2.63
Poorly characterized	R	567	12.78	316	10.66	370	11.60
	S	415	9.35	302	10.19	312	9.78
	Total	4438 (363)	100	2964 (239)	100	3190 (265)	100

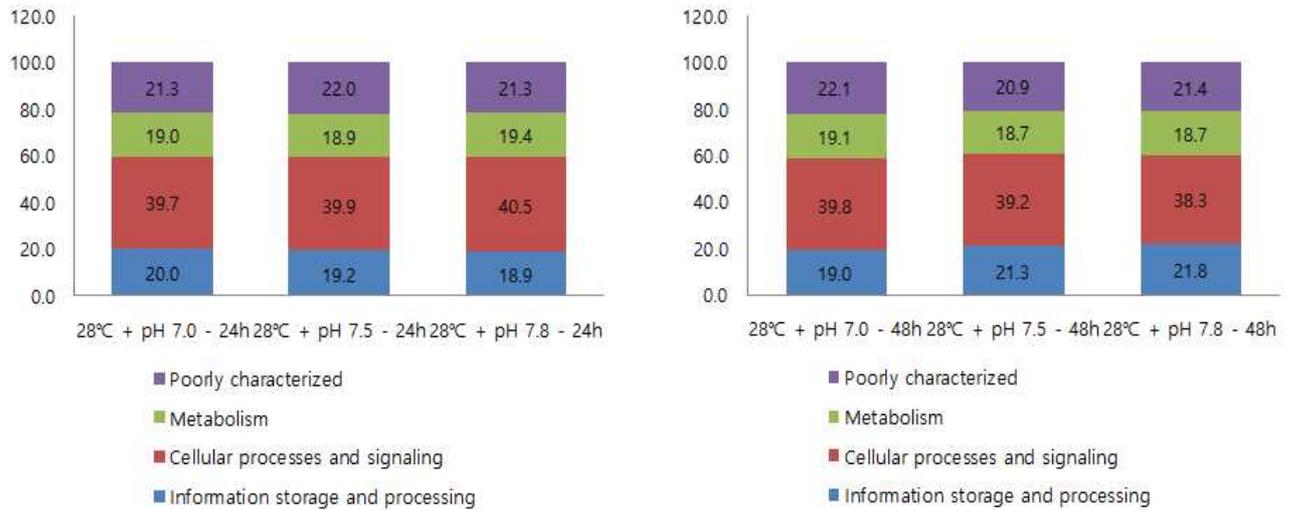


그림 9. 온도상승에 노출된 산호에서의 발현 유전자들의 분류

3. 온도상승 대응 마커유전자 목록

온도상승 조건 각각에 노출했던 산호 집단에서의 특이 발현 유전자를 선택적으로 선별하였다. 노출시간변화 24시간 및 48시간 각각에 노출했던 산호 집단과 두 가지 조건 모두에 노출된 산호 집단을 대조군과 비교하여 2배 이상 발현변화의 차이를 나타낸 유전자 마커를 골라 목록화 하였다. 24시간 노출시간 및 온도상승 스트레스 (26, 28, 30도)에 노출된 산호에서의 발현이 2배 이상 증가한 유전자 상위 50개, 발현이 2배 이상 감소한 유전자 상위 50개의 유전자 마커를 각각 선별하였다. (표 3)

그리고 48시간 노출시간 및 온도상승 스트레스 (26, 28, 30도)에 노출된 산호에서의 발현이 2배 이상 증가한 유전자 상위 50개, 발현이 2배 이상 감소한 유전자 상위 50개의 유전자 마커를 각각 선별하였다. (표 4)

표 3. 온도상승 스트레스에 24시간동안 노출된 산호에서의 발현 증감한 유전자

	Description	FC	KOG
1	Calpain small subunit 1 putative mRNA	1794.6	D
2	sll1483 precursor putative mRNA	581.2	s
3	Cytochrome c oxidase subunit VIb isoform 1 putative mRNA	372.7	O
4	Transcription factor PAX1/9	324.0	K
5	snRNA-associated Sm-like protein	297.7	A
6	Gamma-interferon-inducible lysosomal thiol reductase precursor putative mRNA	252.8	O
7	DNA-directedRNAPolymeraseIIIsubunit subunit RPC7-like putative mRNA	238.4	A

8	Mitogen-activated protein-binding protein-interacting protein putative mRNA	236.6	T
9	Suberites domuncula mRNA for dermatopontin (derm gene)	202.3	R
10	Fibrillins and related proteins containing Ca ²⁺ -binding EGF-like domains	184.9	T
11	Splicing factor, arginine/serine-rich 3 putative mRNA	170.4	A
12	Myosin light polypeptide 6 putative mRNA	145.0	Z
13	Glutathione S-transferase	100.7	O
14	Cynops pyrrhogaster RPE65 mRNA for retinal pigment epithelium abundant protein	93.7	T
15	Immunoglobulin C-2 Type/fibronectin type III domains	93.4	T
16	Aphanomyces euteiches cDNA	91.9	S
17	Inward rectifier K ⁺ channel	87.9	P
18	Ficolin and related extracellular proteins	77.5	R
19	60S ribosomal protein L22 putative mRNA	69.6	A
20	Vacuolar-sorting protein SNF8 putative mRNA Css39.8 (clona9 gene)	69.5	S
21	extracellular matrix-related protein, kinesin light chain-like protein, and CR1 retrotransposon endonuclease/reverse transcriptase genes; presenilin (PS) gene, exons 1 through 9	68.6	R
22	Lysophospholipase	67.0	I
23	Mitochondrial processing peptidase, alpha subunit	65.5	O
24	Vacuolar-sorting protein	65.1	U
25	Ca ²⁺ -dependent phospholipid-binding protein Synaptotagmin, required for synaptic vesicle and secretory granule exocytosis	60.8	TU
26	bZIP transcription factor NRF1	54.7	K
27	CWC15 homolog putative mRNA	53.5	S
28	Meprin A metalloprotease	50.5	O
29	Ferric reductase, NADH/NADPH oxidase and related proteins	48.9	PQ
30	Transcription factor OCT-1, contains POU and HOX domains	48.8	K
31	G protein-coupled receptor	46.9	T
32	Anguilla japonica relaxin 3c precursor (Rln3c) mRNA	45.9	S
33	39S ribosomal protein L41, mitochondrial precursor putative mRNA	45.9	A
34	Glutaredoxin and related proteins	44.9	O
35	Dynactin subunit 1 putative mRNA	43.6	T
36	Trypsin	40.5	E
37	Transcription factor zerknüllt and related HOX domain proteins	40.4	R
38	Cytokine-inducible SH2 protein	40.3	T
39	Ran-binding protein RANBP3	40.1	U

40	von Willebrand factor and related coagulation proteins	38.8	WV
41	Predicted E3 ubiquitin ligase	37.7	O
42	acyl-CoA delta-9 desaturase (npve gene)	35.8	I
43	Deoxycytidylate deaminase	35.4	F
44	precursor putative mRNA	34.3	R
45	Dynein light chain	34.1	N
46	Sulfate/bicarbonate/oxalate exchanger SAT-1 and related transporters (SLC26 family)	33.9	P
47	Nemopilema nomurai mRNA for lectin	33.3	S
48	Culex quinquefasciatus conserved hypothetical protein	32.6	S
49	Ras-related GTPase	31.8	R
50	60S ribosomal protein L7A	31.4	J
51	Novel protein containing IQ calmodulin-binding motif	-100.0	R
52	Transcription factor PAX1/9	-100.0	K
53	Polymerase delta-interacting protein PDIP1 and related proteins, contain BTB/POZ domain	-100.0	P
54	chromosome 2, complete sequence	-100.0	S
55	Tribolium castaneum actin related protein 1 (Arp1), transcript variant 2	-99.9	Z
56	Mlx interactors and related transcription factors	-88.6	K
57	Triglyceride lipase-cholesterol esterase	-85.2	I
58	RNA helicase nonsense mRNA reducing factor (pNORF1)	-79.0	A
59	Fenneropenaeus chinensis Kazal-type serine proteinase inhibitor 1 mRNA	-66.2	O
60	Vacuolar-sorting protein SNF8 putative mRNA Css39.8 (clona9 gene)	-66.0	S
61	Uncharacterized conserved protein HEN1/CORYMBOSA2	-63.3	S
62	Mitochondrial F1F0-ATP synthase, subunit c/ATP9/proteolipid	-54.6	C
63	NADH dehydrogenase, subunit 4	-52.3	C
64	SNAP-25 (synaptosome-associated protein) component of SNARE complex	-51.3	U
65	Lumbricus terrestris mRNA for SCBP2 protein	-50.0	S
66	Syllis nipponica 16S ribosomal RNA gene, partial sequence; mitochondrial	-49.8	A
67	chromosome 16, complete sequence	-46.8	S
68	Perinereis vancaurica tetradentata TnC gene for troponin C	-46.8	T
69	von Willebrand factor and related coagulation proteins	-43.1	WV
70	Cytokine-inducible SH2 protein	-40.7	T
71	Hirudo medicinalis intermediate filament filarin mRNA	-40.2	R
72	Malate dehydrogenase	-40.1	C

73	TPR and ankyrin repeat-containing protein 1-like	-38.1	O
74	Lumbricus terrestris mRNA for SCBP3 protein	-35.9	S
75	Serine/threonine protein phosphatase 2A, catalytic subunit	-35.7	T
76	Calreticulin	-35.3	O
77	Preprotein translocase, gamma subunit	-35.0	U
78	Translation elongation factor EF-1 alpha/Tu	-33.5	J
79	NADH-ubiquinone oxidoreductase, NUF57/PSST/20 kDa subunit	-33.2	C
80	Saldula arsenjevi mitochondrion, complete genome	-33.1	S
81	Cytochrome c oxidase, subunit IV/COX5b	-32.8	C
82	60s ribosomal protein L30 isolog	-32.6	J
83	RNA polymerase II transcription elongation factor Elongin/SIII, subunit elongin C	-31.4	K
84	40S ribosomal protein S3A	-31.0	J
85	Thymosin beta	-30.3	N
86	Cytochrome c oxidase, subunit I	-29.8	C
87	Danio rerio interferon regulatory factor 1 (irf1) Chromatin remodeling complex WSTF-ISWI, large subunit	-29.1	S
88	(contains heterochromatin localization, PHD and BROMO domains)	-28.9	B
89	Danio rerio thrombospondin-4-like	-28.2	O
90	40S ribosomal protein S29	-28.1	J
91	60s ribosomal protein L34	-28.1	J
92	S-adenosylhomocysteine hydrolase	-27.7	H
93	Creatine kinases	-27.6	C
94	Translation initiation factor 5A (eIF-5A)	-26.8	J
95	Adaptor protein Enigma and related PDZ-LIM proteins	-25.9	TZ
96	Discoidin domain receptor DDR1	-24.7	T
97	Ribosomal protein RPL1/RPL2/RL4L4	-24.5	A
98	Equus caballus similar to Rieske iron-sulfur protein (LOC100053634)	-24.4	R
99	Histones H3 and H4	-24.2	B
100	60s ribosomal protein L23	-23.1	J

표 4. 온도상승 스트레스에 48시간동안 노출된 산호에서의 발현 증감한 유전자

	Description	FC	KOG
1	sll1483 precursor putative mRNA	2558.2	S
2	Myosin light polypeptide 6 putative mRNA	386.1	Z
3	HMU24122 Hirudo medicinalis destabilase I mRNA	338.1	R
4	DNA-directedRNAPolymeraseIIIsubunit subunit RPC7-like putative mRNA	299.5	A
5	Transcription elongation factor 1 homolog putative mRNA	260.6	K
6	snRNA-associated Sm-like protein	257.6	A
7	Mitogen-activated protein-binding protein-interacting protein putative mRNA	192.9	T
8	Transcription factor PAX1/9	165.8	K
9	Fibrillins and related proteins containing Ca2+-binding EGF-like domains	130.5	T
10	Vacuolar-sorting protein SNF8 putative mRNA Css39.8 (clona9 gene)	103.2	S
11	Gelatinase A and related matrix metalloproteases	94.3	OW
12	Helicases	82.7	L
13	Calpain small subunit 1 putative mRNA	79.0	D
14	Meprin A metalloprotease	67.4	O
15	Carbon-nitrogen hydrolase	65.1	E
16	chromosome18predictedprotein(THAPS_11039)	63.5	S
17	Cytochrome c oxidase subunit VIb isoform 1 putative mRNA	62.6	O
18	Aphanomyces euteiches cDNA	59.6	S
19	TPR and ankyrin repeat-containing protein 1-like	57.5	O
20	60S ribosomal protein L22 putative mRNA	56.4	A
21	NADH dehydrogenase iron-sulfur protein 5 putative mRNA	51.6	C
22	LRR-containing protein	50.3	S
23	Serine/threonine protein phosphatase	50.3	T
24	TNF receptor-associated factor	47.4	T
25	Glutathione S-transferase	47.0	O
26	Mitochondrial processing peptidase, alpha subunit	45.4	O
27	Anti-apoptotic Bcl-2 family proteins, prevent opening of mitochondrial porin channel	42.2	T
28	Transcription factor OCT-1, contains POU and HOX domains	42.1	K
29	Cytochrome c	42.0	C
30	relaxin 3c precursor (Rln3c) mRNA	38.2	S
31	extracellular matrix-related protein, kinesin light chain-like protein, and CR1 retrotransposon endonuclease/reverse transcriptase genes; presenilin (PS) gene, exons 1 through 9	35.6	R
32	Ubiquitin fusion-degradation protein	34.4	O
33	Transcription factor zerknüllt and related HOX domain proteins	33.7	R

34	Ficolin and related extracellular proteins	32.7	R
35	retinal pigment epithelium abundant protein	31.7	T
36	C-C motif chemokine 28 precursor putative mRNA	30.9	Q
37	Cytokine-inducible SH2 protein	30.5	T
38	delta-9 desaturase (npve gene)	28.3	I
39	Dmc1 homolog (LOC100177038)	28.0	R
40	von Willebrand factor and related coagulation proteins	27.9	WV
41	Kazal-type serine protease inhibitor domain	26.4	R
42	Vacuolar-sorting protein	26.2	U
43	E1-9c, complete genome	26.1	S
44	Mitochondrial import inner membrane translocase subunit TIM14 putative mRNA	25.4	U
45	Fibroblast/platelet-derived growth factor receptor and related receptor tyrosine kinases	25.1	T
46	Uncharacterized conserved protein	24.5	S
47	Sulfate/bicarbonate/oxalate exchanger SAT-1 and related transporters (SLC26 family)	24.4	P
48	Immunoglobulin C-2 Type/fibronectin type III domains	22.8	T
49	Troponin T, fast skeletal muscle putative mRNA	22.6	N
50	Fumarase	22.2	C
51	RP23-348O19 on chromosome 2, complete sequence	-100.0	S
52	16S ribosomal RNA gene, partial sequence; mitochondrial	-100.0	A
53	40S ribosomal protein S11	-100.0	J
54	40S ribosomal protein S24	-100.0	J
55	40S ribosomal protein S29	-100.0	J
56	40S ribosomal protein S3A	-100.0	J
57	60S ribosomal protein L28	-100.0	J
58	60s ribosomal protein L34	-100.0	J
59	Ca ²⁺ /Mg ²⁺ -permeable cation channels (LTRPC family)	-100.0	PT
60	transferrin mRNA, partial cds	-100.0	P
61	NADH dehydrogenase, subunit 4	-100.0	C
62	Tribolium castaneum actin related protein 1 (Arp1), transcript variant 2	-100.0	Z
63	Ribosomal protein RPL1/RPL2/RL4L4	-99.5	A
64	60S ribosomal protein L30	-97.1	J
65	60s ribosomal protein L23	-90.8	J
66	Nattectin precursor putative mRNA	-78.6	R
67	40S ribosomal protein S2/30S ribosomal protein S5	-77.1	J
68	40S ribosomal protein S7	-62.0	J
69	Euperipatoides rowelli isolate Lec4 lectin mRNA	-60.7	R
70	Mannose-6-phosphate isomerase	-60.4	G

71	Translation elongation factor EF-1 alpha/Tu	-60.0	J
72	40s ribosomal protein S27	-59.6	J
73	Ubiquitin-like/40S ribosomal S30 protein fusion	-55.4	JO
74	Hirudo medicinalis intermediate filament filarin mRNA	-54.5	R
75	S-adenosylhomocysteine hydrolase	-53.5	H
76	60S ribosomal protein L11	-51.1	J
77	Glutamine synthetase	-50.6	E
78	Cytochrome c oxidase, subunit I	-44.6	C
79	MVZ236484 mitochondrion, complete genome	-43.4	S
80	40S ribosomal protein S15/S22	-42.8	J
81	Protein phosphatase 1, regulatory subunit, and related proteins	-42.6	T
82	mannan-binding lectin gene, exon 4 and complete cds	-42.2	R
83	ribosomal protein S8 (LOC100204649)	-42.0	A
84	norvegicus stefin A2 (Stfa2)	-41.5	R
85	60S ribosomal protein L36	-41.2	J
86	Mitochondrial/chloroplast ribosomal protein S11	-39.3	J
87	Mitochondrial ADP/ATP carrier proteins	-39.2	C
88	mitochondrion, complete genome	-39.1	S
89	60S ribosomal protein L18A	-38.6	J
90	Macaca mulatta c-type lectin domain family 4 member G-like (LOC704872), miscRNA	-37.6	R
91	thrombospondin-4-like (LOC100334686)	-37.4	O
92	Ran-binding protein RANBP3	-34.6	U
93	60S ribosomal protein L3 and related proteins	-33.5	J
94	DNA-binding transcription factor, interacts with stathmin	-33.5	KRT
95	40S ribosomal protein S3	-31.4	J
96	60S ribosomal protein L13a	-30.3	J
97	Fenneropenaeus chinensis Kazal-type serine proteinase inhibitor 1 mRNA	-29.5	O
98	Polycomb-like PHD Zn-finger protein	-29.3	R
99	Lumbricus terrestris mRNA for SCBP3 protein	-28.0	S
100	40S ribosomal protein S8	-28.0	J

온도스트레스에 반응하여 발현변화를 가져온 유전자 마커를 24시간 및 48시간 각각 분석하였다. 온도 조건 모두에 노출하여 특이 발현을 보인 유전자 마커를 골라내어, 각각의 온도 및 조건과 공통적으로 특이 발현을 보인 유전자 마커를 선별하였고, 그중에서 발현변화가 큰 순서에 기준하여 증가한 것과 감소한 것 각각 50개씩을 선별하였다.

발현증가를 가져온 마커 중에서도 온도의 증가분에 따라 또는 노출시간에 따라 다시 발현량을 분석한 경우, 공통적으로 발현량의 변화를 가져온 것 또는 각각의 노출시간정도 및 각

각의 온도변화에 의해 공통적인 유전자와 그렇지 않은 유전자로 나뉘를 볼 수 있었다.

4. 결론

각각의 스트레스에 대응하는 유전자들과 비교하여 기능적인 분석을 추가적으로 실시하여 같은 온도상승 정도라 하더라도 노출시간에 따라 연산호 집단에서 더 큰 영향을 미칠 수 있다는 것을 알게 되었다.

온도 및 노출시간에 대해서 공통적이지 않았던 유전자들의 기능을 분석해 보면 첫째, 노출시간의 심화도와 고온의 심화도에 따라 연산호 집단의 스트레스 반응에 영향을 미치는 정도가 다를 수 있다는 것과 둘째로, 온도스트레스에 대해 반응하는 기전 또는 적응하는 기전을 설명할 수 있는 방법을 제시 할 수 있을 것이다.

온도변화 대응 한국산 산호류의 유전자 발현 변화 프로파일링을 분석한 결과, 산호초를 형성하는 돌산호에서 뿐만 아니라 한국 남해 및 제주 근해 분포하고 있는 연산호종 또한 해양 온난화에 영향을 받고 이 영향이 타 환경변화와 함께 복합적으로 작용하였을 때에는 외부 스트레스에 대한 생체내 반응이 시너지화 됨을 알 수 있었다.

본 연구 결과를 통해 온도상승에 의해 반응하는 유전자 그룹의 발현량이 다르게 움직인다는 것이 발견되었고, 공통 유전자 그룹보다 각각의 스트레스에 의해 발현이 다르게 움직이는 유전자들이 더 많다는 것이 발견되었다.

전 지구적 생태계보전 및 생물다양성에 대한 지속가능한 발전방향을 논의할 때 산호를 포함한 해양생태계는 해양자원으로서 뿐만 아니라 인간을 포함한 다양한 생물들의 서식처로서 마땅히 보전되어야 할 생태계이므로 육상에서 일어나고 있는 많은 질병은 당연히 해양생태계 내 주요 것대중에서도 일어날 수 있고 이를 진단/탐색하는 연구는 미래예측을 위해 반드시 필요한 연구이다.

분자생물학적 산호 다양성 및 건강도 연구는 상대적으로 빈약한 무척추동물종의 유전자원 및 천연물자원 등을 위한 분자기반기술을 발달시킬 것이고, 열대해역 서식종들의 특이 기능적 유전자 및 단백질등의 생화학적 연구로까지 확장이 가능하도록 기여할 수 있을 것이다. 세계적으로 해양 생물자원의 보전 및 관리를 위한 지침 수립에 본 연구에서 목적하고 있는 기능유전체 및 분자생물학적 융합연구를 이용하고자 하는 시도가 이미 되고 있고, 앞으로 국내에서도 해양보호구역 설정 및 관리를 위한 지침 수립에 이용될 수 있는 기대치가 높으므로 이에 본 연구는 초기 환경변화관련 생태계 진단을 위한 사회적 규제 마련에 이용될 수 있고, 또한 새로운 산호자원 확보로 국가 생물자원의 증가될 수 있는 기대효과가 있다.

제5장. 연구개발목표 달성도 및 연구개발결과 활용계획

1. 연구개발목표 달성도

총 연구기간내 년차별 연구내용 대비 달성율(%)					
년차	연구성과	진척율		성취도 (정상, 부진)	특기사항 (우수성 및 부진사유)
		년차별 계획대비	총연구 기간대비		
1차년 (2014)	쿠로시오 난류 영향 내 동중국해 (한국-대만-일본) 공통종 개체군 선정	100	100	정상	
	공통 산호종 마이크로어레이를 이용한 온도 특이적 유전자 마커 탐색	100	100		
	공통 산호종 수온상승 대응 생체지표의 기능적 분류	100	100		

2. 연구결과 활용

산호류등 해양생물의 분자생물학적 연구 및 기술개발은 실현 가능성이 매우 높은 기술로서 급속한 환경변화 또는 환경오염에 따른 해양생태계의 위해성을 확인하고, 이에 따른 생태계의 파괴 및 생물종에 미치는 위험성 및 해양생물다양성등을 예측함으로써 자연환경을 안전하게 보전하는데 그 목적이 있으며 또한 미시적 관점에서는 이미 환경변화에 의해 영향받고 있는 생물체에 대한 영향을 정확히 평가함으로써 그 피해를 최소화 할 수 있는 방법을 강구하고 동시에 효과적으로 미래해양환경에 대한 관리를 꾀할 수 있는데 그 활용방안으로 가치가 높다.

이와 같은 정보는 정책 결정권자가 해양주요 생물종들에서의 질병 확대와 비용부담, 그리고 적절한 조치를 취했을 때 기대할 수 있는 이점을 결정하는데 보다 더 잘 이용할 수 있으며, 해양생태계 내 주요 생물종의 건강성 평가를 위해 지속 가능한 자연 생태계 관리 측면에서 공공기반 기술로 활용할 수 있을 것이다. 또한 아래와 같은 효과를 기대할 수 있을 것이다.

- DNA microarray와 같은 on-chip tool을 이용한 환경오염 진단 기반기술의 확립
- 환경오염 특이 유전자의 발굴 기술 축적
- 이 기술은 다른 요인에 대한 특이 유전자의 발굴에도 이용되어 의료, 제약, 식품 관련 연구에도 적용 가능
- 보전 생물학의 새로운 패러다임을 제공
- 본 연구에 의해 유전자를 이용한 생태계 주요 생물의 건강도 평가법이 제시되면, 생태계 주요 생물의 상태를 파악하여 전체 생태계의 건강을 파악하는 새로운 패러다임이 제공될 것임

- 생물의 생리적 손상이 확인되기 이전에 나타나는 유전자의 발현 변화를 탐지함으로써, 환경변화의 원인을 조기에 진단하는 기법을 제시
- 생물이 특정 스트레스를 극복하기 위해 일어나는 생리적 변화의 분자 메커니즘을 이해하는데 기초 자료로 이용

제6장 참고문헌

- (1) Almany GR, Connolly SR, Heath DD, Hogan JD, Jones GP, McCook LJ, Mills M, Pressey RL, Williamson DH, 2009. Connectivity, biodiversity conservation and the design of marine reserve networks for coral reefs. *Coral Reefs* 28: 339-351.
- (2) Benayahu Y, Loya Y. 1986. Sexual reproduction of a soft coral: synchronous and brief annual spawning of *Sarcophyton glaucum* (Quoy & Gaimard, 1833). *Biol. Bull.* 170: 32-42.
- (3) Cho YK, Seo GH, Choi BJ, Kim S, Kim YK, Youn YH, Dever EP, 2009. Connectivity among straits of the northwest Pacific marginal seas. *J. Geophys. Res.* 114: C06018.
- (4) CITES: convention on international trade in endangered species of wild fauna and flora [Internet]. 2001. third eds. Switzerland, UNEP; [cited 2011 Apr 21]. available from: <http://www.cites.org/>.
- (5) Cultural Heritage Administration of Korea [Internet]. 1996. Korea, Cultural Heritage Administration; [cited 2011 Apr 21]. available from: <http://www.cha.go.kr/>.
- (6) Daly M, Brugler MR, Cartwright P, Collins AG, Dawson MN, Fautin DG, France SC, McFadden CS, Opresko DM, Rodriguez E, Romano SL, Stake JL. 2007. The phylum Cnidaria: a review of phylogenetic patterns and diversity 300 years after Linnaeus. *Zootaxa* 1668: 127-182.
- (7) Grigg RW. 1977. Population dynamics of two gorgonian corals. *Ecology* 58: 278-290.
- (8) Halliwell B, Cross CE, 1994. Oxygen-derived species: their relation to human disease and environmental stress. *Environ. Health Perspect.* 10: 5-12.
- (9) Hwang S-J, Song J-I. 2007. Reproductive biology and larval development of the temperate soft *Dendronephthya gigantea* (Alcyonacea: Nephtheidae). *Mar. Biol.* 152: 273-284.
- (10) Kim B, Kong S-R, Song J-I, Won Y-J. 2008. Molecular phylogeny and divergence time estimation of the soft coral *Dendronephthya gigantea* (Alcyonacea: Nephtheidae). *Korean J. Syst. Zool.* 24(3): 327-332.
- (11) Lie HJ, Cho CH, 2002. Recent advances in understanding the circulation and hydrography of the East China Sea. *Fish. Oceanogr.* 11(6): 318-328.
- (12) McCook LJ, Almany GR, Berumen ML, Day JC, Green AL, Jones GP, Leis JM, Planes S, Russ GR, Sale PE, Thorrold SR, 2009. Management under uncertainty: guid-lines for incorporating connectivity into the protection of coral reefs. *Coral Reefs* 28: 353-366.
- (13) Pont-Kingdon GA, Okada NA, Macfarlane JL, Beagley CT, Wolstenholme DR, Cavalier-Smith T, Clark-Walker D. 1995. A coral mitochondrial mutS gene. *Nature* 375:

109-111.

- (14) Rodriguez-Lanetty M, Chang S-J, Song J-I. 2003. Specific of two temperate dinoflagellate-anthozoan associations from the north-western Pacific Ocean. *Mar. Biol.* 143: 1193-1199.
- (15) Shearer TL, Van Oppen MJ, Romano SL, Worheide G. 2002. Slow mitochondrial DNA sequence evolution in the Anthozoa (Cnidaria). *Mol. Ecol.* 11(12): 2475-2487.
- (16) Song, JI. 2004. Illustrated encyclopedia of fauna and flora of Korea. Vol. 39 Anthozoa. *Ministry of Education & Human Resources*, Seoul, Korea, 1-643.
- (17) Won JH, Rho BJ, Song J-I. 2001. A phylogenic study of the Anthozoa (phylum Cnidaria) based on morphological and molecular characters. *Coral Reefs* 20: 39-50.
- (18) Woo S, Jeon HY, Lee J, Song JI, Park HS, Yum S. 2010. Isolation of hyperthermal stress responsive genes in soft coral (*Scleronephthya gracillimum*). *Mol. Cell. Toxicol.* 6:387-393.