

BSPE99962-12876-3

2022.1

마이크로 기생충 감염이 섬모충 플랑크톤  
개체군에 미치는 영향

[www.kiost.ac.kr](http://www.kiost.ac.kr)

Effect on ciliate plankton population of micro-parasite infection

## 제 출 문

한국해양과학기술원장 귀하

본 보고서를 “마이크로 기생충 감염이 섬모충 플랑크톤 개체군에 미치는 영향”  
과제의 보고서로 제출합니다.

2022년 1월 18일

연구책임자 : 김영옥

참여연구원 : 박범수

최정민

김세희

## 요약문

<p><b>연구목표</b></p>	<p>○ 외편모조류 기생충(<i>Euduboscquella</i>)의 섬모충 숙주(<i>Helicostomella</i>) 세포내 생활사 특성 기반 기생충의 감염능 탐색</p>					
<p><b>연구내용</b></p>	<p>○ 기생성 외편모조류(<i>Euduboscquella</i>)에 의한 섬모충플랑크톤(<i>Helicostomella</i>) 감염 개체군 탐색</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- 기생충 유전자 특성 및 감염의 숙주 특이성 분석</li> <li>- 기생충 감염에 의한 섬모충 숙주개체군 사멸 규모 해석</li> <li>- 기생충 감염과 수환경 특성의 관계 분석</li> </ul> <p>○ 기생성 외편모조류의 숙주 특이 생활사 탐색</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- 기생충 세포 성숙과정과 형태적 변화 분석</li> <li>- 숙주생물 세포내 형태적 변화 분석</li> <li>- 모기생충에서 딸기생충으로 세대 전환 정량적 분석</li> </ul>					
<p><b>예상 연구성과</b></p>	<p>○ Target 성과물 : &gt; 80 mrnIF, SCI 논문 출간</p> <p>○ 섬모충 감염 외편모조류 기생충 신종 발굴</p> <p>○ 기생충과 감염 숙주 영구표본 확보 및 목록 DB</p> <p>○ 해양 마이크로기생충 공간분포도</p>					
<p><b>종료후 활용계획</b></p>	<p>○ 해양 마이크로 기생충 탐색의 기술적 개선 방안 제시</p> <p>○ 해양기생충 감염에 의한 해양생산성의 저하 대응 위한 미래연구전략 도출</p> <p>○ 국내 해양영역에서 미흡한 기생충연구의 학술적 관심 유도</p>					
<p><b>키워드</b></p>	<p>해양기생충</p>		<p>섬모충플랑크톤</p>		<p>기생성 외편모조류</p>	
	<p>부유생태계</p>		<p>숙주생물</p>		<p>해양 병원체</p>	
<p><b>관련과제 국내 전문가 3명이상 제시</b></p>	<p>소속</p>	<p>이름</p>	<p>대학(박사)</p>	<p>전공</p>	<p>연락처</p>	<p>비고</p>
	<p>부경대학교</p>	<p>김선주</p>	<p>조교수</p>	<p>원생생물학</p>	<p>010-2575-0721</p>	
	<p>전남대학교</p>	<p>박명길</p>	<p>교수</p>	<p>해양생물학</p>	<p>010-6612-9034</p>	
	<p>강릉원주대학교</p>	<p>정재호</p>	<p>조교수</p>	<p>생물학</p>	<p>010-9770-1316</p>	

## <차례>

요약문 .....	1
I. 과제 개요 .....	4
II. 추진전략 및 수행 적절성 .....	7
1. 계획대비 연구 수행의 적절성 .....	7
2. 연구개발 성과의 달성도 및 우수성 .....	9
III. 연구결과 .....	10
1. 기생 와편모조류(Parasitic dinoflagellates: PD, <i>Euduboscuela</i> ) 탐색 기술 개발 .....	10
1-1. PD 표적기생충 단일 배양체 확보 .....	10
1-2. PD 마이크로 기생충 형태적 검증과 유전자 정보 분석 .....	12
1-3. PD 성장단계 및 숙주내 생활사 추적 .....	16
2. 숙주 섬모충(Host ciliates: HC, <i>Helicostomella</i> ) 개체군 동태 영향 평가 .....	18
2-1. HC 집중 모니터링 최적 설계 .....	18
2-2. HC 숙주 특이적 감염 분석 .....	20
2-3. HC 개체군 동태와 감염 영향력 분석 .....	22
3. 마이크로 기생충(micro parasite: MP) 감염 환경 추출 .....	24
3-1. MP 시공분포 분석 및 환경인자 추출 .....	24
3-2. MP 공간분포도 제작 및 hot spot 추출 .....	26
IV. 연구 우수성과 및 의의 .....	27
1. 대표적 우수성과 .....	27
2. 결과의 활용 가능성 및 파급효과 .....	28
3. 연구성과의 의의 .....	28
V. 참고문헌 .....	29

## <표 및 그림 차례>

표 1-1. 마이크로 기생충 <i>Euduboscquella</i> 종내 pairwise p-distance (%) .....	13
그림 1-1. 해양생태계 내 플랑크톤을 감염시키는 마이크로 기생충 .....	10
그림 1-2. 표적 기생성 마이크로 기생충 탐색 조사 정점 .....	11
그림 1-3. 마이크로 기생충 분리 및 단배양체 확보 프로세스 .....	11
그림 1-4. 마이크로 기생충 <i>E. triangula</i> 의 형태학적 특성 .....	12
그림 1-5. SSU rDNA 기반 <i>Euduboscquella</i> 와 근연 와편모조류 분자계통수 .....	14
그림 1-6. <i>Euduboscquella</i> group I의 ITS2 RNA 2차구조 비교 .....	15
그림 1-7. 마이크로 기생충 <i>E. triangula</i> 감염 생활사 실시간 관찰 .....	16
그림 1-8. 프로타골 염색법을 통한 <i>E. triangula</i> 생활사별 발달과정 .....	17
그림 2-1. 남해역 <i>Helicostomella</i> 발생 기반 학습자료 .....	18
그림 2-2. ARIMA 모형 시계열 추세 분석을 통한 <i>Helicostomella</i> 대발생시기 예측결과 .....	19
그림 2-3. 감염된 숙주 <i>H. longa</i> 내 기생충 유전자 분석결과 .....	21
그림 2-4. 마이크로 기생충 <i>E. triangula</i> 의 숙주 <i>H. longa</i> 외 비특이적 감염 가능성 진단 .....	21
그림 2-5. 수환경 변화에 따른 숙주 <i>H. longa</i> 개체군 동태 .....	22
그림 2-6. 숙주 <i>H. longa</i> 의 감염률 양상에 따른 개체군 동태 변화 .....	23
그림 3-1. 마이크로 기생충 광역 분포 조사 정점도 .....	24
그림 3-2. 광역조사 정점 수환경과 감염 발생 환경요인 추출결과 .....	25
그림 3-3. 마이크로 기생충 계절별 발생현황과 집중발생 수역 공간분포도 .....	26

# I 과제 개요

## 1. 연구개발의 목표 및 내용

### 가. 연구개발의 목표 및 최근 연구동향

#### (1) 최종목표

- 해양 마이크로 기생충 (기생성 외편모조류, *Euduboscuela*)의 세포 발달과정 탐색
  - 숙주세포내 기생충 성장과정 연속 모니터링 및 형태전환 추적
- 기생성 외편모조류 감염에 의한 섬모충플랑크톤(*Helicostomella*) 숙주개체군의 동태 탐색
  - 기생충 감염율과 숙주생물의 사멸율 기반 섬모충플랑크톤 개체군 변동 해석

#### (2) 연구원의 비전 및 기능, 중기전략계획 등과의 연계성

##### 해양과기원 기관고유미션 및 연구성과계획서와의 연계성

- 기관 R&R에 포함된 전략목표 1의 '해양기후변화 감시·예측으로 해양환경·생태계 위기 선제 대응'에 부합
  - 성과목표 1-3, '해양환경/생태계 감시 및 관리기술개발'에 연계되는 연구주제임

##### 국가적 아젠다(정부 국정과제, 제4차 과학기술기본계획 등)와의 연계성

- 포스트 코로나 '그린 뉴딜'의 대응 핵심연구주제인 감염병 대응에 부합함.
  - 해양기생충 감염은 해양생물과 국민의 건강과 직결되는 연구주제임
- 문재인 정부 국정과제 84번, '깨끗한 바다, 풍요로운 어장'에 부합함.
  - 해양기생충 감염은 어장의 생산성을 저하시킴으로 지속가능한 풍요로운 어장의 확보를 위해 해양기생충 연구는 직결됨.
- 해양수산 기후변화대응 R&D 강화로드맵 (해양수산부, 2020)에 부합함.
  - 3번째 대주제, '기후변화 적응·리스크 예방'의 세부과제로 '해양수산 기후변화 K-방어시스템 구축'에 해양기생충 예방이 포함되어, 국가 정책목표와 부합함.

## 나. 연구개발의 목표 및 내용

### (1) 정성적 목표

(단위 : 천원)

연차별 성과목표 및 연구내용		
성과목표	연구내용	연구비 (직접비)
1. 기생 와편모조류 (Parasitic dinoflagellates: PD, <i>Euduboscuela</i> ) 탐색 기술 개발	1-1. PD 표적기생충 단일 배양체 확보	30,000
	1-2. PD 형태적 검증과 유전자 정보 분석	
	1-3. PD 성장단계 및 숙주내 생활사 추적	
2. 숙주 섬모충 (Host ciliates: HC, <i>Helicostomella</i> ) 개체군 동태 영향 평가	2-1. HC 집중 모니터링 최적 설계	20,000
	2-2. HC 숙주 특이적 감염 분석	
	2-3. HC 개체군 동태와 감염 영향력 분석	
3. 마이크로 기생충(Micro parasite: MP) 감염 환경 추출	3-1. MP 시공분포 분석 및 환경인자 추출	20,000
	3-2. MP 공간분포도 제작 및 hot spot 추출	
계		70,000

(2) 정량적 목표

구분		가중치 (%)	과제 설정목표(건) (a)		성과목표(건)* (b)	세부 가중치 (%)	설정도(%) (a/b)	
과학적 성과	논문	100	mrnIF 81점 이상	1	1	100	100	
			mrnIF 61~80					
			mrnIF 41~60					
			mrnIF 40점 이하					
			KCI/SCOPUS					
			소계				100	
	저서			국제저서				
				국내저서				
				국제편저				
				역서 등				
				소계				
기술적 성과	특허		국제특허 출원					
			국제특허 등록					
			국제특허 추가등록					
			국내특허 출원					
			국내특허 등록					
			소계					
경제적 성과	기술료		기술이전 성과					
사회적,인프라 ..	홍보활동		대중강연/인터뷰					
	세미나 개최		외부협력 세미나 개최					
	정책제안		지역현안 정책제안					
	과학체험프로그램							
	대외활동		학술발표					
계	-	100%		1	1	100%	100%	



## II 추진전략 및 수행 적절성

### 1. 계획대비 연구 수행의 적절성

#### 가. 연구수행의 적절성

[연구개발 추진체계 및 수행방법]

#### 가. 추진전략

##### □ 현장 모니터링 단기집중화 전략

- 표적기생충/숙주 탐색을 위한 맞춤형의 현장조사 수행
  - 기자료 분석을 통한 표적기생충의 돌발적 증식기 고려한 모니터링 수행
  - 과거 마이크로 기생충 조사해역(거제 장목만 또는 부산항) 단기집중 조사

##### □ 보유 시료 재활용화 전략

- 기 보유시료의 가용 선별을 통한 표적기생충/숙주의 재검경
  - 장기모니터링 보유시료의 재분석 및 숙주 개체군 시계열 동태 파악
  - 계절적 공간모니터링 보유시료의 재분석 및 기생충 감염 공간분포 파악

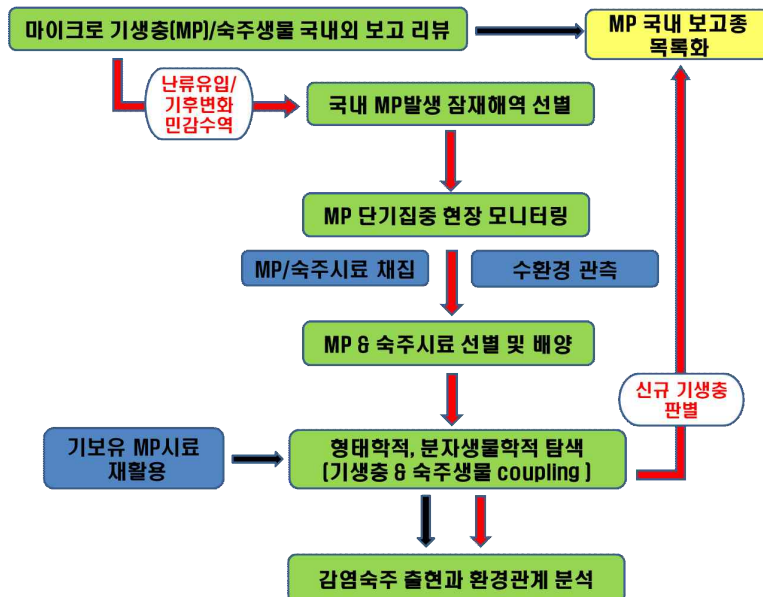
##### □ 국내외 전문가 협력연구 기반 연구역량 시너지 전략

- 국내외 부유성 마이크로 기생충 연구자 협력연구 추진
  - 보유하고 있는 기생충 세포분석 기술의 소개 및 신기술 도입
  - 연구결과 자료의 심층 분석 및 SCI 상위 5% 논문 도전을 위한 전문가의 자료 리뷰

#### 나. 추진체계

##### □ 표적기생충 탐색을 위한 연구프로세스 최적화

- 기 보유자료 연계 및 현 추가 자료 확충 체계
  - 과거자료 → 현재보완 → 미래발전의 연구 추진체계 설정



**[연구진도 적정 수행여부]**

○ 월별 주요 추진 일정

구분	세부연구목표	추진 실적 및 계획												연구비 (천원)	
		2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12			
과제기간 21.2.15 ~ 21.12.31	기생 외편모조류 탐색 기술 개발														20,000
	숙주 섬모충 개체군 동태 영향 평가														20,000
	기생충 감염 환경 추출														20,000
	전문가 자문														-
	논문투고/보고서 작성														10,000

※ 파란색 : 계획 / 붉은색 : 실적

**나. 예산집행의 적절성**

**[당해연도 예산 및 집행실적]**

(단위 : 천원)

구분	연구비 집행비율 (천원 / %) / 제출일 기준				
	당초예산	실행예산	집행액	잔액	비율
외부인건비	8,060	4,000	3,800	200	95.0 %
연구활동비	19,310	14,320	14,298	22	99.9 %
연구기자재 및 재료비	39,340	48,390	48,382	8	99.9 %
회의비	1,190	1,190	1,189	1	99.9 %
연구수당	2,100	2,100	2,100	0	100.0 %
합계	70,000	70,000	69,769	231	99.9 %

## 2. 연구개발 성과의 달성도 및 우수성

### 가. 연구목표의 정상 추진 및 성과 우수성

(목표 대비 달성도)

목표 대비 달성율(%)					
구분	연차별 달성내용				계획대비 연구실적 달성율(B) (%)
	성과목표	연구내용	가중치 (A)	달성실적	
21.2.15 ~ 21.12.31 (과제 기간)	1. 기생 와편모조류 (Parasitic dinoflagellates: PD, <i>Euduboscuela</i> ) 탐색 기술 개발	1-1. PD 표적기생충 단일 배양체 확보	0.4	- PD 표적기생충 선택적 분리 및 단배양 기술 확보	100
		1-2. PD 형태적 검증과 유전자 정보 분석		- PD 표적기생충 형태 및 유전자 정보 분석 획득	
		1-3. PD 성장단계 및 숙주내 생활사 추적		- PD 표적기생충 숙주 내/외부 성장단계 추적 및 생활사 규명	
	2. 숙주 섬모충 (Host ciliates: HC, <i>Helicostomella</i> ) 개체군 동태 영향 평가	2-1. HC 집중 모니터링 최적 설계	0.4	- 남해역 장기모니터링 시료를 활용하여 HC 국내 출현 시기 분석	100
		2-2. HC 숙주 특이적 감염 분석		- 감염된 HC숙주 세포분리 및 유전분석을 통해 감염 특이성 분석	
		2-3. HC 개체군 동태와 감염 영향력 분석		- 하계 HC 개체군 크기변동에 따른 감염을 분석	
	3. 마이크로 기생충(Micro parasite: MP) 감염 환경 추출	3-1. MP 시공분포 분석 및 환경인자 추출	0.2	- 거제~울산 연안 수환경 변화에 따른 MP 출현빈도 및 분포특성 확인	100
		3-2. MP 공간분포도 제작 및 hot spot 추출		- 거제~울산 연안 대상 공간분포 및 MP 대발생 구역 매핑	
	계			1.0	

### III 연구결과

## 1. 기생 와편모조류(Parasitic dinoflagellates: PD, *Euduboscquella*) 탐색 기술 개발

### 1-1. PD 표적기생충 단일 배양체 확보

#### ○ 마이크로 기생충 탐색 및 배양체 확보 필요성

- 초기영양단계에 관여하는 마이크로 동물플랑크톤 섬모충류는 박테리아와 일차생산 식물 플랑크톤을 섭식, 상위 영양단계로 에너지와 물질을 전달하는 중요한 생물군으로 알려져 있으며(Worden et al., 2015), 이들 섬모충류를 표적으로 감염시키는 와편모조류 마이크로 기생충은 숙주 개체군 쇠퇴를 유도하는 것으로 보고되어 있다(Coats, 1988; Coats et al., 1994)(그림 1-1).

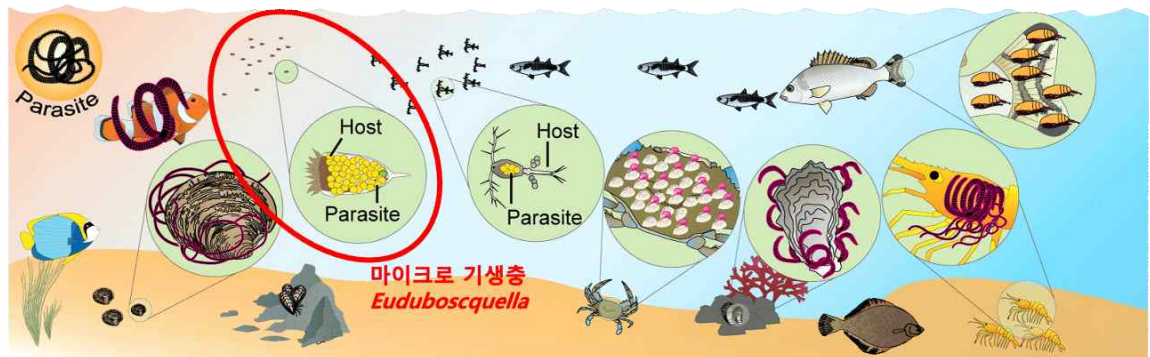


그림 1-1. 해양생태계 내 플랑크톤을 감염시키는 마이크로 기생충

- 섬모충류의 감염 및 사멸으로 인한 급격한 개체군 크기 감소는 미소먹이망에 큰 파급효과로 연쇄 작용될 수 있으며, 나아가 표영생태계 에너지 전달 흐름에 부정적 영향을 끼칠 수 있는 가능성이 잠재되어 있다. 하지만 마이크로 기생충에 대한 연구는 국내·외 모두 소수만 진행되었을 뿐, 여전히 상당 부분들이 규명되어 있지 않다.
- 현재 한반도 연안은 기후변화에 따른 난류 외래성 기생생물 유입 및 고착화 위협에 노출되어 있으며, 이들이 내포하고 있는 수생태계 내 부정적 영향 가능성을 진단·선제대응하기 위해서는 기생생물의 전반적인 생활사와 감염파급력이 반드시 분석되어야 한다.

#### ○ 기생성 와편모조류 *Euduboscquella* 배양기술 구축

- 신디니움(Syndiniophyceae)그룹에 속하는 *Euduboscquella*에 대한 숙주-기생생물 감염 생활사 관계를 이해하기 위해서는 배양체 확보가 선행되어야 한다.
- 단발적인 현장 고정시료를 통해 얻을 수 있는 숙주-기생충 생활사 세부 정보는 매우 제한적이며, 고정 시 소실되는 주요형질들이 간과될 위험성이 높기 때문이다.
- 특히, 기생충 감염부터 최종 분열이 끝날 때까지의 감염시간 정보는 실시간 관찰을 통해서만 획득할 수 있으며, 수생태계 내 숙주 개체군 쇠퇴 파급력을 예측하기 위한 자료로도 활용 가능하다.

- 마이크로 기생충 *Euduboscquella* 배양체 확보 수월성을 위하여, 숙주-기생 감염 현상이 보고된 마산만과 진해만 수괴의 주변해역 장목만을 조사 정점으로 선정하고 표적 기생충을 탐색하였다(Coats et al., 2014).

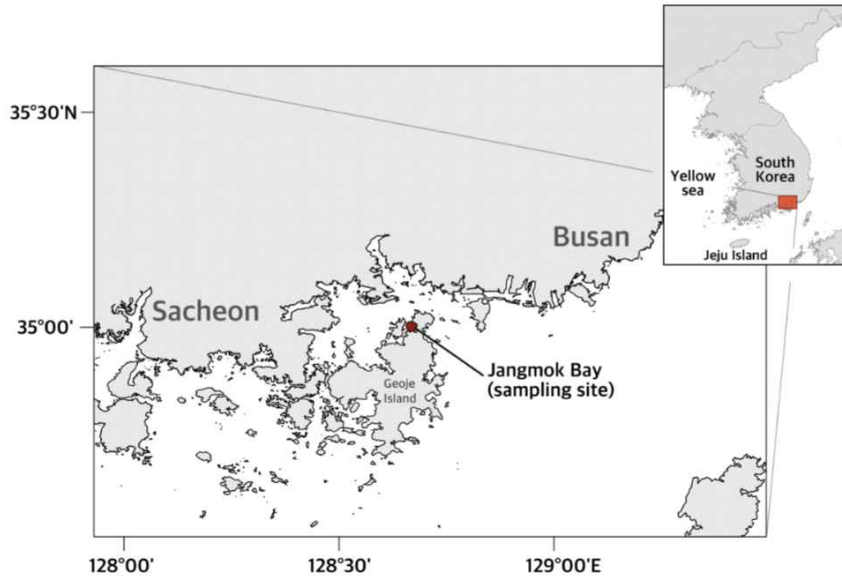


그림 1-2. 표적 기생성 마이크로 기생충 탐색 조사 정점

- 조사정점에서 채집한 생시료를 광학/실체 현미경을 사용하여 숙주 감염한 표적 기생충을 분리 후 현장측정한 수환경자료를 토대로 배양을 수행하였다(그림 1-3).
- 확보된 단배양체는 마이크로 기생충 *Euduboscquella*의 생활사를 포함한 생체정보들을 세부적으로 분석·수집하는데 활용하였다.

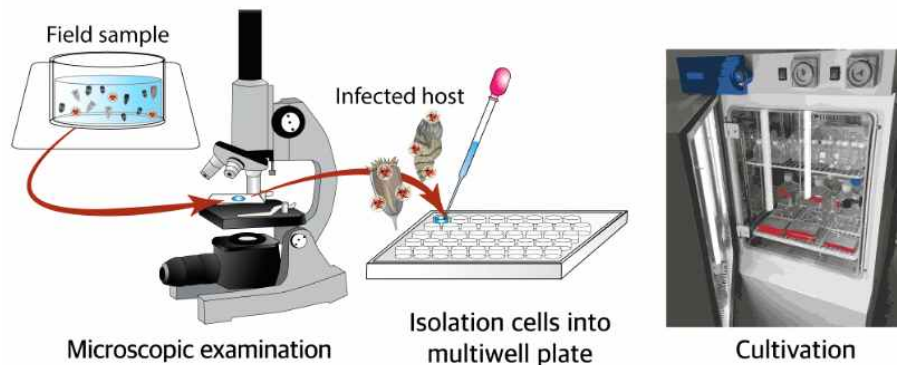


그림 1-3. 마이크로 기생충 분리 및 단배양체 확보 프로세스

## 1-2. PD 마이크로 기생충 형태적 검증과 유전자 정보 분석

### ○ 마이크로 기생충 *Euduboscquella* 형태학적 분석

- 기생 외편모조류 *E. triangula* 세포 외부 특징을 검토하기 위해 감염된 숙주세포를 선별·분리 후 미분간섭현미경 (Difference interference contrast microscopy) 400배-1000배율에서 관찰하였다.
- 세포내 기생단계인 영양체(trophont)에서는 긴타원형 세포형태로 기생충 핵이 뚜렷하게 관찰되었으며(그림 1-4A), 발달 후기에서는 서로 엮힌 홈이 있는 방패(shield)형 구조물 특징이 세포 표면에 나타났다(그림 1-4B과 K).
- 충분히 성장을 끝낸 영양체는 분열체(tomont)형으로 숙주를 사멸시키며, 세포 크기는(숙주 51  $\mu\text{m}$ , 기생충 39  $\mu\text{m}$ )였다. 숙주 세포질 섭취 후 세포외부로 빠져나온(그림 1-4C) 각 분열체는 세가지 형태로 포자형성 하였으며, 하나의 분열체당 하나의 형태만 형성될 뿐 여러 형태가 동시에 형성되지는 않았다. 이는 (1)외편모를 가진 운동성의 버섯형포자, (2) 비운동성의 삼각형 및 (3)구형의 포자형태이었다(그림 1-4D, E, G~J).
- 포자의 형성 갯수와 크기, 발생빈도는 각각 버섯형 포자(약 81개,  $8.2 \times 5.5 \mu\text{m}$ , 28 %), 삼각형 포자(약 363개  $6.2 \times 2.9 \mu\text{m}$ , 36 %), 구형 포자(약 450개, 지름 2.6  $\mu\text{m}$ , 36 %)였다.
- 특히, 삼각형 포자 형성은 기 보고된 바가 없는 새로운 형태로 배양으로 인한 인위적 변이 가능성이 잠재되어 있어, 현장 고정한 자연환경시료로부터 포자형태를 추가 분석하여 진위임을 재검증하였다(그림 1-4F와 L).

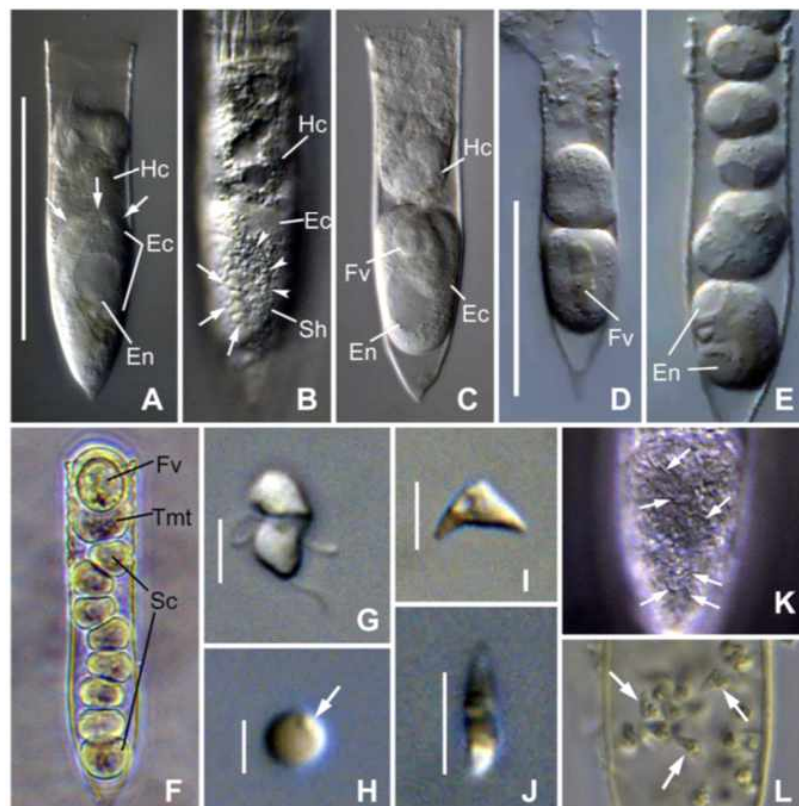


그림 1-4. 마이크로 기생충 *E. triangula*의 형태학적 특성

○ 마이크로 기생충 *Euduboscquella* 유전적 거리 비교 분석

- 동일 숙주에서 세가지 형태로 최종 분열한 *E. triangula* 포자들이 동일종임을 검증하기 위하여 이형의 포자들을 모두 유전자 분석하였다.
- 유전자 분석은 정방향 EukA와 역방향 LSU rev.4 프라이머 세트(Sonnenberg et al., 2007; Jung et al., 2016)를 사용하여 리보솜 rRNA 유전자 부위를 증폭하였으며, 해상도 높은 유전자 비교·분석을 위해 Small subunit rRNA, ITS1-5.8S-ITS2 rRNA, large subunit rRNA D1-D2 유전자를 모두 검토하였다.
- 분석결과 세가지 형태의 포자 모두 동종으로 확인되었으며, NCBI BLAST결과 마이크로 기생충 *E. triangula*는 Genbank에 미등록된 새로운 유전자임이 확인되었다.
- *E. triangula*와 보고된 *Euduboscquella* 속 12개 염기서열을 pairwise p-distance 분석결과(표 1-1), 형태가 미동정된 염기서열 제외하고는, 유전적 거리는 각각 *E. crenulata* (SSU:0.7 %/ITS-LSU:6.6 %), *E. costata* (5.5 %/26.6 %), *E. cachoni* (4.5 %/23.2 %)였다.
- 염기서열이 가장 유사한, *T. cf. subacuta*에 감염한 미동정종 *Euduboscquella* 또한 SSU 0.23 %와 ITS-LSU 2.7 %의 유전적 거리를 보여, 본 연구에서 획득한 *E. triangula*염기서열은 신종 가능성이 높은 것으로 밝혀졌다.

표 1-1. 마이크로 기생충 *Euduboscquella* 종내 pairwise *p*-distance (%); 사선 기준 아래 (SSU)와 사선 위(ITS1-5.8S-ITS2-LSU)

Parasite	Host	Accession	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
<i>Euduboscquella triangula</i> n. sp.	<i>Helicostomella longa</i>	MN388915	1	-	2.66	2.66	1.51	6.62							
<i>Euduboscquella</i> sp.	<i>Tintinnopsis cf. subacuta</i>	JN934992	2	0.23	-	1.60	2.80	7.30							
<i>Euduboscquella</i> sp.	<i>Tintinnopsis cf. subacuta</i>	JN934990	3	0.23	0.00	-	2.70	7.40							
<i>Euduboscquella</i> sp.	<i>Tintinnopsis</i> sp.	JN934984	4	0.41	0.41	0.41	-	6.10							
<i>Euduboscquella crenulata</i>	<i>Favella panamensis</i>	JN606065	5	0.70	0.47	0.47	0.88	-							
<i>Euduboscquella</i> sp.	<i>Favella ehrenbergii</i>	AB295041	6	1.00	0.76	0.76	1.17	0.29							
<i>Euduboscquella costata</i>	<i>Schmidingerella arcuata</i>	KP749831 MN454727	7	5.45	5.22	5.22	5.51	5.33	5.63	-					
<i>Euduboscquella</i> sp.	<i>Schmidingerella arcuata</i>	JN934989	8	5.45	5.22	5.22	5.51	5.33	5.63	0.00	-				
<i>Euduboscquella cachoni</i>	<i>Eutintinnus tenuis</i>	JN934987	9	4.46	4.34	4.34	4.52	4.63	4.93	7.81	7.81	-			
<i>Euduboscquella cachoni</i>	<i>Eutintinnus tenuis</i>	JN934988	10	4.46	4.34	4.34	4.52	4.63	4.93	7.81	7.81	0.00	-		
<i>Euduboscquella</i> sp.	<i>Favella markusovszky</i>	JN934985	11	7.43	7.55	7.55	7.55	7.61	7.90	9.96	9.96	8.08	8.08	-	
<i>Euduboscquella</i> sp.	<i>Favella panamensis</i>	JN934986	12	7.55	7.67	7.67	7.67	7.72	8.02	10.02	10.02	8.31	8.31	0.76	-
<i>Euduboscquella</i> sp.	<i>Favella ehrenbergii</i>	AB295040	13	7.39	7.51	7.51	7.51	7.57	7.86	9.93	9.93	8.22	8.22	0.82	0.06

○ 마이크로 기생충 *Euduboscquella* 분자계통학적 의미

- 와편모조류 Syndiniophyceae 및 Dinophyceae에 위치한 46개 대표 분류군과 *E. triangula*를 포함한 13개의 *Euduboscquella* 분류군의 계통학적 유연관계를 추론하였다(그림 1-5).
- 분자계통수 분석은 베이즈 추론(Bayesian inference; BI)과 최대우도법(maximum likelihood; ML)을 사용하였으며, *Euduboscquella*는 명확한 4개의 하위 분기군(Group I - IV)으로 분지되었다. 이 중 *E. triangula*는 Group I 분기군에 위치하였다.
- 하지만, Group I 내 염기서열들 유연관계는 BI 0.71-1.00 값으로 비교적 높은 반면, ML 값은 일부 50이하로 낮은 지지율을 보여주었다.

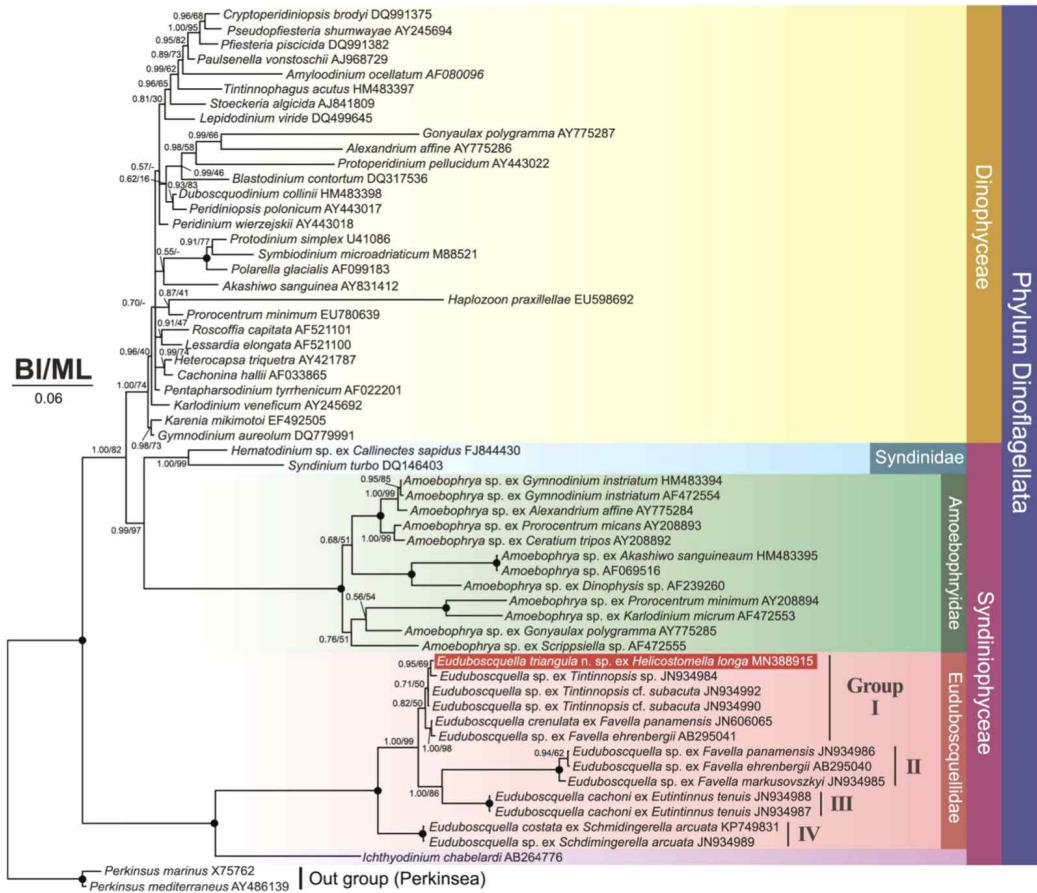


그림 1-5. SSU rDNA 기반 *Euduboscquella*와 근연 와편모조류 분자계통수

○ 마이크로 기생충 *Euduboscquella* ITS2 RNA 2차구조 비교

- 리보솜 RNA는 신진대사에 필요한 단백질합성 메커니즘에 중요한 인자로, RNA의 구조적 특징은 진화와 밀접한 관계가 있다.
- 앞서 분석된 *Euduboscquella*의 유전적 거리와 분자계통수에서 SSU rRNA 유전자 차이가 1.00% 미만이면서, 최대우도 ML값이 50 보다 낮은 염기서열들이 포함된 Group I을 보다 명확하게 비교하기 위해, 리보솜 RNA 2차구조를 산출하였다(그림 1-6).
- 분석결과, *Euduboscquella* ITS2 RNA 2차구조는 4개 helix (I-IV) 구조가 최적모델로 예측되었다. *E. triangula*와 Group I 내 근연 3종과 구조특성 비교 시, *F. panamensis* 기생 *E. crenulata*(JN606065)에서는 Helix III과 IV에서 큰 구조적 차이가 있었다.
- *T. cf. subacuta*와 *T. sp.*에 각각 기생하는 두 종의 *Euduboscquella* (JN934990, JN934984)은 그림 1-6에서처럼 구조는 유사했으나, Helix I-IV의 여러 줄기(stem)와 고리(loop) 부위에서 염기치환(CBC, hemi-CBC, non-CBC)이 확인되었다.



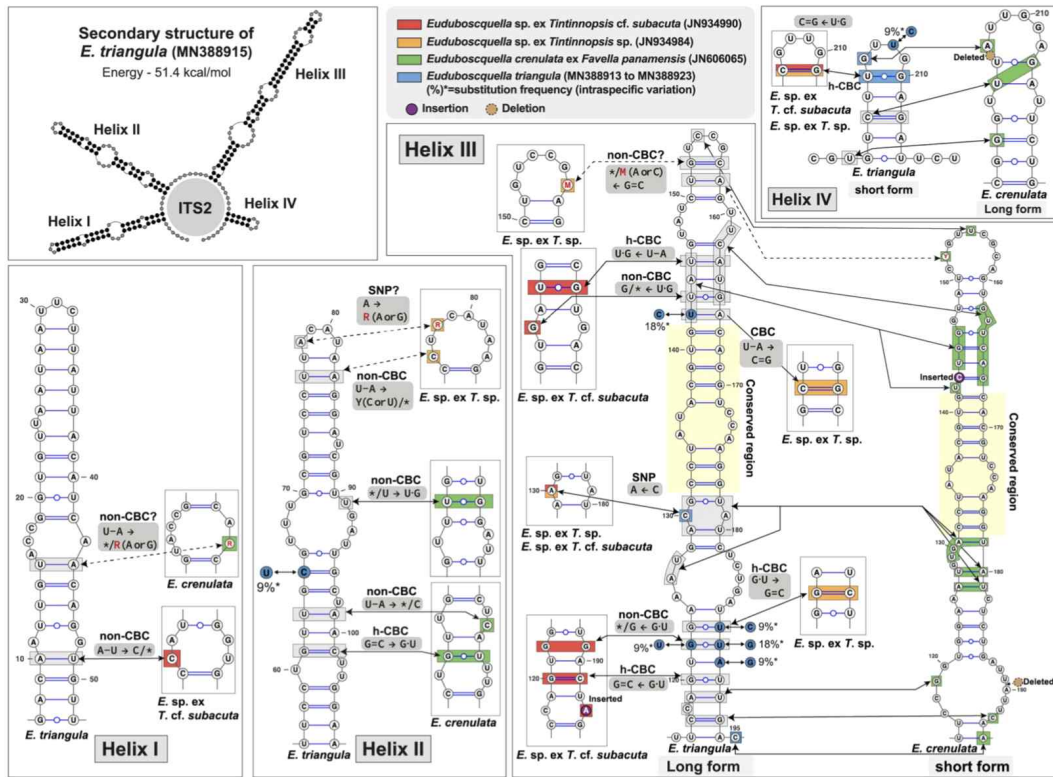


그림 1-6. *Euduboscquella* group I의 ITS2 RNA 2차구조 비교

### 1-3. PD 성장단계 및 숙주내 생활사 추적

#### ○ 마이크로 기생충 *E.triangula* 생활사 실시간 모니터링

- *E. triangula*의 생활사를 이해하기 위해 감염된 세포를 분리하여 독립현미경상에서 실시간 관찰 결과, 기생충은 크게 4단계 영양체(trophont) - 분열체(tomont) - 포자형성(sporogenesis) - 포자(spore)의 생활사를 보여주었다(그림 1-7).
- 최대 성숙한 영양체는 숙주세포를 사멸시키고 외부로 빠져나오는데 까지 약 10분이 소요되었고(그림 1-7A), 외부에 노출된 분열체는 약 30분동안 숙주 물질을 소화시키며 식포를 압축화 하였다(그림 1-7B).
- 포자형성은 이분법으로 세포분열(각 분열당 약 15-20분 소진)하였고(그림 1-7C-K), 최종 3가지 형태(그림 1-4 G~I, 1-7L)의 포자를 형성하였다.
- 포자형성에 필요한 시간은 포자형태에 각각 다른 시간이 요구되었다. 첫 분열을 시작으로 최종 포자형성까지, 버섯형 외편모 포자는 약 2.5시간, 구형 포자 3.5시간, 삼각형 포자는 총 8시간이 소요되었다.

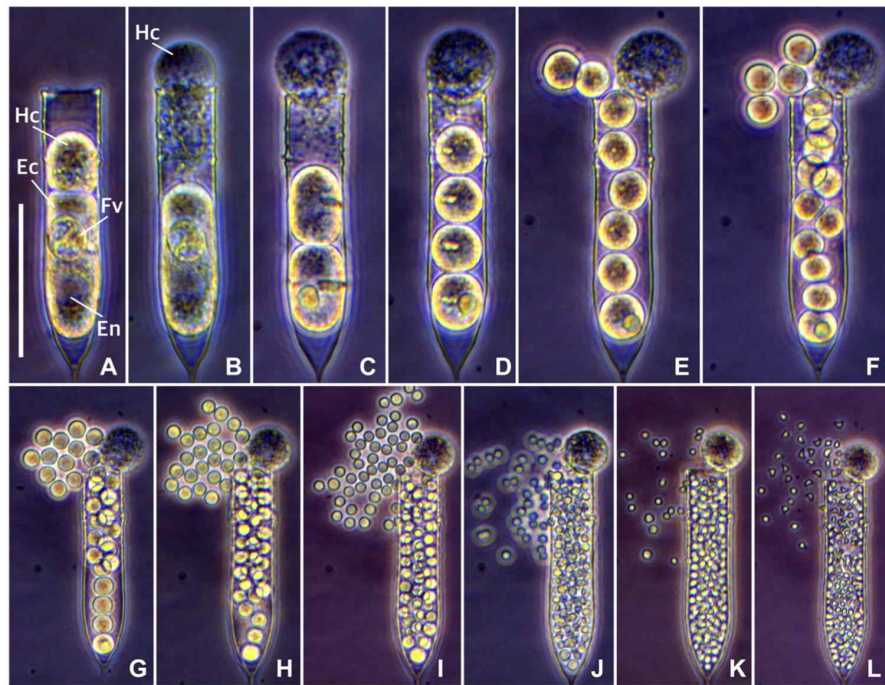


그림 1-7. 마이크로 기생충 *E. triangula* 감염 생활사 실시간 관찰

#### ○ 마이크로 기생충 *E.triangula* 생활사에 따른 세포기관 특성 분석

- *E. triangula* 생활사 중 세포 내 소기관 발달 과정을 이해하기 위해, 정량적 프로타골 염색(quantitative protargol stain; QPS) 방법을 통해 감염 세포를 은-침투 염색하였다 (Montagnes and Lynn, 1993).
- 감염에 성공한 초기 기생충은 숙주내부에서 성장함에 따라 세포질이 커지면서 뚜렷한 핵 발달을 보였다(그림 1-8A, B). 일부 시료에서는 기생충 세포질이 숙주 내부로 열린 특이한 구조가 나타나기도 하였다(그림 1-8C).

- 내부 기생생활사 중 초기에서 중기로 접어들면서, 기생충 세포질 성장 및 핵소체 수와 크기가 증가하기 시작하면서, 가장 먼저 형성된 핵소체의 크기는 뚜렷하게 커지는 특징을 나타냈다(그림 1-8 D~F, M).
- 발달 말기에는 다량으로 형성된 핵소체들이 흡수되기 시작하였고(그림 1-8G), 세포 외부로 빠져나오기 전 페리네마(perinema) 세포구조물이 발달 및 확장되었다(그림 1-8H~J).
- 세포 외부로 빠져나온 영양체는 숙주로부터 획득한 물질을 압축화하여 식포를 형성하였고(그림 1-8K), 포자 형성 과정 중 세포분열을 통한 유사분열(mitosis) 특징이 뚜렷이 확인되었다(그림 1-8K, L).

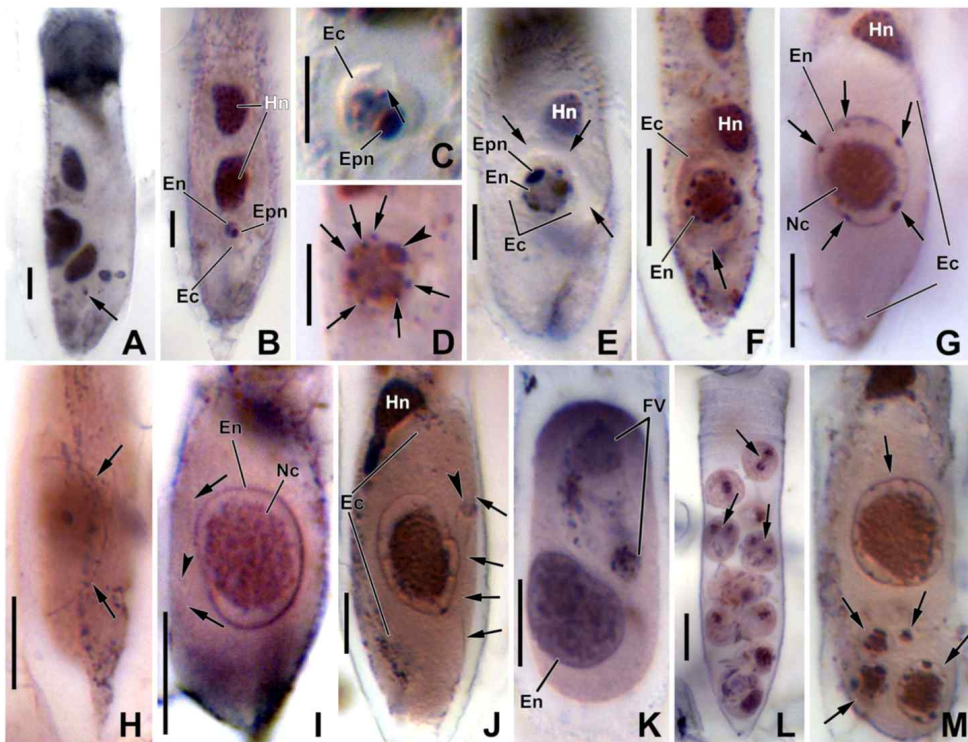


그림 1-8. 프로타골 염색법을 통한 *E. triangula* 생활사별 발달과정

## 2. 숙주 섬모충(Host ciliates: HC, *Helicostomella*) 개체군 동태 영향 평가

### 2-1. HC 집중 모니터링 최적 설계

#### ○ 예측 기법을 활용한 *Helicostomella* 집중 조사 기간 설정

- 유충섬모충류는 수환경 감수성이 높아 특정 조건에서 개체군이 잘 발달하는 것으로 알려져 있다. 하지만, 각각의 종마다 선호하는 환경 내성 범위가 다르기 때문에, 집중모니터링 설계를 위해서는 표적 생물종의 대발생 추세를 예측·접근하는 것이 효율적이다.
- 표적 숙주 *Helicostomella longa*의 경우 국내 연안에 계절성을 가지고 출현이 보고된 바 있으나(Xu et al., 2012), 현재까지 명확한 시기적 출현 경향이 확인되지는 않은 상황이다.
- 효과적인 기생성 외편모조류 탐색과 배양을 위해서는 숙주의 출현빈도, 개체군 발달, 이들의 쇠락시기 검토가 반드시 선행 되어야 한다.
- *H. longa* 동태 파악을 위해, 남해 장목만에서 다년간 주기적으로 채집한 플랑크톤 주별 채집시료 258개를 확보하고, 형태학적으로 검경하여 발생 패턴 원시자료를 생산하였다. 이후 자료는 이상치 탐지와 평활화 공정거쳐 전처리 후 학습(training)자료 형태로 가공하였다.

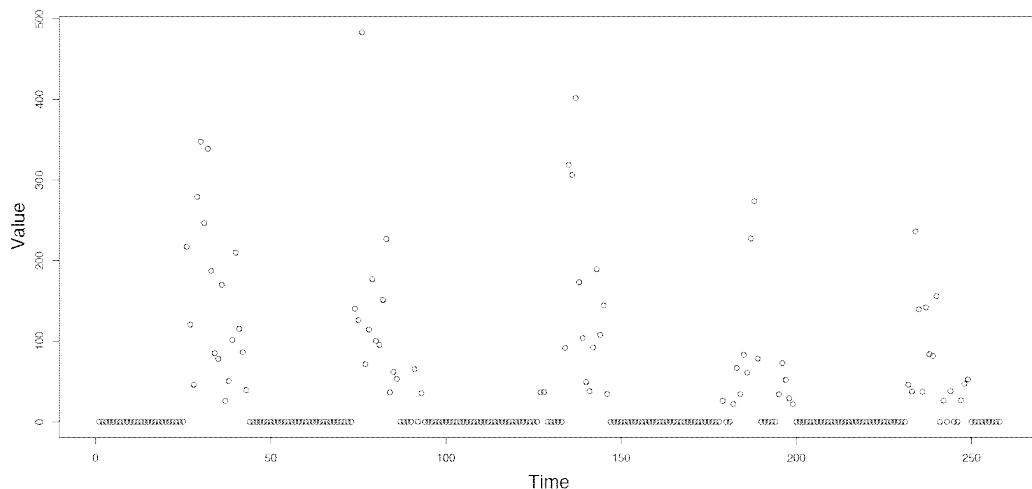


그림 2-1. 남해역 *Helicostomella* 발생 기반 학습자료

- 시계열 예측을 통한 추세변화 분석에 사용되는 기법 중 하나인 ARIMA(Autoregressive Integrated Moving Average)는 자기상관과 이동평균을 합친 모형으로 자료 간 연관성과 공적분까지 고려한 모형이다.
- 다년간의 *H. longa* 개체군 동태 학습자료를 ARIMA 모형으로 분석하여 대발생 추세를 산출하였다. 분석결과, 숙주 *H. longa* 개체군은 연중 7월에서 9월까지 개체군이 크게 발달하는 시기로 예측되었으며(그림 2-2), 해당 기간을 집중 모니터링 기간으로 설정 후 시료를 정밀 분석하였다.

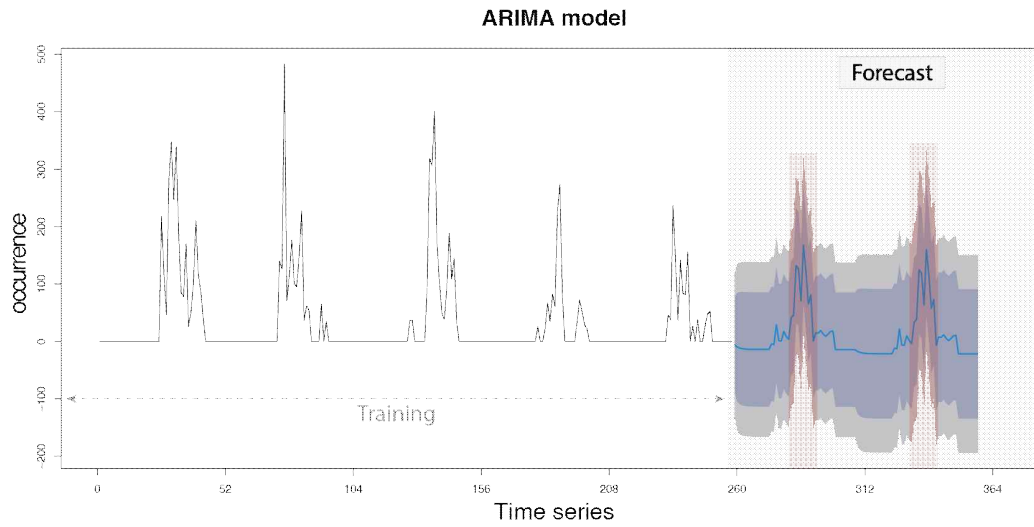


그림 2-2. ARIMA 모형 시계열 추세 분석을 통한 *Helicostomella* 대발생시기 예측결과

## 2-2. HC 숙주 특이적 감염 분석

### ○ 마이크로 기생충의 숙주 특이·선택적 감염 분석 필요성

- 현재까지 전 세계적으로 유종섬모충 감염 *Euduboscquella*는 6종이 알려져 있으며, 국내에서는 유일하게 *E. costata* 만 보고되어 있다(Jung et al., 2016).
- 대부분 숙주 특이적 감염으로 보고되었으나, 일부 *Euduboscquella*는 여러 숙주에 교차 감염을 일으킬 수 있는 것으로 알려져 있다. 하지만, 숙주 비 특이적 감염 기작과 생리적 특성은 여전히 숙제로 남아있다(Cachon, 1964; Bachvaroff et al., 2012).
- 마이크로 기생충 *Euduboscquella*의 숙주 특이적 또는 비-특이적 감염 가능성 여부는 향후 생태학적 관점에서 플랑크톤 숙주 개체군 동태에 끼치는 영향력 추산에 있어 매우 중요하다. 단일 숙주만 감염하는 선택적 감염의 경우 해당 숙주 개체군 소실만 고려하면 되지만, 숙주 비-선택적 감염의 경우 보다 복잡한 파급력을 가지기 때문이다.
- 반대로 한 숙주에 단일 기생충 감염이 아닌 여러 종류의 기생충 감염이 복합적으로 일어날 수 있는지 여부도 확인할 필요성이 있다. 기생충 종마다 숙주에 끼치는 영향력, 즉 숙주 사멸률과 세포내 기생생활 시간이 다르기 때문이다.
- 본 연구에서 조사된 숙주 *Helicostomella*를 대상으로, *E. triangula*의 숙주 특이성 진단과 *E. triangula* 외 복합·혼합 감염이 있었는지 여부를 검토하였다.

### ○ 숙주 *H. longa* 혼합 감염 여부 검토 및 숙주 비-특이적 감염 가능성 진단

- 단일종 숙주에 대하여 여러 종의 *Euduboscquella* 혼합 감염 여부를 확인하기 위해 확보된 시료들에서 감염된 숙주세포를 무작위로 추출 후 *Euduboscquella* 표적 프라이머(Jung, Choi and Kim, 2018)를 사용하여 유전자 분석하였다.
- 감염된 숙주 *H. longa*에는 SSU rRNA gene (V4) 염기서열이 100% 일치하는 단일종 *E. triangula*만 검출되었으며, 남해산 *H. longa*에는 *E. triangula*만 특이 선택적으로 감염되는 것으로 확인되었다(그림 2-3).
- 또한, 감염된 *H. longa* 세포를 숙주 출현 시기에 공출현한 유종섬모충류 3종(*Tintinnopsis dadayi*, *T. radix*, *T. campanula*)과 감염되지 않은 *H. longa* 정상세포를 함께 격리시켜 숙주 특이성 실험을 진행하였다. Short-term 모니터링결과 마이크로 기생충 *E. triangula*는 숙주 *H. longa*에만 선택적으로 감염하는 숙주 특이성이 있는 것으로 검토되었다(그림 2-4).

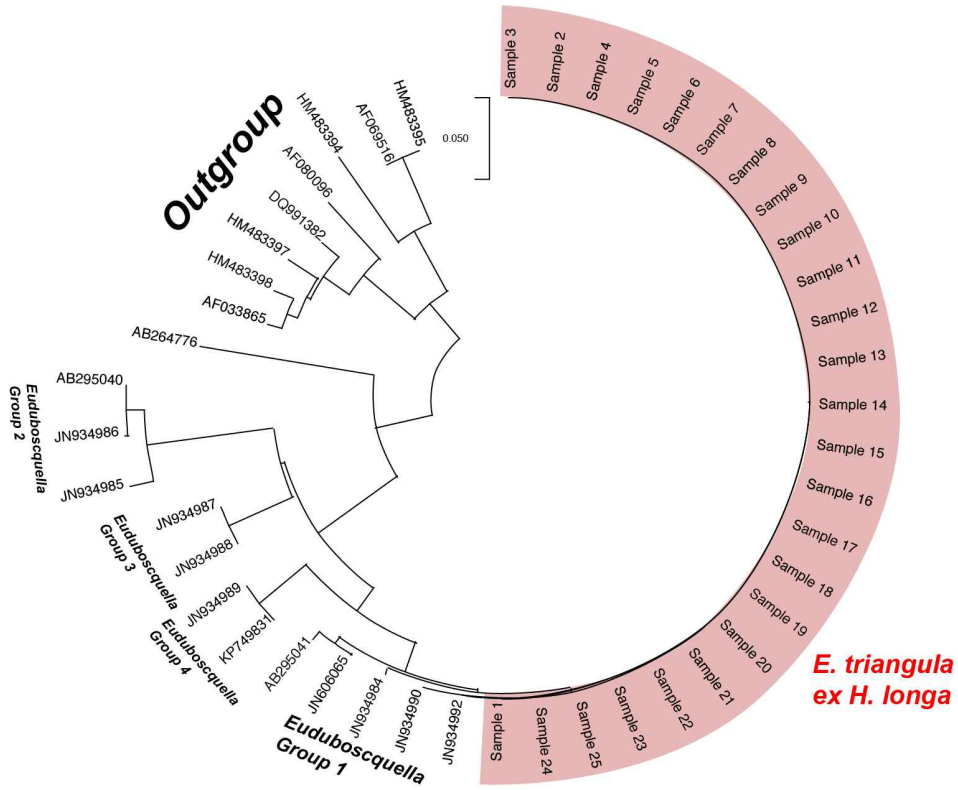


그림 2-3. 감염된 숙주 *H. longa* 내 기생충 유전자 분석결과

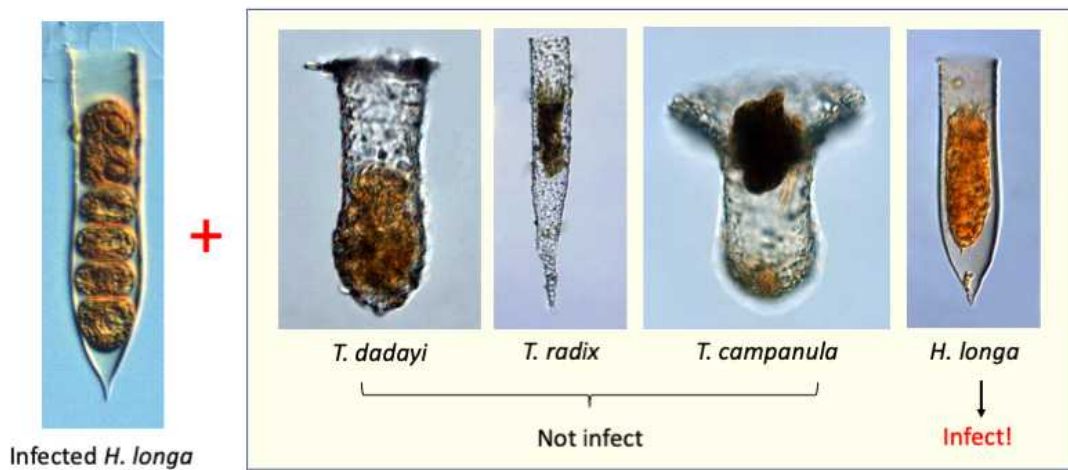


그림 2-4. 마이크로 기생충 *E. triangula*의 숙주 *H. longa* 외 비특이적 감염 가능성 진단

### 2-3. HC 개체군 동태와 감염 영향력 분석

#### ○ 수환경 변화에 따른 숙주 *H. longa* 개체군 동태 조사

- 2015년과 2016년 기확보 시료에 대하여 정량분석을 실시한 결과, 집중모니터링 필요기간 예측 결과와 동일하게(연구내용 2-1), 숙주 *H. longa*는 7-9월에 많은 개체수가 유입됨이 검토되었다(그림 2-5). 특히, 고수온 저염분 수환경에서 개체군 발달이 가속화되는 것으로 확인되었다.

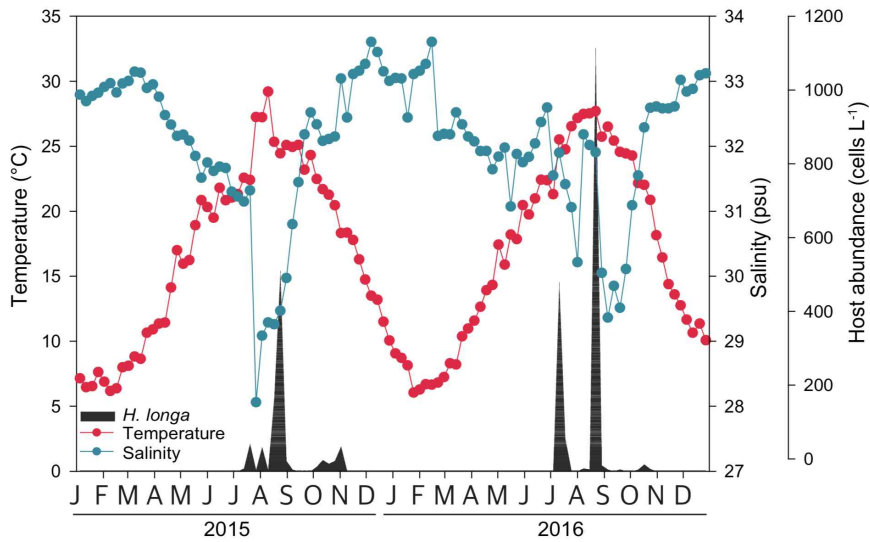


그림 2-5. 수환경 변화에 따른 숙주 *H. longa* 개체군 동태

#### ○ 숙주 *H. longa* 개체군 동태에 따른 감염 영향력 추적

- 2015년과 2016년 시료를 현미경 검경을 통해 분석결과, 평균적으로 약 13% 정도 숙주 개체군을 감염시키는 것으로 나타났다(그림 2-6).
- 2015년은 8월 수온상승과 염분회복이라는 유리한 환경조건에도 불구하고, 초기 감염으로 인하여 숙주 개체군 발달이 저해되는 것을 확인 할 수 있었다.
- 2016년 7월 중순 감염발생으로 개체군 쇠락 이후, 감염이 없는 8월 초 덕분에 다시 8월 말에 대증식에 성공하였다. 하지만, 고밀도로 형성된 개체군에 다시 감염이 시작되어 최대 15%의 감염률을 보였으며, 이후 개체군은 빠르게 소멸되었다.
- 본 연구를 통해 밝혀진 *H. longa*에 감염하는 *E. triangula*의 경우 숙주를 100% 사멸시키기 때문에, 평균 13%의 감염률에도 불구하고 숙주 개체군 쇠락 가속화에 대한 파급력은 매우 강력한 것으로 검토된다.



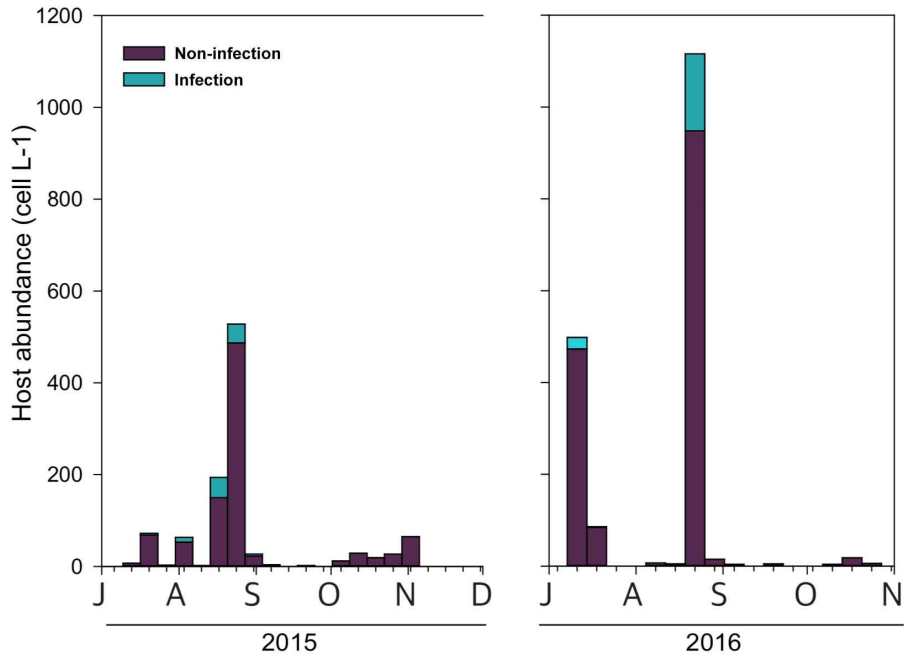


그림 2-6. 숙주 *H. longae*의 감염률 양상에 따른 개체군 동태 변화

### 3. 마이크로 기생충(micro parasite: MP) 감염 환경 추출

#### 3-1. MP 시공분포 분석 및 환경인자 추출

○ 마이크로 기생충 시공분포와 발생 수환경요인 추적

- 계절성 수환경 변화에 따른 마이크로 기생충 발생과 주요 환경요인의 상관관계를 이해하기 위해 2013년-2014년에 사계절(2월, 5월, 8월, 11월)로 채집된 세 구역(A, B, C) 시료를 정밀 분석하였다(그림 3-1).
- A구역의 경우 만(bay)으로 형성된 폐쇄적 구조로 이루어져 있지만, B와 C구역의 경우 외해에 영향에 대하여 개방된 구조이며, B의 경우 낙동강, C의 경우 태화강과 외황강으로 인한 담수 유입이 잘 일어나는 지리적 특성을 가지고 있다.

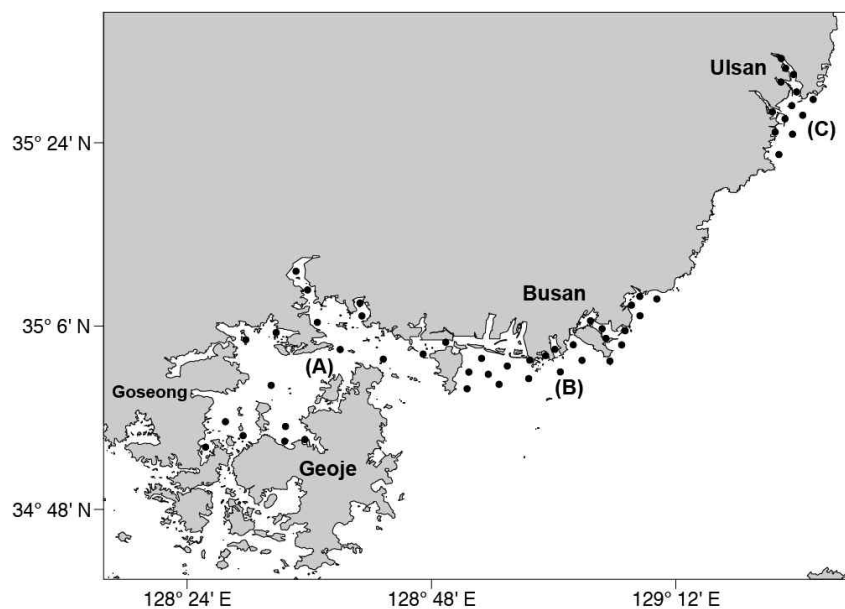


그림 3-1. 마이크로 기생충 광역 분포 조사 정점도

- 광역 조사 지역의 수환경 조사자료에서 마이크로기생충 발생 환경요인을 추출한 결과, 이상치를 제외한 감염 발생 밀집 환경구간은 수온(17.1 - 19.3 °C), 염분(31.8 - 33.2), 질산염(3.7 - 9.3 uM), 인산염(0.3 - 16.1 uM), 규산염(1.1 - 15.8 uM), 엽록소-a (1.2 - 4.3 mg L<sup>-1</sup>), 용존산소량(7.1 - 8.2 ug L<sup>-1</sup>), 화학적 산소 요구량(1.6 - 2.7 mg L<sup>-1</sup>)였다.
- 마이크로 기생충 발생은 수온과 염분, 질산염농도, 엽록소-a, 용존산소, 화학적 요구산소량과 관련성이 높아 보인다(그림 3-2).
- 마이크로 기생충은 수온과 염분조건에 큰 영향을 받는 것으로 추정된다. 하계 고수온 조건보다 가을 중-고수온(약 19°C 범위 온도)에 밀집 발생하며, 저염분 환경조건(약 31 psu 이하)에서는 발생이 저해되었다.
- 일정량 이상의 질산염(약 6.1 uM)조건은 숙주 섬모충의 먹이원인 식물플랑크톤 번성을 촉진시켜(엽록소 농도 약 2.7 mg L<sup>-1</sup>), 숙주 개체군 발달로 이어지고, 마이크로 기생충이 감염하기 좋은 고밀도 숙주 환경이 형성될 것으로 추정된다.

- 마이크로 기생충은 종속영양생물로 산소를 소비하기 때문에 호기성 환경이 필요하다. 따라서, 용존 산소농도가 약  $7.1 \text{ ug L}^{-1}$  이상 환경에서 집중 발생하는 것으로 보인다. 마찬가지로 화학적 요구 산소량도 박테리아의 유기물로 분해로 인한 빈산소 환경조건이 일어나지 않는 호기성 환경조건(약  $2.7 \text{ mg L}^{-1}$  이하)에서 고밀도 발생하였다.

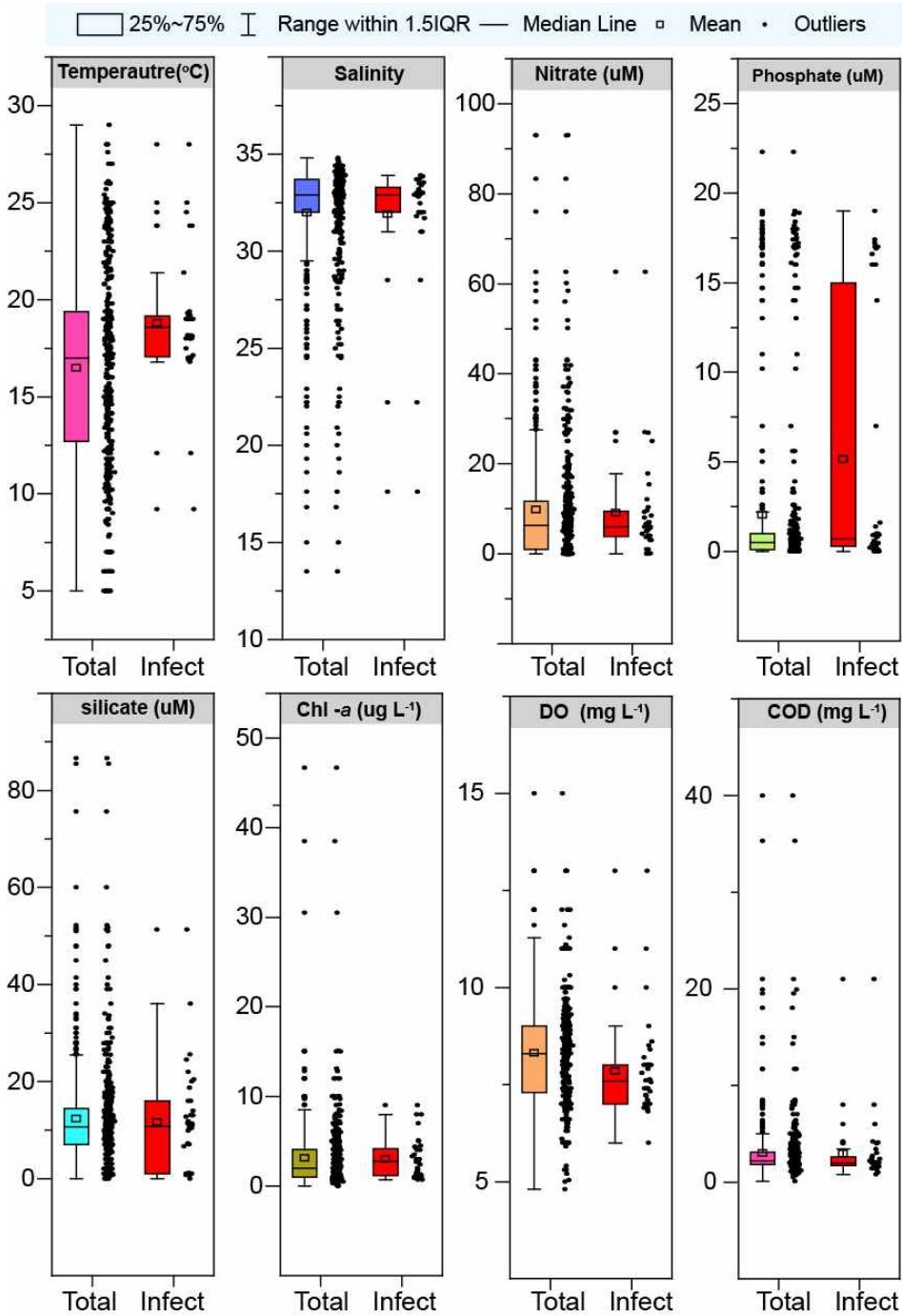


그림 3-2. 광역조사 정점 수환경과 감염 발생 환경요인 추출결과

### 3-2. MP 공간분포도 제작 및 hot spot 추출

○ 계절별 마이크로기생충 공간분포와 집중발생 수역 통합 매핑

- 2013년과 2014년 마산만-진해만-부산-울산연안에서 발생한 마이크로 감염 발생 정도를 진단, 공간분포를 분석하였다(그림 3-3).
- 동계(2월)에는 부산 일부수역에서 소수 발생만 확인됨. 춘계(5월)에는 마산만과 통영·고성 주변해역에서 발생하였고, 하계(8월)에는 진해만-부산 연안에서 감염 발생이 확산되기 시작하였다. 추계(11월)에는 마산만-진해만-부산연안-울산연안 전역에서 고강도의 감염이 검출되었다.
- 통합된 해양 마이크로 기생충 발생 핫스팟은 마산만, 진해만, 부산만(부산항), 울산 온산항 주변으로 규명되었다.

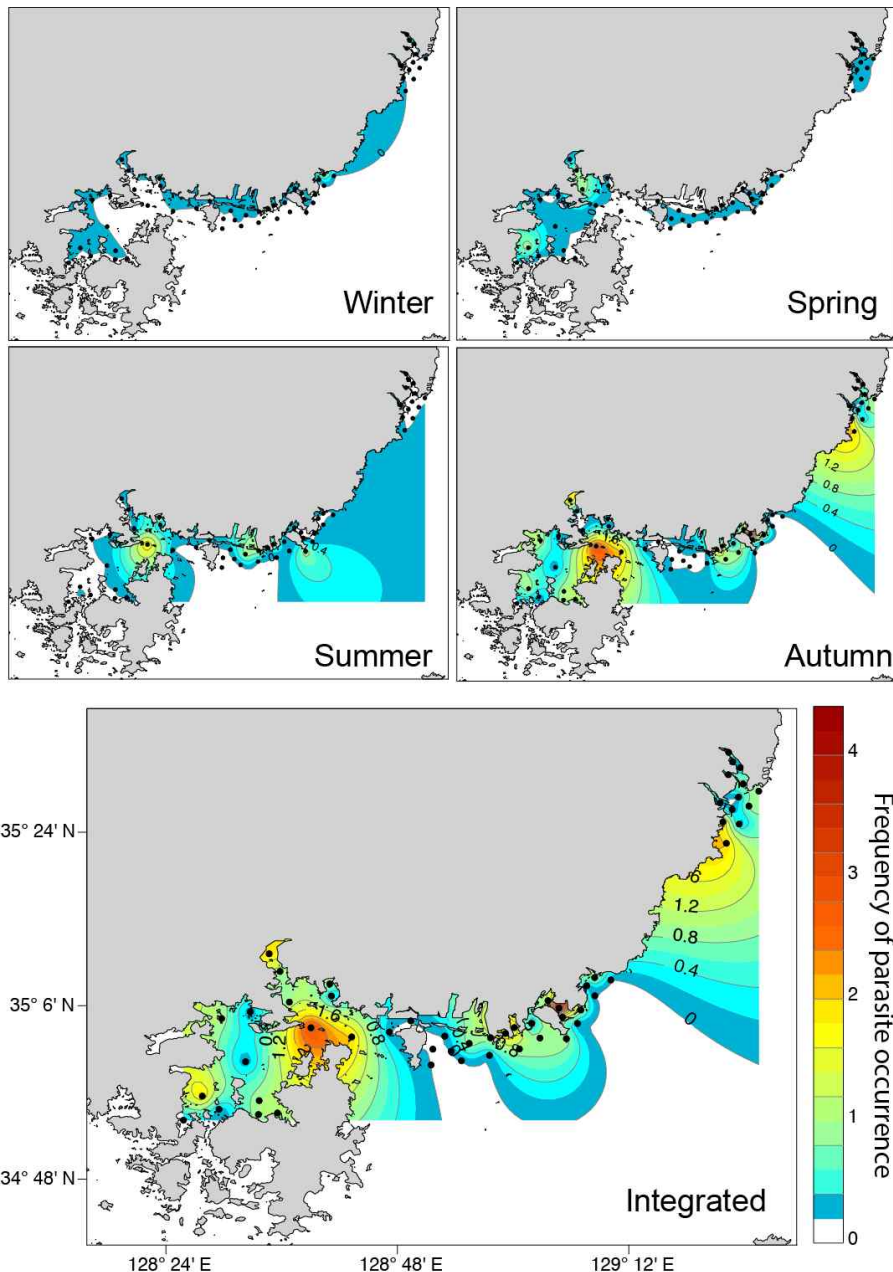
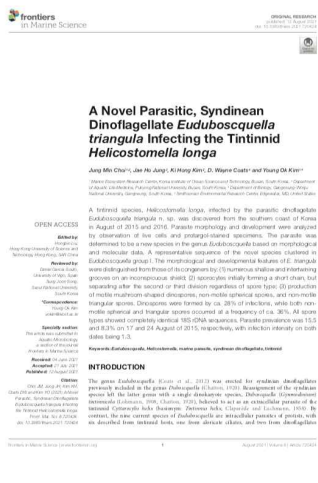
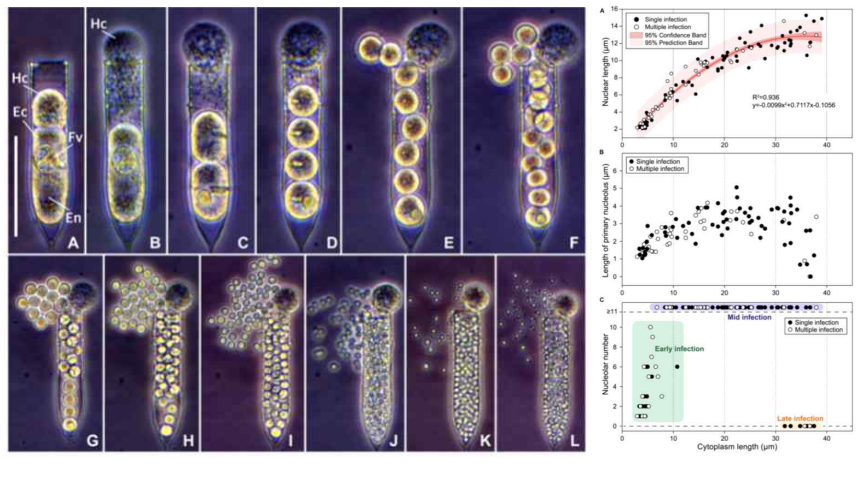


그림 3-3. 마이크로 기생충 계절별 발생현황과 집중발생 수역 공간분포도

# IV 연구 우수성과 및 의의

## 1. 대표적 우수성과

<p>우수성과 -</p>	<p>숙주 <i>H. longa</i>에 기생하는 <i>E. triangula</i> 최초 규명 (Front. Mar. Sci. 게재)</p>
<p>성과 내용</p>	<ul style="list-style-type: none"> <li>○ 숙주 <i>Helicostomella longa</i>에 기생하는 마이크로 기생충 <i>Euduboscquella triangula</i> 최초 규명</li> <li>- 형태와 유전자 병행 분석으로 신종으로 기재하고, 새로운 유전정보 DB를 업데이트 함</li> <li>- 세포 내/외부 발달과정 전체를 추적하여 완전한 생활사를 밝힘</li> <li>- 숙주 <i>H. longa</i>의 감염률 측정으로 개체군 동태변화 파악력을 제시</li> </ul>
<p>성과의 우수성</p>	<ul style="list-style-type: none"> <li>○ Frontiers in Marine Science 저널 등재 (주제 내 상위 5.4%, IF 4.9, mrnIF 95.5; 2021년 기준)</li> <li>○ 새로운 마이크로 기생충 유전정보 NCBI 등재 (MN388913 - MN388923)</li> <li>○ 국립생물자원관 모식표본 기탁(NIBRDN0000001794) 및 생물자원 DB 등록</li> </ul>
	
<p>증빙자료</p>	<ul style="list-style-type: none"> <li>○ A Novel Parasitic, Syndinean Dinoflagellate <i>Euduboscquella triangula</i> Infecting the Tintinnid <i>Helicostomella longa</i> (Frontiers in Marine Science, 8:720424, 2021년)</li> </ul>

## 2. 결과의 활용 가능성 및 파급효과

### □ 해양기생충/숙주 탐색기술의 학술 발전 및 산업 적용

- 기생충의 국제적 (대륙간) 이동 및 전파에 관한 국제공동연구 추진
- 기생충 자체와 숙주내 기생충 유발 유용물질 개발
- 기생충-숙주간 공진화 연구를 통한 기초 감염의학 발전 도모

### □ 해양기생성 병원체 질병 정보 제공

- 기생충 종목록과 유전자원을 기초로 제공하는 국가생물자산화 활용
- 기생충 진단 기술 및 DB 구축을 통해, 미래 해양기생충 감염 진단, 장기 예보에 활용
- 해양생물 기생성 병원체 질병 현황 기술서 작성 활용
- 기생충 감염생태지도 (또는 질병도)를 통한 환경위해도 평가 연구 방법에 활용

## 3. 연구성과의 의의

구분	주요 내용
<p>자체 종합 평가 의견</p>	<p>□ 기생충 감염에 의한 부유생태계 먹이망 구조와 기능의 재해석</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- 기생성 와편모조류에 의한 섬모충플랑크톤의 감염과 사멸 정보를 토대로, 기존의 동물플랑크톤의 포식에 의한 미소동물플랑크톤의 소멸에 관한 해석이 기생충 감염에 의한 사멸의 영향을 포함하여 먹이망 구조와 기능에 관한 내용을 포함하여 재해석 되어야 함.</li> </ul> <p>□ 단세포 부유생물 숙주종과 기생충종을 타겟으로 형태학적, 분자생물학적, 생태학적 분석을 위한 연구 모델을 제시</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- 연구 접근이 어려웠던 마이크로 기생충을 대상으로 기생충 형태, 분자, 생리, 생태의 전 범위에 걸친 역학적 연계성을 고려한 연구를 수행함으로써 향후 국내외 해양의 마이크로 기생충 연구추진의 모델이 될 수 있음.</li> </ul> <p>□ 해양생물의 기생충 연구를 위한 선행연구로 기술 노하우 축적</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- 기후변화에 따른 수온상승은 전 세계 해양생물의 기생충 감염을 증가시키는 추세로, 향후 국내 본격적 관련 연구 시 본 선행연구로 기술 수월성 보유.</li> </ul>

- Bachvaroff, T.R., S. Kim, L. Guillou, C.F. Delwiche and D.W. Coats, 2012. Molecular diversity of the syndinean genus *Euduboscquella* based on single-cell PCR analysis. *Appl. Environ. Microbiol.*, 78(2): 334 - 345.
- Cachon, J., 1964. Contribution a l'étude des péridiniens parasites. *Cytologie, cycles évolutifs. Ann. Sci. Nat. Zool. (Paris)*, 6: 1 - 158.
- Coats, D.W., 1988. *Duboscquella cachoni* N. Sp., a Parasitic Dinoflagellate Lethal to Its Tintinnine Host *Eutintinnus pectinis*. *J. Protozool.*, 35(4): 607 - 617.
- Coats, D.W., K.R. Bockstahler, G.M. Berg and J.H. Sniezek, 1994. Dinoflagellate infections of *Favella panamensis* from two North American estuaries. *Mar. Biol.*, 119: 105 - 113.
- Coats, D.W., Y.-O. Kim, J.M. Choi and E.S. Lee, 2014. Observations on dinoflagellate parasites of aloricate ciliates in Korean coastal waters. *Aquat. Microb. Ecol.*, 72(1): 89 - 97.
- Jung, J.-H., K.-M. Park and G.-S. Min, 2012. Morphology, morphogenesis, and molecular phylogeny of a new brackish water ciliate, *Pseudourostyla cristatoides* n. sp., from Songjiho lagoon on the coast of East Sea, South Korea. *Zootaxa*, 3334: 42 - 54.
- Jung, J.-H., J.M. Choi, D.W. Coats and Y.-O. Kim, 2016. *Euduboscquella costata* n. sp. (Dinoflagellata, Syndinea), an Intracellular Parasite of the Ciliate *Schmidingerella arcuata*. Morphology, Molecular Phylogeny, Life Cycle, Prevalence, and Infection Intensity. *J. Eukaryot. Microbiol.*, 63(1): 3 - 15.
- Jung, J.-H., J.M. Choi and Y.-O. Kim, 2018. Genus-specific PCR Primers Targeting Intracellular Parasite *Euduboscquella* (Dinoflagellata: Syndinea). *Ocean Sci. J.*, 53(1): 81 - 90.
- Montagnes, D.J.S. and D.H. Lynn, 1993. A quantitative protargol stain (QPS) for ciliates and other protists. In: P. F. Kemp, B. F. Sherr, E. B. Sherr, and J. J. Cole (eds.): *Handbook of methods in aquatic microbial ecology*. Lewis Publishers, Boca Raton, Florida. 229 - 240.
- Sonnenberg, R., A.W. Nolte and D. Tautz, 2007. An evaluation of LSU rDNA D1-D2 sequences for their use in species identification. *Front. Zool.*, 4: 6.
- Worden, A.Z., M.J. Follows, S.J. Giovannoni, S. Wilken, A.E. Zimmerman and P.J. Keeling, 2015. Rethinking the marine carbon cycle: Factoring in the multifarious lifestyles of microbes. *Science*, 347(6223): 1257594.
- Xu, D., P. Sun, M.K. Shin and Y.-O. Kim, 2012. Species boundaries in tintinnid ciliates: a case study - morphometric variability, molecular characterization, and temporal distribution of *Helicostomella* species (Ciliophora, Tintinnina). *J. Eukaryot. Microbiol.*, 59(4): 351 - 358.



- 주 의 -

1. 이 보고서는 한국해양과학기술원에서 수행한 주요사업의 연구결과보고서입니다.
2. 이 보고서 내용을 발표할 때에는 반드시 한국해양과학기술원에서 수행한 주요사업의 연구결과임을 밝혀야 합니다.
3. 국가과학기술 기밀유지에 필요한 내용은 대외적으로 발표 또는 공개하여서는 안됩니다.