



저작자표시-비영리-변경금지 2.0 대한민국

이용자는 아래의 조건을 따르는 경우에 한하여 자유롭게

- 이 저작물을 복제, 배포, 전송, 전시, 공연 및 방송할 수 있습니다.

다음과 같은 조건을 따라야 합니다:



저작자표시. 귀하는 원저작자를 표시하여야 합니다.



비영리. 귀하는 이 저작물을 영리 목적으로 이용할 수 없습니다.



변경금지. 귀하는 이 저작물을 개작, 변형 또는 가공할 수 없습니다.

- 귀하는, 이 저작물의 재이용이나 배포의 경우, 이 저작물에 적용된 이용허락조건을 명확하게 나타내어야 합니다.
- 저작권자로부터 별도의 허가를 받으면 이러한 조건들은 적용되지 않습니다.

저작권법에 따른 이용자의 권리는 위의 내용에 의하여 영향을 받지 않습니다.

이것은 [이용허락규약\(Legal Code\)](#)을 이해하기 쉽게 요약한 것입니다.

[Disclaimer](#)

석사학위논문

제주 함덕 연안 지역
오분자기(*Haliotis diversicolor*)의
유전적 다양성 변화

제주대학교 산업대학원

증식학과

이 보 람

2021년 8월

제주 함덕 연안 지역
오분자기(*Haliotis diversicolor*)의
유전적 다양성 변화

지도교수 이 영 돈

이 보 램

이 논문을 이학 석사학위 논문으로 제출함

2021년 8월

이보람의 증식학 석사학위 논문을 인준함

심사위원장 여 인 규

위 원 박 상 율

위 원 이 영 돈



제주대학교 산업대학원

2021년 8월

Genetic diversity of *Haliotis diversicolor* in
Hamdeok, Jeju coastal waters

Bo-Ram Lee
(Supervised by professor Young-Don Lee)

A THESIS SUBMITTED IN PARTIAL
FULFILLMENT OF THE REQUIREMENT FOR THE
DEGREE OF MASTER OF SCIENCE

2021. 8.

DEPARTMENT OF MARINE LIFE SCIENCE
GRADUATE SCHOOL
JEJU NATIONAL UNIVERSITY

목 차

List of Tables	i
List of Figures	iii
국문초록	v
Abstract	vi
I. 서론	1
II. 재료 및 방법	4
1. 제주 연안에 서식하는 오분자기	4
1) 오분자기 생태특성	4
2) 오분자기 어획량 변동	5
2. 방류 오분자기 생산	5
1) 방류 오분자기 생산	5
2) 제주 연안 오분자기 방류 현황	5
3. 함덕 연안 오분자기 방류	6
1) 오분자기 방류 지점	6
2) 오분자기 방류 방법	6
3) 오분자기 어획량 조사	6
4) 연차별 오분자기 성장 변화 조사	6
4. 함덕 연안 오분자기 방류에 따른 유전적 다양성 조사	9
1) 시료 수집	9
2) Genomic DNA 추출	9
3) MS 마커와 대립유전자형 결정	10
4) 유전적 다양성 및 계통 유연관계 분석	10

Ⅲ. 결과 및 고찰	12
1. 제주 연안에 서식하는 오분자기	12
1) 오분자기 생태특성	12
2) 오분자기 어획량 변동	13
2. 방류용 오분자기 생산	14
1) 방류 오분자기 생산	14
2) 제주 연안 오분자기 방류 현황	16
3. 함덕 연안 오분자기 어획량 변화	17
4. 함덕 연안 연차별 오분자기 성장 변화 조사	19
5. 함덕 연안 방류 후 오분자기 집단 유전적 다양성 변화	21
1) 전체 집단에서 MS 대립유전자형의 유전적 다양성	21
2) 함덕 지역의 연도별 유전적 다양성	23
3) 유전자 좌위별 대립유전자의 연도별 출현 양상	25
Ⅳ. 참고문헌	42

List of Tables

Table 1. Number of cultured juvenile <i>H. diversicolor</i> released from 2017 to 2020 in Hamdeok-ri coastal waters	5
Table 2. Populations of <i>H. diversicolor</i> used for genetic analysis in Hamdeok-ri coastal waters	9
Table 3. Amount of <i>H. diversicolor</i> in Jeju coastal waters	13
Table 4. Procedure of <i>H. diversicolor</i> seed production in Ocean and Fisheries Research Institute	15
Table 5. Release number of <i>H. diversicolor</i> artificially produced in Jeju coastal waters	16
Table 6. Harvest amount and price of <i>H. diversicolor</i> from 2018 to 2020 in Hamdeok-ri coastal waters	18
Table 7. Growth rates for external traits and body weights of <i>H. diversicolor</i> artificially produced during three years after release in Hamdeok-ri coastal waters	20
Table 8. Number of alleles and genetic diversities of the MS genotypes of <i>H. diversicolor</i> in Hamdeok-ri coastal waters	21
Table 9. Summary of the statistics for 10 microsatellite loci in four population of <i>H. diversicolor</i> in Hamdeok-ri coastal waters	24
Table 10. Allele frequency analysis of KHds01 loci in <i>H. diversicolor</i>	26
Table 11. Allele frequency analysis of KHds06 loci in <i>H. diversicolor</i>	27
Table 12. Allele frequency analysis of KHds07 loci in <i>H. diversicolor</i>	29
Table 13. Allele frequency analysis of KHds10 loci in <i>H. diversicolor</i>	30
Table 14. Allele frequency analysis of KHds11 loci in <i>H. diversicolor</i>	32
Table 15. Allele frequency analysis of KHds12 loci in <i>H. diversicolor</i>	33

Table 16. Allele frequency analysis of KHds15 loci in *H. diversicolor* 35

Table 17. Allele frequency analysis of KHds16 loci in *H. diversicolor* 36

Table 18. Allele frequency analysis of KHds17 loci in *H. diversicolor* 38

Table 19. Allele frequency analysis of KHds19 loci in *H. diversicolor* 39

List of Figures

Fig. 1.	Morphological characteristic of <i>H. diversicolor aquatilis</i> and <i>H. diversicolor diversicolor</i>	4
Fig. 2.	Released site of cultured <i>H. diversicolor</i> in Hamdeok-ri coastal waters, Jeju-do, South Korea	7
Fig. 3.	<i>H. diversicolor</i> release and installation of protective net in Hamdeok-ri coastal waters	8
Fig. 4.	PCR amplification for 10 MS markers of <i>H. diversicolor</i> used in this study	11
Fig. 5.	Examples of MS genotyping for KHds10 (6FAM), KHds06 (VIC), KHds11 (NED) and KHds19 (PET) of <i>H. diversicolor</i> in Hamdeok-ri coastal waters	11
Fig. 6.	Amount of <i>H. diversicolor</i> in Jeju coastal waters	13
Fig. 7.	Release number of <i>H. diversicolor</i> artificially produced in Jeju coastal waters	16
Fig. 8.	Harvest amount of <i>H. diversicolor</i> from 2018 to 2020 in Hamdeok-ri coastal waters	18
Fig. 9.	Growth change of <i>H. diversicolor</i> artificially produced during three years after release in Hamdeok-ri coastal waters	20
Fig. 10.	Allele frequency for KHds01 loci in <i>H. diversicolor</i>	26
Fig. 11.	Allele frequency for KHds06 loci in <i>H. diversicolor</i>	27
Fig. 12.	Allele frequency for KHds07 loci in <i>H. diversicolor</i>	29
Fig. 13.	Allele frequency for KHds10 loci in <i>H. diversicolor</i>	30
Fig. 14.	Allele frequency for KHds11 loci in <i>H. diversicolor</i>	32
Fig. 15.	Allele frequency for KHds12 loci in <i>H. diversicolor</i>	33
Fig. 16.	Allele frequency for KHds15 loci in <i>H. diversicolor</i>	35

Fig. 17. Allele frequency for KHds16 loci in *H. diversicolor* 36
Fig. 18. Allele frequency for KHds17 loci in *H. diversicolor* 38
Fig. 19. Allele frequency for KHds19 loci in *H. diversicolor* 39

국문초록

이 연구는 제주특별자치도 제주시 조천읍 함덕리 연안에서 자원량의 감소로 인해 인공생산된 치패를 방류하고 있는 오분자기의 생산량, 성장 양상과 유전적 다양성의 변화를 조사하였다. 인공생산된 오분자기 치패의 방류 이후 오분자기의 매년 5월 생산량은 2018년 3.9 kg, 2019년 7.2 kg, 2020년 23.2 kg으로 지속적인 증가 추세를 보였고, 판매액도 2018년 대비 2019년 2배, 2020년 6배 가량 증가하였다. 1년생 치패 방류 후 3년간 성장형질의 변화를 측정한 결과, 각장은 약 15.24 mm/year, 각폭은 11.51 mm/year, 각고는 3.65 mm/year, 전중량은 15.62 g/year 증가하였다. 전중량의 경우 방류 후 1년 동안 6.79 g/year 증가하였으나, 2년차에는 9.92 g/year, 3년차에는 30.16 g/year의 성장을 보여 방류 2년 이후 빠른 성장을 나타내었다. 전체 오분자기 집단에서 결정된 MS 마커 대립유전자의 수는 17.1 ± 4.76 , 관찰이형접합율 0.725 ± 0.110 , 기대이형접합률 0.791 ± 0.129 로 2017년 수집된 오분자기 집단(HD17)과 2018년에 수집된 집단(HD18)에 비해 2019년(HD19), 2020년(HD20)에 수집된 집단의 MS 마커 대립유전자 수는 증가된 양상을 보였다. HD19, HD20에서 산출된 관찰이형접합률, 기대이형접합률, 다형정보량 등도 HD17, HD18 보다 증가된 양상을 보였다. 또한 HD17, HD18에서 검출되지 않았던 MS 유전자좌위의 대립유전자들이 HD19에서 12개, HD20에서 35개가 추가로 관찰되었다. 이번 연구에서 확인된 결과들을 종합해 보면, 함덕 연안에서 인공생산된 오분자기 치패의 지속적인 방류 이후, 치패들이 자연상태에서 적응하여 성장하고 있고, 방류 지역에서의 재생산이 이루어지고 있으며, 이 지역 오분자기 집단의 유전적 다양성도 높아지고 있음을 확인하였다. 인공생산된 오분자기 치패의 방류가 연안에서 오분자기 어획량의 증가와 소득액 증대, 집단의 유전적 다양성의 향상 등 긍정적인 결과를 나타냄에 따라, 오분자기, 전복, 소라 등 자원량이 급감하고 있는 연안 부착동물의 인공생산된 치패 방류가 자연자원 보호, 안정적인 어획량 확보, 집단의 유전적 다양성을 증진시킬 수 있는 좋은 전략이 될 것으로 기대된다.

Abstract

This study investigated the catch amounts, growth pattern, and genetic diversity of the released small abalone, *Haliotis diversicolor* population harvested at the Hamdeok, Jeju coastal waters. The released small abalone, *H. diversicolor* were introduced from those produced artificially in the aqua-farm to recover catch amounts of this species.

After the release of artificially produced small abalone, *H. diversicolor*, the catch amount were investigated in annually May from 2018 to 2020, the catch was 3.9 kg in 2018, 7.2 kg in 2019, and 23.3 kg in 2020. In addition, the selling price was also increased twice in 2019, and 6 times in 2020 compared to that of 2018.

The results of measurement for external traits of small abalone, *H. diversicolor* during 3 years after release showed that those have grown about 15.24 mm/year in shell length, 11.51 mm/year in shell width, 3.65 mm/year in shell height, and 15.62 g/year in body weight. Body weights increased 6.79 g in 1st year, 9.92 g in 2nd year, and 30.16 g in 3rd year, showing the fastest growth in 2nd year after the release of 1 year-old juvenile small abalone, *H. diversicolor*.

MS genotyping of *H. diversicolor* results analyzed in overall populations showed not only increased levels of the observed heterozygosity 0.725 ± 0.110 and the expected heterozygosity 0.791 ± 0.129 comparing to those of populations collected in 2017(HD17) and 2018(HD2018), but also increased numbers of alleles determined from each MS markers. Values measured in HD19 and HD20 of *H. diversicolor* showed the increased in all genetic diversities. In addition, 12 and 35 alleles were newly observed in HD19 and HD20, which not detected in HD17 and HD18 of *H. diversicolor*.

The results of this study assessed that after the continuous release of artificially produced juvenile small abalones, released juveniles are adapting and growing well in their natural habitat, reproduction is also taking place in the release site, catch amount and local fisheries gains are improving, and contributing to increasing genetic diversity of the population of *H. diversicolor* in the Hamdeok-ri coastal waters.

Therefore, this study suggested that continuous release of small abalone, *H. diversicolor*, which is rapidly declining in resources, may be a useful strategy to recover natural resources, secure a stable fishing, and enhance the genetic diversity of the population.

I. 서론

오분자기(*Haliotis diversicolor*)는 크기가 10 cm 미만인 소형 전복류로, 2월 평균수온이 12°C 이상인 태평양 열대 지역에서 온대까지 분포한다. 우리나라를 비롯한 중국과 일본의 남부 지역, 대만 등 동아시아 지역에서 발견되며, 제주도 연안에서는 수심 3-5 m 지역에 서식한다. 보통 조간대의 암반이 발달한 지역에 서식하며, 패각은 타원형이고 평평하며 공열은 7-9개의 구멍으로 열려있다(Geiger, 1999; 김성훈, 2008; Yoo et al., 2009).

최근 전복, 오분자기, 소라와 같은 연안 부착생물은 지나친 어획과 수온상승, 육상오염수 유입으로 인한 생태계 변화 등 복잡한 요인으로 인해 생물량이 급격히 감소하고 있다(Ohno, 1993; 김 등, 2000; Serisawa et al., 2004; 김, 2008). 제주 연안에서 오분자기 자원량은 1990년대 중반까지 연간 150톤 이상의 생산량을 보이다가, 2000년대 초 60톤 내외로 감소하였고, 생산량이 지속적으로 감소하여 2019년, 2020년에는 4톤에 불과하다(최미경, 2009; 통계청, 2020). 연안 오분자기 자원량 증가를 통한 안정적인 어획량 확보를 위해 오분자기 종자 방류가 요구되고 있다. 우리나라에서 전복류에 대한 종묘생산 연구는 1972년부터 진행되었으며, 오분자기는 2000년대 초반부터 종자생산 기술개발이 시작되어 현재는 생산된 종자를 연간 방류하는 단계이다(JSFR, 2012; Kang, 2013; 이 등, 2018).

제주도 연안에 분포하는 오분자기에 대한 연구는 수온과 염분 변화에 대한 생리적 특성, 서식환경의 특성, 번식과 관련된 생식주기와 산란시기에 대한 연구결과들을 볼 수 있다. 오분자기는 저수온보다 급격한 고수온 상승에 생존율이 감소되며, 고수온 저염분 스트레스는 오분자기의 면연력 저하를 가져와 집단 폐사의 원인이 될 수 있다(김 등, 2009; 강, 2011; 여, 2017). Yoo et al. (2009)은 오분자기가 5 m 이하의 낮은 수심에서 성계와 같은 장소에서 서식하여, 공간적 경쟁관계일 가능성을 제시하였다. 또한 이 지역에서는 어린 전복류의 주된 포식자로 알려진 놀래기류와 게류가 함께 서식한다(Shepherd and Daume, 1996). 오분자기의 초기성장에서 부화 후 12개월에 난소와 정소의 분화가 이루어지며(김, 2008), 산란기는 7월

에서 10월이다(Lee and Lee, 1982; 김, 2008).

유전적 다양성은 집단 내에서 DNA 서열의 차이를 나타내며, 돌연변이율, 염기 변이율, 유효집단(effective population)의 크기, 단상체 다양도 등에 의해 결정된다(Ellegren and Galtier, 2016; Xu et al., 2019). 유전적 다양성은 생물학적으로 환경에 대한 적응과 진화의 수준을 결정하는 핵심적인 요인으로 간주되고 있다(Ellegren and Galtier, 2016; Wang et al., 2019). 집단의 유전적 다양성이 낮아지면, 번식 성공률이 감소하고, 감염성 질병에 대한 저항성이 저하되며, 환경 변화에 대한 적응력도 떨어진다(Reed and Frankham, 2003; Vandewoestijne et al., 2008). 다양한 자연적, 인위적 요인들은 생물종의 유전적 변이와 집단의 유전적 다양성에 영향을 미친다. 어떠한 이유에서건 집단의 규모가 감소되면, 유전적 병목 현상, 개체군의 분리, 유전자 흐름의 차단 등이 유발되고, 결과적으로 번식 개체수의 감소에 따라 유전적 다양성은 감소하게 된다(Forsdick et al., 2017; Murphy et al., 2018). 유전적 다양성에 대한 평가는 종, 또는 집단의 진화를 이해할 수 있는 자료를 제공할 뿐만 아니라, 효율적인 보존과 관리에도 필수적인 자료가 되고 있다. 예를 들어, 모계유전 마커인 미토콘드리아 DNA 서열의 다형성은 모계 위주의 진화 역사를 이해할 수 있는 정보가 되고(Jacobsen et al., 2012; Khanal et al., 2018), 핵 DNA microsatellite (MS) 마커는 1-5 염기쌍(base pair, bp)으로 구성된 일련의 염기서열 단위가 반복되어 있는 구간으로, 유전체 내의 높은 돌연변이율을 나타내어(Vieira et al., 2016), 개체 식별, 친자확인, 집단의 혈통구조, 암-수 간 짝짓기 행동, 집단의 유전적 다양성의 변화를 판단할 수 있는 근거로 이용되고 있다(Schenk and Kovacs, 1995; Zeyl et al., 2009; Gonzalez et al., 2014; Xenikoudakis et al., 2015). An et al. (2013)은 MS 마커의 다형성을 근거로 제주도 4개(우도, 표선, 태흥, 애월) 집단의 유전적 다양성을 분석한 결과 매우 높은 유전적 다양성과 이형접합체 결핍을 보였다.

연안 자원의 감소로 인해 오분자기 방류에 대한 요구가 증가했으며, 이에 따라 종자생산기술 개발과 치패 방류를 진행해 왔으나, 오분자기 치패 방류의 생태학적, 경제학적, 집단유전학적 측면에서의 효과에 관한 연구결과는 찾아보기 힘들다. 이에 이 연구는 제주도 북동쪽에 위치한 함덕 연안에서 오분자기 연도별 생산량과 소득액의 변화, 방류 치패의 연차별 성장, 집단의 유전적 다양성의 변화를 조사하

여 오분자기 치패 방류의 효과를 시험하였다.

II. 재료 및 방법

1. 제주 연안에 서식하는 오분자기

1) 오분자기 생태특성

제주 연안에는 오분자기(*Haliotis diversicolor aquatilis*), 마대오분자기(*Haliotis diversicolor diversicolor*) 2종이 서식한다(원 등, 2014; 김과 현, 2018). 오분자기의 각장은 보통 5-6 cm 정도로서 각은 타원형이며 낮고 편평하면서 얇고 크기가 작다. 호수공은 낮고 평탄한 소형으로 밀집하여 6-8개가 열려있어 다른 전복류와 쉽게 구분된다. 마대오분자기는 오분자기와 비슷하지만 각정이 높다는 특징을 지니고 있으며, 가장 특징적인 것은 각 표면에 명확한 방사늑이 있는 것이 오분자기와의 차이점이다. 오분자기는 해조류를 갉아 먹으며, 제주도 조간대 상층부인 얇은 곳에 서식한다(양과 최, 2011; 김과 현, 2019).

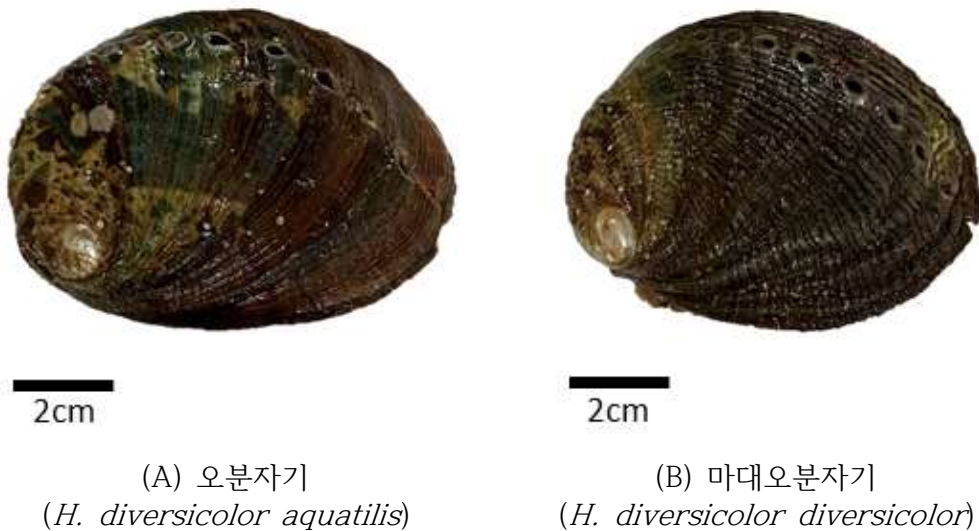


Fig. 1. Morphological characteristic of *H. diversicolor aquatilis* and *H. diversicolor diversicolor*.

2) 오분자기 어획량 변동

오분자기의 어획량 변동은 통계청(2020) 어업별 통계자료, 제주대학교 도서관 연구 자료, 제주특별자치도 연구사업보고서 등의 문헌 조사를 통하여 확인하였다.

2. 방류 오분자기 생산

1) 방류 오분자기 생산

오분자기의 종자 생산 과정은 어미사육, 수정란 생산, 유생사육, 먹이배양, 부착 치패사육과정을 통해 이루어진다.

2) 제주 연안 오분자기 방류 현황

오분자기 방류사업용 치패는 제주특별자치도 해양수산연구원 방류사업용으로 육성된 치패를 공급받아 이용하였다. 2017년 5월부터 2020년 4월까지 총 5회에 걸쳐 총 62,000마리를 방류하였다(Table 1).

Table 1. Number of cultured juvenile *H. diversicolor* released from 2017 to 2020 in Hamdeok-ri coastal waters

Time of release	Number of released individuals
May 2017	2,000
May 2018	5,000
December 2018	15,000
April 2019	20,000
April 2020	20,000
Total	62,000

3. 함덕 연안 오분자기 방류

1) 오분자기 방류 지점

오분자기 치패는 제주특별자치도 제주시 조천읍 함덕리에 위치한 함덕어촌계 마을어장 내(N 33°32'59", E 126°39'30")에 방류하였다. 방류지점은 환경오염이 적고, 담수 유입의 영향이 적은 조간대와 조하대 해역을 지정하였다(Fig. 2).

2) 오분자기 방류 방법

사전연구를 통해 방류 후 생존율이 높았던 암반 사이나 크랙 등이 있어 쉘터(shelter)의 설치가 용이하고 부착하기 좋은 곳을 선정하였다. 오분자기 치패가 부착된 쉘터를 이식한 후 해적 생물 등의 침입을 방지하기 위하여 보호그물망을 설치하였다(Fig. 3).

3) 오분자기 어획량 조사

오분자기 치패방류 이후 연도별 어획량과 판매금액을 조사하였다. 어획량과 판매금액은 2018년부터 2020년까지 함덕리 마을어장에서 해녀들에 의해 채취되어 수매된 기록을 함덕어촌계에서 제공받았다.

4) 연차별 오분자기 성장 변화 조사

2017년 방류한 오분자기를 수집하여 제주대학교 해양과학연구소 내 실험실로 옮겨 민 등(2004), 양과 최(2011)의 자료를 참고하여 종을 동정하였다. 해양수산연구원(2019)에 제시된 연령별 크기에 대한 자료에 준하여 1년생, 2년생, 3년생으로 구분하였다. 개체별 외부 형태는 각장(shell length, SL), 각고(shell height, SH), 각폭(shell breadth, SB)과 전중량(body weight, BW)을 측정하였다.



Fig. 2. Released site of cultured *H. diversicolor* in Hamdeok-ri coastal waters, Jeju-do, South Korea.



(A) Cultured *H. diversicolor*



(B) Installation of shelter



(C) Intertidal region



(D) Subtidal region

Fig. 3. *H. diversicolor* release and installation of protective net in Hamdeok-ri coastal waters.

4. 함덕 연안 오분자기 방류에 따른 유전적 다양성 조사

1) 시료 수집

유전자 분석에 이용한 오분자기는 2017년부터 2019년까지 방류 사업의 모니터링과정에서 수집하였다(HD17, HD18, HD19). 2020년에는 함덕리 마을어장에서 해녀들이 어획한 개체들(HD20)을 제공받아 시험에 이용하였다(Table 2).

Table 2. Populations of *H. diversicolor* used for genetic analysis in Hamdeok-ri coastal waters

Population ¹	Number of sample	Collection time
HD17	27	October 2017
HD18	12	June 2018
HD19	48	July 2019
HD20	92	June 2020
Total	179	

¹, HD, Hamdeok-ri, Jeju-si, Jeju-do, South Korea

2) Genomic DNA 추출

DNA 추출은 DNeasy Blood & Tissue kit (QIAGEN, Germany)를 이용하였다. 수집된 오분자기의 0.1 g 정도의 근육을 취하고, 1.5 ml microcentrifuge tube에 넣은 후 180 µl Buffer ATL, 20 µl proteinase K를 첨가한 후 시료를 56°C에서 배양하면서 혼합하였다. 용해된 시료에 200 µl Buffer AL을 첨가하고 56°C에 10 분간 반응시켰다. 반응이 끝난 시료에 200 µl 에탄올을 첨가한 후, microcolumn filter를 이용하여 DNA를 회수하였다. 회수한 DNA의 흡광도를 측정하고, A_{260}/A_{280} 비율이 1.8~2.0인 DNA를 중합효소연쇄반응(polymerase chain reaction, PCR)을 위한 주형으로 이용하였다.

3) MS 마커와 대립유전자형 결정

대립유전자형 분석을 위해 사용된 MS 마커는 An et al. (2012)이 제안한 MS 마커 중 사전시험을 통해 선발한 10종을 이용하였다. MS 마커의 forward primer에 6FAM (KHds01, KHds10, KHds12, KHds15), VIC (KHds06, KHds07), NED (KHds11, KHds17), PET (KHds16, KHds19) 등 4 가지 형광분자를 표지하였다. PCR 반응은 Multiplex PCR Plus Kit (QIAGEN, Germany)를 이용하여 2× PCR master mix 5.0 μl , 10× loading dye 1.0 μl , 10 ng/ μl 의 genomic DNA 1.0 μl , primer 각각 0.5 μl 에 증류수를 첨가하여 최종 10.0 μl 로 반응하였다. PCR 증폭은 Mastercycler Gradient (Eppendorf, Hamburg)를 사용하였다. PCR cycling은 95°C에서 5분간 초기 변성 후, 95°C에서 30초, 65°C에서 60초, 72°C에서 60초를 1 cycle로 하는 연쇄반응을 10회 반복하였으며, 95°C에서 30초, 55°C에서 60초, 72°C에서 45초를 1cycle로 하는 연쇄반응을 30회 반복하고, 72°C에서 10분 간 최종 신장하는 Touchdown PCR 방법을 이용하였다. PCR 산물은 EtBr (ethidium bromide)이 포함된 2% agarose gel에서 전기영동하여 UV image analyzer에서 확인하였다(Fig. 4). 증폭된 PCR 산물은 증류수를 이용하여 희석한 다음, ABI 3730XL DNA analyzer (Applied Biosystems, USA)로 전개하였고, GeneMapper version 4.1 (Applied Biosystems, USA)을 이용하여 대립유전자의 크기를 결정하였다(Fig. 5).

4) 유전적 다양성 및 계통 유연관계 분석

전체 집단에서 MS 마커의 대립유전자형에 대한 유전적 다양성을 평가하기 위해 대립유전자 수(number of alleles for each locus, k), 관찰이형접합률(observed heterozygosity, HObs), 기대이형접합률(expected heterozygosity, HExp), 다형 정보량(polymorphism information content, PIC)을 CERVUS 3.0.7 (Marshall 등, 1998)로 산출하였다. GenAlEx 6.5 (Pekall and Smouse, 2012)를 이용하여 대립유전자 빈도를 산출하고 그래프를 작성하였다.

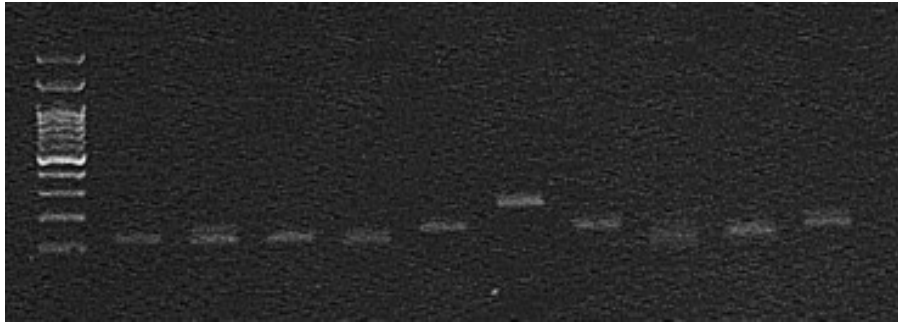


Fig. 4. PCR amplification for 10 MS markers of *H. diversicolor* used in this study.

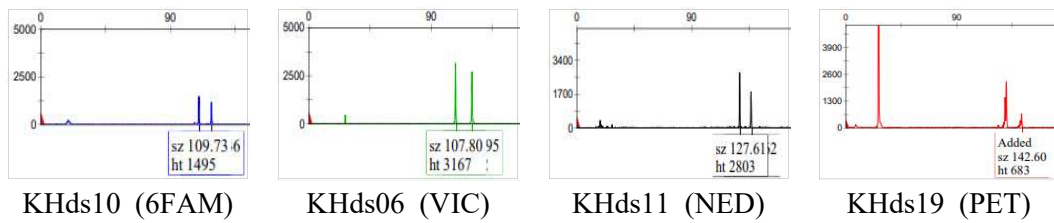


Fig. 5. Examples of MS genotyping for KHds10 (6FAM), KHds06 (VIC), KHds11 (NED) and KHds19 (PET) of *H. diversicolor* in Hamdeok-ri coastal waters.

Ⅲ. 결과 및 고찰

1. 제주 연안에 서식하는 오분자기

1) 오분자기 생태특성

제주 연안에는 오분자기(*Haliotis diversicolor aquatilis*), 마대오분자기(*Haliotis diversicolor diversicolor*) 2종이 서식한다(원 등, 2014; 김과 현, 2018). 오분자기의 각장은 보통 5-6 cm 정도로서 각은 타원형이며 낮고 편평하면서 얇고 크기가 작다. 호수공은 낮고 평탄한 소형으로 밀집하여 6-8개가 열려있어 다른 전복류와 쉽게 구분된다. 마대오분자기는 오분자기와 비슷하지만 각정이 높다는 특징을 지니고 있으며, 가장 특징적인 것은 각 표면에 명확한 방사늑이 있는 것이 오분자기와의 차이점이다. 오분자기는 해조류를 갉아 먹으며, 제주도 조간대 상층부인 얇은 곳에 서식한다(양과 최, 2011; 김과 현, 2019).

오분자기의 생식주기는 생식세포 발달 단계에 따라 분열증식기, 성장기, 성숙기, 부분산란 및 방정기, 퇴행기, 회복기의 연속적인 6단계로 구분할 수 있다(김 등, 2012). 성결정은 부화 후 11개월부터 진행되어 12개월에는 성 분화가 약 96% 정도 이루어져 난소와 정소가 발달되고 성 결정이 이루어지며(김, 2008), 암컷은 7~11월에 산란한다(Lee and Lee, 1982).

2) 오분자기 어획량 변동

Table 3. Amount of *H. diversicolor* in Jeju coastal waters (Statistics Korea, 2020)

Year	1993	1994	1995	2000	2005	2010	2015	2016	2017	2018	2019	2020
Amount (ton)	182	200	159	35	66	27	4	5	5	1	4	4

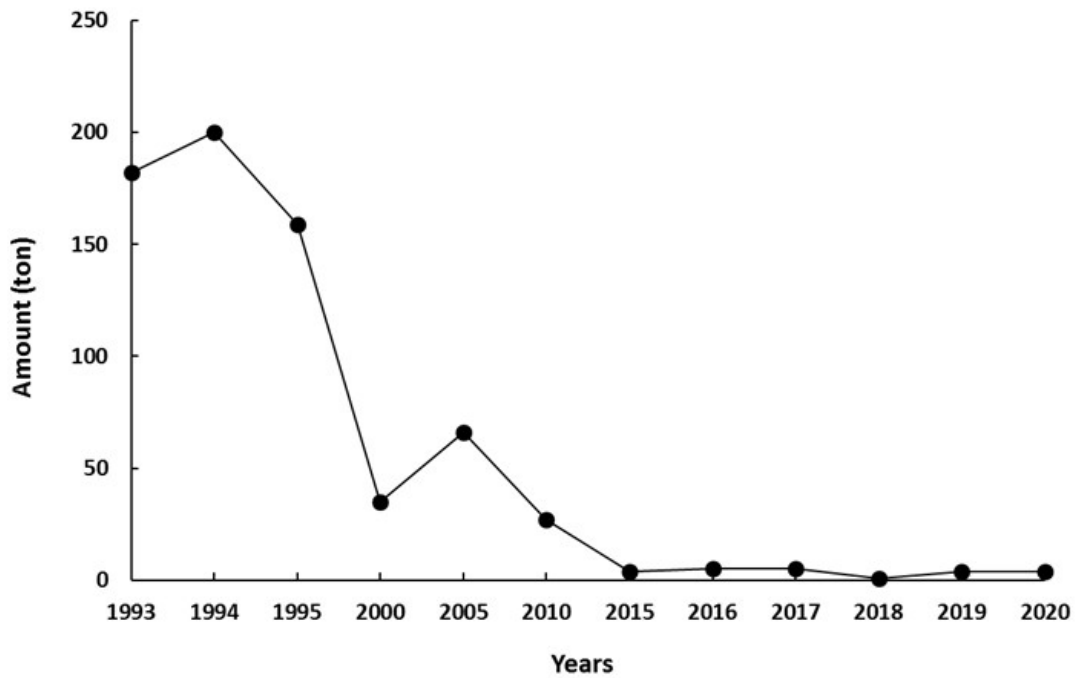


Fig. 6. Amount of *H. diversicolor* in Jeju coastal waters (Statistics Korea, 2020).

2. 방류용 오분자기 생산

1) 방류 오분자기 생산

오분자기는 고수온기인 여름철에 한하여 연 1회 생산이 가능하며, 종묘생산과정은 어미사육관리, 산란유발 및 인공수정, 유생관리 및 채묘, 치패박리 및 중간육성과정으로 진행된다.

어미사육은 종묘생산의 기초단계로 사육수온은 17~25°C(사육수온 13~27°C), 조도는 3,000~5,000 lux, 수질환경은 염도 32~34 ‰, 용존산소 5.1~6.2 mg/L를 유지하는 것이 좋다. 비중은 1.023~1.026로 유지하고 먹이는 해조류를 전 중량대비 평균 5%로 일일섭식량으로 급이 한다.

오분자기는 보통 패각장 30 mm 정도에서 자연산란이 이루어지지만 질 좋은 수정란을 확보하려면 50 mm급이 적정하다. 성숙한 어미는 육안으로 간장이 패각외부로 돌출된 것을 암수 4:1의 비율로 분리수용한 후 간출자극(28°C±1°C/50~60분)과 자외선조사해수자극(수온 25~27°C/90분)을 병행하여 산란유도를 한다.

수정란의 수용밀도는 1,200개/mL를 유지시키고 부화는 20°C 기준 수정 후 67시간 정도가 소요되므로 유생관리는 발생시간을 고려 수온변화 기록에 주의를 해야 한다. 유각은 부화 후 4~5시간 정도 소요되므로 지수상태를 유지시키는데 보통 부화유생은 수직운동 ⇒ 군집형성 ⇒ 분산단계를 거치므로 육안적으로 분산단계에서 주수를 해주면 무방하다. 유생의 발달단계는 전복류와 같이 trochophora와 veliger 단계를 거치는 것이 공통적이기 때문에 유생사육시 먹이공급은 필요치 않다. 오분자기 유생채묘 시 전복과 다른 것은 채묘시의 수온이다. 채묘조의 수온이 21°C이하이면 유생은 veliger 단계에서 발생이 멈추고 부착을 하지 않은 경향이 있으므로 수온유지가 중요하며 적정한 수온은 23°C가 가장 알맞다.

채묘밀도는 현장조건에 따라 다르지만 자연 부착율이 6~9%정도는 나타나므로 부착파판당 500~700개체면 적당하다. 수온이 알맞으면 6시간이내에 부착을 하기 때문에 주수는 채묘 후 6시간(지수) ⇒ 12시간(약한 주수) ⇒ 24시간(본 주수)의 단계로 나누어 한다. 조도는 부착 후 최소 15일까지는 8,000 Lux이하로 유지하는 것이 좋고 이후 성장단계 및 먹이조건에 따라 25,000 Lux까지 단계별로 조절을

해준다. 종묘생산 시 적정한 먹이는 *Nitzschia*, *Navicula*, *Cocconeis*, *Lichmophra* 등이 좋으나 제주도의 지역적 또는 계절적인 영향으로 특정종을 우점시키는 데 많은 경험이 필요하다.

치패는 부착 후 4개월이면 10 mm정도로 성장을 하는데 치패박리는 필요 불급한 경우를 제외하고는 크기별로 나누어 선별 박리한다. 오분자기는 패각에 비하여 육질부가 많으므로 손으로 박리를 할 때 패각과 육질이 분리되어 대량 폐사로 이어지는 경우가 있으므로 가급적이면 약품박리를 이용하는 것이 좋으며, Vitamin₁₂개열을 수온에 따라 10~15%를 희석하여 분무하는 방식을 통해 많은 효과를 내고 있다. 오분자기는 여러 요인에 의한 초기 감모가 많은 종이지만 박리 후 20~30 mm까지 중간육성기간에는 생존율이 높다.

그러나 자연 산란군에 가입되는 30 mm이상에서는 일시적 폐사, 기형발생 등 실내사육에는 많은 어려움도 존재하고 있어 이에 대한 연구가 필요한 실정이다. 오분자기와 마대오분자기는 성장은 마대오분자기가 조금 빠른 경향을 보인다.

보통 사육밀도는 2,500마리/m²가 적정하며 주수량은(10~20mm기준) 12회전 정도가 적정하다(김과 현, 2018).

Table 4. Procedure of *H. diversicolor* seed production in Ocean and Fisheries Research Institute

어미사육	채란시기는 6~9월, 사용어미는 자연산, 사육조건은 수온 18~23°C, 먹이공급은 해조류, 조도조절은 1,000 Lux이내, 성숙조절은 자연수온 사육으로 한다.
수정란생산	산란반응개시는 최초자극 후 1시간 이내, 산란시간은 19~24시, 1마리당 산란량은 최대 300,000개, 인공수정은 정충첨가법, 수정농도는 정충 3,000개/egg, 수정시간은 방란 후 1시간 내, 수정란 수거는 수정 후 2분 내, 수정란 세란은 4~5회이다.
유생사육	수정란은 세란 후 즉시 수용하고, 유생부화는 12~13시간/20°C, 부화 후부터 주수공급, 유생사육은 3~4일, 조도조절은 1,000 Lux이내, 유생채묘는 veliger단계이다.
먹이배양	배양방법은 자연배양, 조도는 5,000~25,000 Lux, 차광조절은 65%, 채묘 전 15일부터 배양한다.
치패사육	주요먹이는 규조류이며, 유생채묘밀도는 300~500개체/배양판, 변태완료는 약 35일 소요되고, 부착치패사육기간은 4개월, 크기는 1cm급, 수확안 약품이나 손으로 처리한다.

2) 제주 연안 오분자기 방류 현황

Table 5. Release number of *H. diversicolor* artificially produced in Jeju coastal waters (Ocean and Fisheries Research Institute, 2020)

Year	2010	2011	2012	2013	2014	2016	2017	2018	2019	2020
Amount (individuals)	50,000	220,000	104,730	62,000	65,000	150,000	270,000	290,000	230,000	260,000

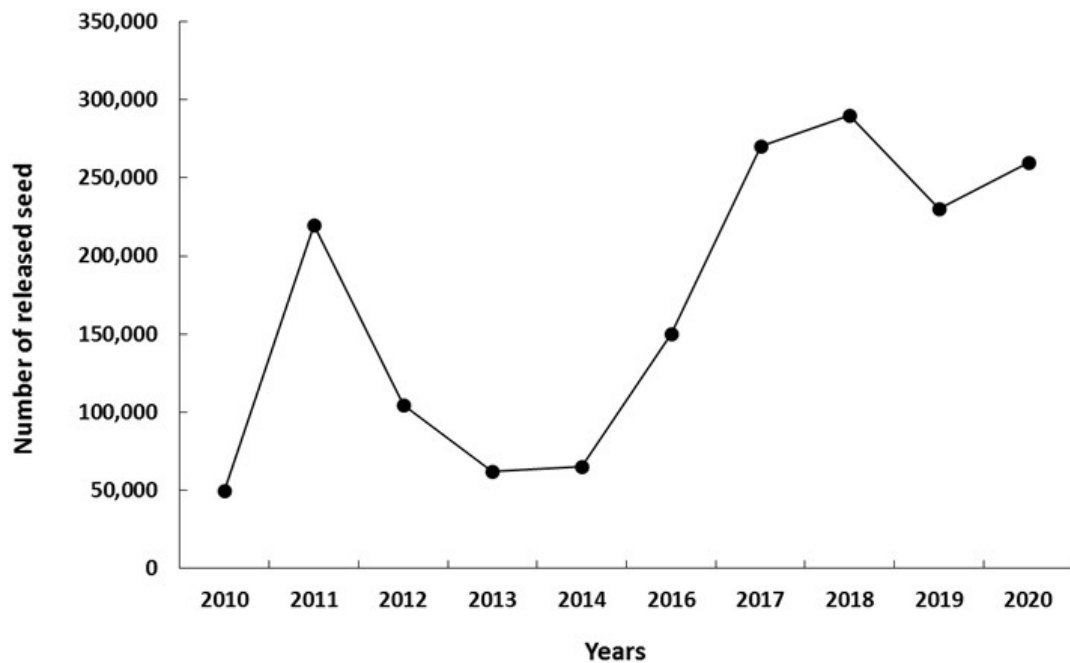


Fig. 7. Release number of *H. diversicolor* artificially produced in Jeju coastal waters. (Ocean and Fisheries Research Institute, 2020)

3. 함덕 연안 오분자기 어획량 변화

오분자기 치패 방류사업 시행 이후, 2018년부터 2020년까지 함덕리 마을어장에서 채취된 오분자기 어획량은 2018년 5월 3.9 kg, 2019년 5월 7.2 kg, 2020년 5월 23.2 kg이었다. 2018년도 대비 2019년 어획량은 1.8배, 2020년 어획량은 5.9배 증가되었다. 오분자기 판매금액 역시 2018년 52만원, 2019년 96만원, 2020년 3백9만3천원이었고, 2018년도 대비 2019년 판매금액은 약 2배, 2020년 판매금액은 약 6배 증가되었다(Table 6).

양 등(2021a)은 방류품종을 방류한 후 2-3년간 누적 어획량을 이용하여, 수산종자 방류 후 마을어장의 어획량에 미치는 경제적 효과를 간접적으로 추정된 결과, 오분자기의 누적 회수율이 30.0~42.9% 증가하였다. 그리고 제주시 한림읍 한수리와 우도면 조일리 마을어장 내 오분자기 방류 후 2-3년간 누적 어획량은 한수리 마을어장에서는 0.84배, 조일리 마을어장에서는 1.17배 어획량 증가를 보였다.

오분자기 종자를 방류한 마을어장 내 2-3년내 누적 생산량은 증가하는 추세이지만, 제주도의 오분자기 생산량이 1993년도 182톤 생산에서 2015년에는 4톤, 이후 2020년까지 4톤 이내의 생산량을 보이고 있다(Fig. 3, Table 3)(김과 현, 2019; 통계청, 2020). 2006년부터 수산자원회복계획 대상어종에 포함된 오분자기는 금어기, 체장 제한 채취, 종묘방류, 보호구역 지정 등 자원관리수단을 이용(김 등, 2011)하여 어획량 회복에 노력을 기울이고 있으나 자원량의 회복은 더딘 것으로 보인다. 그리고 어획량에 대한 통계자료 분석에 한계가 있어 직접적인 자원량 조사와 재생산 효과를 확인해야 한다.

Table 6. Harvest amount and price of *H. diversicolor* from 2018 to 2020 in Hamdeok-ri coastal waters

Content	Harvest time		
	May 2018	May 2019	May 2020
Harvest amount (kg)	3.9	7.2	23.2
Price (won)	520,000	960,000	3,093,000

Data was obtained from the Hamdeok Fishing Village Cooperatives.

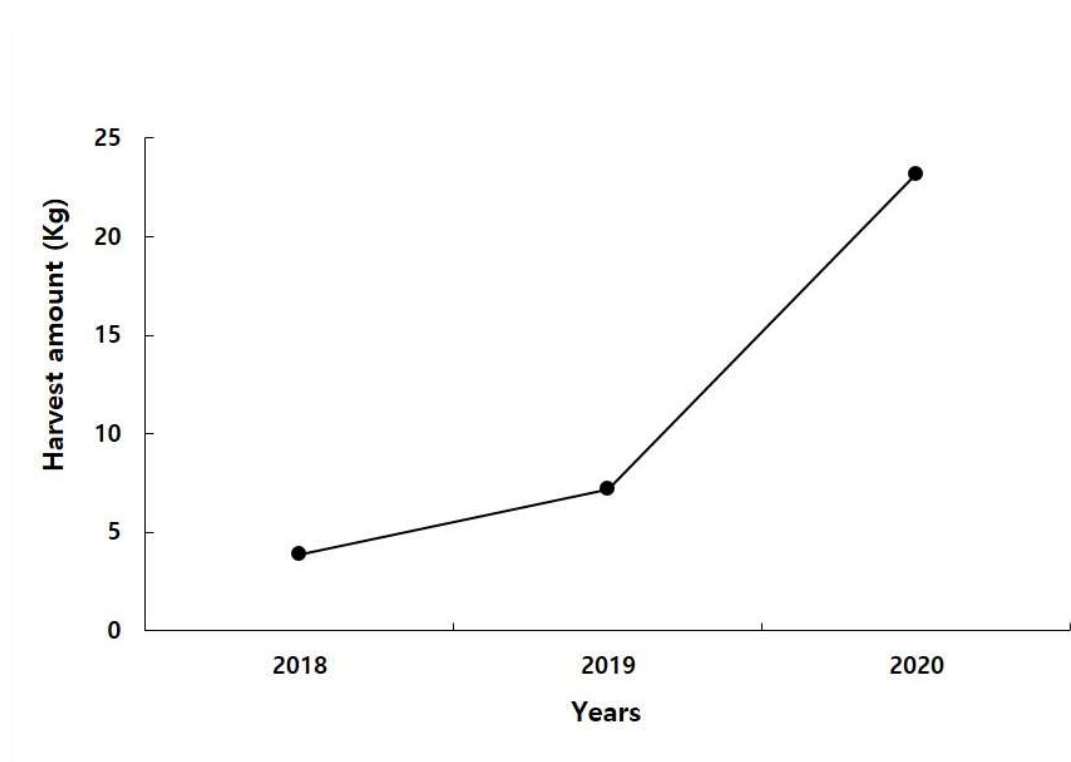


Fig. 8. Harvest amount of *H. diversicolor* from 2018 to 2020 in Hamdeok-ri coastal waters.

Data was obtained from the Hamdeok Fishing Village Cooperatives.

4. 함덕 연안 연차별 오분자기 성장 변화 조사

오분자기의 연차별 성장의 변화는 연령대별로 구분한 오분자기의 외부 형태 및 전중량으로 비교하였다. 전중량의 방류 치패(1년생)는 1.04 g, 2년생 7.83 g, 3년생 17.75 g이었다. 각장의 길이는 1년생 22.06 mm, 2년생 38.59 mm, 3년생 49.88 mm였다. 각폭은 1년생 13.92 mm, 2년생 26.44 mm, 3년생 34.82 mm였다. 각고는 1년생 4.13 mm, 2년생 8.59 mm, 3년생 10.91 mm였다(Table 7, Fig. 9).

방류 후 1년차인 2년생의 각장은 16.53 mm, 각폭은 12.52 mm, 각고는 4.46 mm 증가하였고, 체중은 6.79 g 증가하였다. 방류 후 2년차인 3년생은 2년생에 비해 각장은 11.29 mm, 각폭은 8.38 mm, 각고는 2.32 mm, 전중량은 9.92 g 증가하였다. 전체적으로 방류 3년 동안 각장은 평균 15.24 mm/year, 각폭은 11.51 mm/year, 각고는 3.65 mm/year, 전중량은 15.62 g/year 증가하였다. 오분자기의 길이와 무게 성장의 비인 BW ratio에서 각장은 1년차 0.41 g/mm, 2년차 0.88 g/mm, 3년차 1.68 g/mm였으며, 3년 간 1.02 g/mm를 나타내었다. 각폭에 대한 BW ratio는 1년차 0.54 g/mm, 2년차 1.18 g/mm, 3년차 2.21 g/mm였으며, 3년 간 1.36 g/mm를 나타내었다. 각고에 대한 BW ratio는 1년차 1.52 g/mm, 2년차 4.28 g/mm, 3년차 7.23 g/mm였으며, 3년 간 4.28 g/mm를 나타내었다(Table 7).

오분자기 치패의 연성장율(growth rate per year)은 오분자기의 초기성장률과 방류 후 생육상태에 대한 연구결과에서 약 1.5-1.7 cm/year로 조사된 바 있다.(김, 2008; 이 등, 2018). 연령산정표를 기준으로 연령조사를 하고, 방류종자 입식 후 적응상황, 어획상황 추정 등을 통해 방류품종 크기에 따른 빈도분포를 조사하였다. 오분자기는 6개월 2.5 cm, 1년 미만 3.0 cm, 2년미만 4.0 cm, 2년이상 5.0 cm로 산정되었다(해양수산연구원, 2020).

수산종자 방류사업 경제성 조사를 위해 혼획률을 조사하였고, 품종별 혼획률 조사한 결과 오분자기의 혼획률은 제주시 한림읍 한수리 66.3%, 제주시 우도면 조일리 56.3%를 나타내며, 2019년산 5~6 cm급 오분자기가 어획되어 금년도(2020년)에는 4~5 cm급 오분자기의 빈도가 높게 나타났다. 한편, 2 cm급 이하의 재생산

된 오분자기 치패의 출현빈도가 높아지고 있어서 방류에 의한 간접적 자원조성 효과가 있는지 지속적인 조사가 필요하다.(양병규 등, 2021b).

Table 7. Growth rates for external traits and body weights of *H. diversicolor* artificially produced during three years after release in Hamdeok-ri coastal waters

Duration	Shell length(mm)	Shell breadth(mm)	Shell height(mm)	Body weight(g)
	BW ratio (g/mm)	BW ratio (g/mm)	BW ratio (g/mm)	
1 st year (2019)	16.53	12.52	4.46	6.79
	0.41	0.54	1.52	
2 nd year (2018)	11.29	8.38	2.32	9.92
	0.88	1.18	4.28	
3 rd year (2017)	17.9	13.64	4.17	30.16
	1.68	2.21	7.23	
Overall mean	15.24	11.51	3.65	15.62
Ratio(g/mm)	1.02	1.36	4.28	



Fig. 9. Growth change of *H. diversicolor* artificially produced during three years after release in Hamdeok-ri coastal waters.

5. 함덕 연안 방류 후 오분자기 집단의 유전적 다양성 변화

1) 전체 집단에서 MS 대립유전자형의 유전적 다양성

함덕리 연안 오분자기는 4개 집단(HD2017, HD2018, HD2019, HD2020)에서 10종의 MS 마커의 대립유전자형을 결정하고, 유전적 다양성 지수를 산출하였다 (Table 8). 발견된 대립유전자형의 수(k)는 적게는 8개(KHds06)에서 24개(KHds07)까지 관찰되었고, 평균 17.1 ± 4.76 개가 확인되었다. 관찰이형접합율은 (HObs) 0.523(KHds01)부터 0.859(KHds12), 평균 0.725 ± 0.110 , 기대이형접합율은 (HExp) 0.530(KHds01)부터 0.904(KHds12), 평균 0.791 ± 0.129 이다. 다형성정보량 (PIC)은 0.512(KHds01)에서 0.894(KHds12)까지였으며, 평균 0.772 ± 0.135 이었다 (Table 8).

Table 8. Number of alleles and genetic diversities of the MS genotypes of *H. diversicolor* in Hamdeok-ri coastal waters

Locus	k	N	HObs	HExp	PIC	HW ¹
KHds01	12	176	0.523	0.530	0.512	NS
KHds06	8	177	0.554	0.560	0.515	NS
KHds07	24	177	0.774	0.765	0.752	NS
KHds10	14	165	0.842	0.852	0.831	NS
KHds11	21	167	0.725	0.902	0.891	NS
KHds12	22	177	0.859	0.904	0.894	ND
KHds15	21	175	0.760	0.817	0.791	NS
KHds16	18	176	0.636	0.845	0.825	***
KHds17	15	171	0.789	0.868	0.852	NS
KHds19	16	177	0.785	0.870	0.854	NS
Mean	17.1 ± 4.76		0.725 ± 0.110	0.791 ± 0.129	0.772 ± 0.135	

¹, HW, Hardy-Weinberg equilibrium

오분자기 전체 집단에 대한 MS 마커 분석결과 KHds01, KHds06 마커를 제외한 모든 마커에서 0.7 이상의 높은 이형접합률과 다형정보량을 보인다. 이 같은 현상은 다양한 해양 연체동물에서 볼 수 있고(Vadopalas et al., 2004; An and Park, 2005; Wang et al., 2011), 개체군의 크기가 크고, 높은 염기변이율이 높은 데서 기인한 결과로 제시하고 있다(Hedgecock et al., 2004). 또한 Botstein et al. (1980)은 초위성체 마커의 다형성 정도를 판단하는 기준은 기대이형접합률 (HExp) 값이 0.6 이상이고, 다형성정보지수(PIC)의 값이 0.5 이상인 마커는 다형성이 높은 마커라고 보고한 바 있어(Choy et al., 2015; 서주희 등, 2017), 이번 연구에 사용된 마커 중 KHds01, KHds06을 제외한 8종은 오분자기의 집단유전 분석에 활용할 수 있는 유전자 마커로 판단된다.

An et al. (2012)은 애월읍 동귀리의 오분자기 자연산 집단에서 대립유전자 수는 평균 13.7 ± 3.96 개, 기대이형접합율은 0.788 ± 0.127 , 방류 집단의 대립유전자 수는 평균 13.1 ± 3.56 개, 기대이형접합율은 0.768 ± 0.162 로 서로 유사한 수준이라고 보고하였다. 또한 An et al. (2013)은 우도면 조일리, 애월읍 동귀리, 표선면 표선리, 남원읍 태흥리 집단에 대한 유전적 다양성을 조사한 결과, 대립유전자의 수는 11.8 ± 3.59 (표선리 집단)에서 13.7 ± 3.70 (태흥리 집단), 기대이형접합율은 0.765 ± 0.124 (표선리 집단)에서 0.790 ± 0.127 (조일리 집단)로 보고하였다. 이번 연구에서 조사된 함덕 집단의 경우 대립유전자의 수가 17.1 ± 4.76 이었으며, 기대이형접합율은 0.791 ± 0.129 로 기존에 보고된 지역들에 비해 대립유전자의 수가 많고, 기대이형접합율도 높은 수준이었다. 이는 제주도 내에 다른 지역에 비해 함덕리 연안에서 서식하고 있는 오분자기 집단이 유전적 다양성이 더 높은 수준의 집단임을 보여준다.

2) 함덕 지역의 연도별 유전적 다양성

전체 오분자기를 시료를 수집한 년도로 구분하여 4개의 집단을 나누어 10종의 MS marker에 대한 대립유전자수(k , number of alleles), 관찰이형접합률(HObs), 기대이형접합률(HExp), 다형정보량(PIC)을 분석하였다. 4개 집단의 평균 대립유전자수의 범위는 7.3 ± 1.6 (HD18)에서 15.5 ± 4.8 (HD20)개이었다. 연구가 시작된 2017년에 수집된 HD17과 비교했을 때, HD18은 대립유전자 수가 약 12.04% 감소하였고, HD19는 약 53.01%, HD20은 86.75% 증가하였다. 대립유전자의 수가 가장 많이 발견된 HD20은 가장 적은 HD18에 비해 112.32% 증가된 양상을 보였다. 유전자좌위별 대립유전자수는 HD20 집단의 KHds07, KHds12에서 22개로 가장 많았고, HD18의 KHds01에서 5개, HD19의 KHds06에서 5개로 가장 적었다. 집단별 평균 관찰이형접합률(HObs)은 HD17이 0.665 ± 0.155 , HD18이 0.714 ± 0.198 , HD19가 0.773 ± 0.112 , HD20이 0.715 ± 0.106 , 기대이형접합률(HExp)은 0.742 ± 0.172 로 HD17에서 가장 낮았고, HD19는 0.797 ± 0.126 , HD20은 0.797 ± 0.123 으로 높은 수준을 보였다(Table 9).

An et al. (2012, 2013)은 제주도 애월읍 동귀리에서 2010년 5월과 6월, 2011년 3월에 수집한 자연산 오분자기에 대한 MS 마커의 유전적 다양성을 평가하여 보고한 바 있다. 각각의 분석 결과에서 이번 연구에서 이용된 동일한 10종의 MS 마커에 대한 분석치를 비교했을 때, 2010년 집단은 대립유전자 수가 13.7 ± 4.0 개, 관찰이형접합률 0.784 ± 0.119 , 기대이형접합률 0.789 ± 0.127 이며(An et al., 2012), 2011년 집단은 대립유전자 수가 13.1 ± 3.9 , 관찰이형접합률 $0.722 \pm 0.0.165$, 기대이형접합률 0.764 ± 0.160 였다(An et al., 2013). 이러한 결과는 동일 지역에서 수집된 집단일지라도 연도별 분석된 개체들이 동일한 개체들이 아니기 때문에, 유전적으로 차이를 보이는 결과라 하겠다.

Table 9. Summary of the statistics for 10 microsatellite loci in four population of *H. diversicolor* in Hamdeok-ri coastal waters

	Locus	KHds01	KHds06	KHds07	KHds10	KHds11	KHds12	KHds15	KHds16	KHds17	KHds19	Mean±SD
HD17 (n=27)	k	7	5	11	9	8	8	8	8	10	9	8.3±1.6
	N	27	27	27	27	27	27	27	27	27	26	26.9±0.3
	HObs	0.296	0.630	0.741	0.926	0.741	0.704	0.778	0.630	0.593	0.615	0.665±0.155
	HExp	0.275	0.604	0.745	0.839	0.785	0.845	0.815	0.795	0.878	0.838	0.742±0.172
	PIC	0.264	0.523	0.706	0.801	0.740	0.807	0.774	0.748	0.846	0.801	0.701±0.169
HD18 (n=12)	k	5	6	7	7	9	11	7	6	8	7	7.3±1.6
	N	12	12	11	12	12	12	12	12	12	12	11.9±0.3
	HObs	0.417	0.583	0.727	0.917	0.750	0.917	0.750	0.333	0.917	0.833	0.714±0.198
	HExp	0.435	0.551	0.762	0.844	0.873	0.924	0.736	0.819	0.826	0.873	0.764±0.147
	PIC	0.393	0.503	0.697	0.783	0.819	0.875	0.657	0.752	0.769	0.816	0.706±0.144
HD19 (n=52)	k	11	5	17	12	17	17	10	13	13	12	12.7±3.6
	N	51	51	52	49	50	51	52	50	49	51	50.6±1.0
	HObs	0.569	0.588	0.827	0.878	0.740	0.922	0.769	0.740	0.857	0.843	0.773±0.112
	HExp	0.599	0.534	0.743	0.861	0.917	0.916	0.794	0.874	0.860	0.867	0.797±0.126
	PIC	0.565	0.476	0.724	0.835	0.900	0.900	0.755	0.851	0.836	0.843	0.769±0.136
HD20 (n=88)	k	11	8	22	11	21	22	18	14	13	15	15.5±4.8
	N	86	87	87	77	78	87	84	87	83	88	84.4±3.7
	HObs	0.581	0.506	0.759	0.779	0.705	0.862	0.750	0.621	0.795	0.795	0.715±0.106
	HExp	0.567	0.558	0.781	0.836	0.913	0.907	0.829	0.840	0.864	0.874	0.797±0.123
	PIC	0.547	0.517	0.767	0.809	0.900	0.894	0.803	0.815	0.843	0.855	0.775±0.128

3) 유전자 좌위별 대립유전자의 연도별 출현 양상

(1) KHds01 유전자좌위의 대립유전자

함덕 연안에서 수집된 오분자기의 MS 마커 KHds01 유전자좌위(locus)에서 결정된 대립유전자 수는 12개로 검출되었다. 집단별로 대립유전자 수는 HD17에서 7개(108, 114, 120, 123, 126, 129, 133), HD18은 5개(100, 114, 123, 126, 133), HD19은 11개(100, 108, 111, 114, 117, 120, 123, 126, 129, 133, 136)와 HD20은 11개(100, 103, 108, 111, 114, 117, 120, 123, 126, 129, 133)가 관찰되었다. 대립유전자의 수는 2017년, 2018년에 비해 2019년과 2020년 시료에서 더 많은 대립유전자가 발견되었다. 발견된 대립유전자들 중 대립유전자 103은 HD20에서만, 대립유전자 136은 HD19에서만 관찰되는 집단-특이적인 양상을 보였다. 대립유전자 123, 126, 133 등 3개는 4개 집단에서 모두 관찰되었다. 대립유전자 123은 각각 0.852(HD17), 0.750(HD18), 0.608(HD19), 0.645(HD20)로 4개 집단 내에서 공통적으로 가장 높은 빈도를 나타내는 최고빈도 대립유전자(most common allele)였다(Table 10, Fig. 10).

(2) KHds06 유전자좌위의 대립유전자

전체 오분자기 집단에서 MS 마커 KHds06 유전자좌위의 대립유전자 수는 총 8개였다. 집단별로는 HD17은 5개(108, 112, 116, 120, 124), HD18은 6개(108, 112, 116, 120, 124, 128), HD19는 5개(108, 112, 116, 120, 124), HD20은 8개(108, 112, 114, 116, 118, 120, 124, 128)가 관찰되었다. 분석된 연도별 집단 중에서 HD20 집단에서만 전체 대립유전자가 모두 관찰되었고, 대립유전자 114와 118은 HD20에서 집단-특이적인 양상을 보였다. 대립유전자 108, 112, 116, 120, 124 등 5개는 4개 집단에서 모두 관찰되었다. 최고빈도 대립유전자는 대립유전자 120으로, 각각 0.537(HD17), 0.667(HD18), 0.637(HD19), 0.632(HD20)로 4개 집단 모두 가장 높은 빈도를 보였다(Table 11, Fig. 11)

Table 10. Allele frequency analysis of KHds01 loci in *H. diversicolor*

Allele ¹	HD17 (n=27)	HD18 (n=12)	HD19 (n=51)	HD20 (n=86)
100	-	0.042	0.157	0.081
103 ^S	-	-	-	0.012 ^S
108	0.019	-	0.020	0.017
111	-	-	0.010	0.012
114	0.019	0.042	0.010	0.017
117	-	-	0.029	0.017
120	0.019	-	0.029	0.076
123 ^M	0.852 ^M	0.750 ^M	0.608 ^M	0.645 ^M
126	0.037	0.125	0.098	0.070
129	0.019	-	0.020	0.035
133	0.037	0.042	0.010	0.017
136 ^S	-	-	0.010 ^S	-
<i>k</i>	7	5	11	11
Sum	1.00	1.00	1.00	1.00

¹, *k*, number of alleles; ^M, most common allele found in each population; ^S, population-specific allele

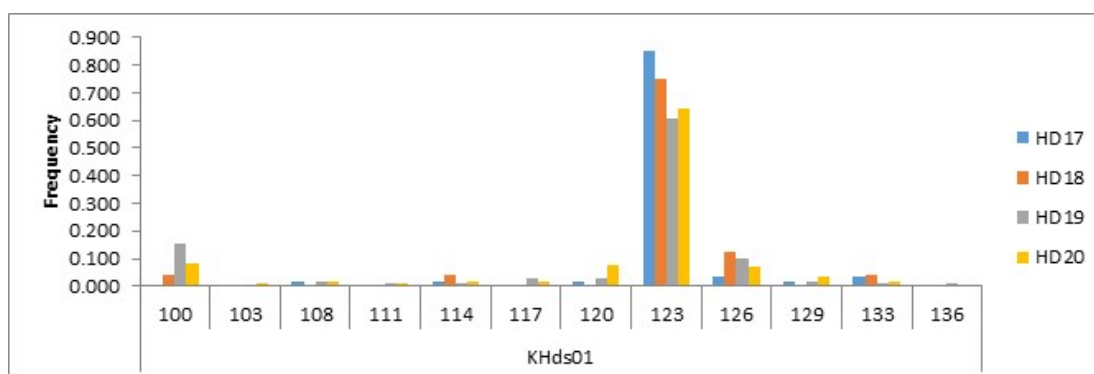


Fig. 10. Allele frequency for KHds01 loci in *H. diversicolor*.

Table 11. Allele frequency analysis of KHds06 loci in *H. diversicolor*

Allele	HD17 (n=27)	HD18 (n=12)	HD19 (n=51)	HD20 (n=86)
108	0.019	0.042	0.049	0.029
112	0.074	0.125	0.029	0.046
114 ^S	-	-	-	0.011 ^S
116	0.333	0.042	0.245	0.201
118 ^S	-	-	-	0.023 ^S
120 ^M	0.537 ^M	0.667 ^M	0.637 ^M	0.632 ^M
124	0.037	0.083	0.039	0.040
128	-	0.042	-	0.017
<i>k</i>	5	6	5	8
Sum	1.00	1.00	1.00	1.00

¹, *k*, number of alleles; ^M, most common allele found in each population; ^S, population-specific allele

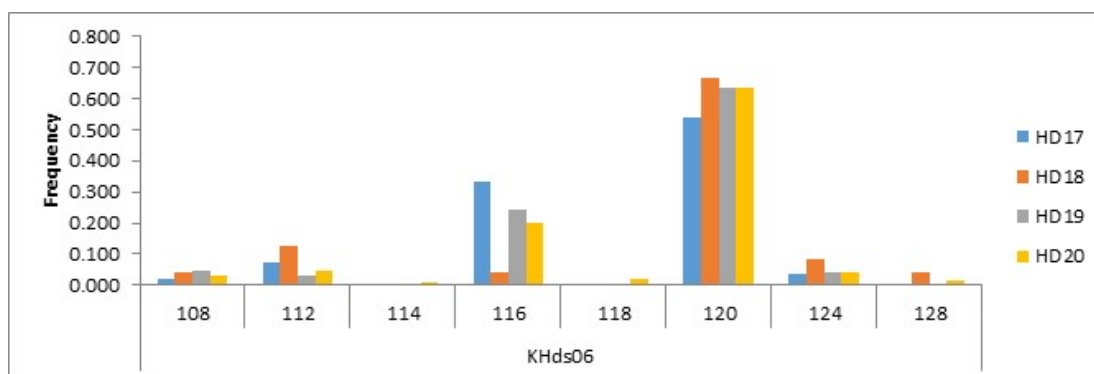


Fig. 11. Allele frequency for KHds06 loci in *H. diversicolor*.

(3) KHds07 유전자좌위의 대립유전자

전체 오분자기 집단에서 MS 마커 KHds07 유전자좌위의 대립유전자 수는 총 24개였다. 집단별로는 HD17은 11개(110, 114, 116, 120, 122, 126, 128, 132, 134, 160, 162), HD18은 7개(110, 114, 116, 120, 126, 128, 162), HD19는 17개(102, 110, 112, 114, 116, 118, 120, 122, 124, 128, 132, 148, 154, 156, 158, 160, 162), HD20은 22개(108, 110, 112, 114, 116, 118, 120, 122, 124, 126, 128, 130, 134, 136, 148, 150, 152, 154, 156, 158, 160, 162)가 관찰되었다. HD18이 가장 적은 대립유전자 수를 나타내었으며, HD20에서 가장 많은 대립유전자가 관찰되었다. 집단-특이적 대립유전자는 HD19에서 대립유전자 102, HD20에서 대립유전자 108, 130, 136, 150, 152 등 6개가 확인되었다. 대립유전자 110, 114, 116, 120, 128, 162 등 6개는 4개 집단에서 모두 관찰되었다. 최고빈도 대립유전자는 대립유전자 114로 각각 0.463(HD17), 0.455(HD18), 0.490(HD19), 0.448(HD20)로 4개 집단 모두 가장 높은 빈도를 보였다(Table 12, Fig. 12)

(4) KHds10 유전자좌위의 대립유전자

전체 오분자기 집단에서 MS 마커 KHds10 유전자좌위의 대립유전자 수는 총 14개였다. 집단별로는 HD17은 9개(97, 106, 109, 112, 115, 118, 121, 127, 130), HD18은 7개(97, 106, 109, 112, 115, 118, 121), HD19는 12개(100, 106, 109, 112, 115, 118, 121, 124, 127, 130, 133, 154), HD20은 11개(97, 103, 106, 109, 112, 115, 118, 121, 124, 127, 130)가 관찰되었다. HD18이 가장 적은 대립유전자 수를 나타내었으며, HD19에서 가장 많은 대립유전자가 관찰되었다. 집단-특이적 대립유전자는 HD19에서 대립유전자 100, 133, 154 등 3개, HD20에서 대립유전자 103 1개가 확인되었다. 대립유전자 106, 109, 112, 115, 118, 121 등 6개는 4개 집단에서 모두 관찰되었다. 최고빈도 대립유전자는 대립유전자 121이 HD17에서 0.296, HD18에서는 0.208의 빈도를 보였고, 대립유전자 106은 HD19에서 0.194의 빈도를 보였으며, 대립유전자 109는 HD20에서 0.247로 가장 높은 빈도를 보였다(Table 13, Fig. 13)

Table 12. Allele frequency analysis of KHds07 loci in *H. diversicolor*

Allele	HD17 (n=27)	HD18 (n=12)	HD19 (n=51)	HD20 (n=86)
102 ^S	-	-	0.010 ^S	-
108 ^S	-	-	-	0.011 ^S
110	0.019	0.091	0.029	0.017
112	-	-	0.010	0.023
114 ^M	0.463 ^M	0.455 ^M	0.490 ^M	0.448 ^M
116	0.019	0.045	0.077	0.063
118	-	-	0.010	0.011
120	0.093	0.045	0.038	0.046
122	0.037	-	0.077	0.069
124	-	-	0.038	0.046
126	0.074	0.136	-	0.017
128	0.185	0.182	0.038	0.057
130 ^S	-	-	-	0.006 ^S
132	0.019	-	0.048	-
134	0.019	-	-	0.011
136 ^S	-	-	-	0.006 ^S
148	-	-	0.010	0.023
150 ^S	-	-	-	0.011 ^S
152 ^S	-	-	-	0.017 ^S
154	-	-	0.010	0.023
156	-	-	0.048	0.017
158	-	-	0.019	0.023
160	0.019	-	0.019	0.006
162	0.056	0.045	0.029	0.046
<i>k</i>	11	7	17	22
Sum	1.00	1.00	1.00	1.00

¹, *k*. number of alleles; ^M, most common allele found in each population; ^S, population-specific allele

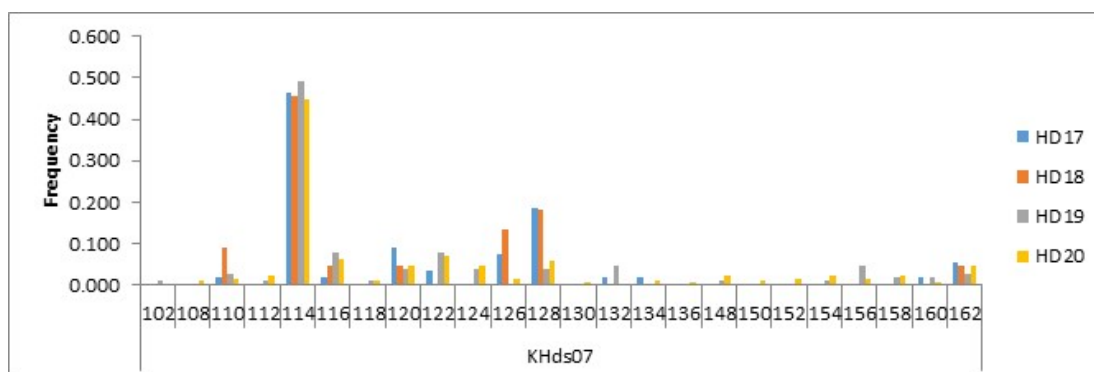


Fig. 12. Allele frequency for KHds07 loci in *H. diversicolor*.

Table 13. Allele frequency analysis of KHds10 loci in *H. diversicolor*

Allele	HD17 (n=27)	HD18 (n=12)	HD19 (n=51)	HD20 (n=86)
97	0.093	0.042	-	0.019
100 ^S	-	-	0.010 ^S	-
103 ^S	-	-	-	0.006 ^S
106 ^M	0.185	0.292	0.194 ^M	0.175
109 ^M	0.074	0.167	0.184	0.247 ^M
112	0.148	0.125	0.184	0.188
115	0.037	0.125	0.102	0.169
118	0.130	0.042	0.112	0.065
121 ^M	0.296 ^M	0.208 ^M	0.133	0.091
124	-	-	0.041	0.019
127	0.019	-	0.010	0.013
130	0.019	-	0.010	0.006
133 ^S	-	-	0.010 ^S	-
154 ^S	-	-	0.010 ^S	-
<i>k</i>	9	7	12	11
Sum	1.00	1.00	1.00	1.00

¹, *k*, number of alleles; ^M, most common allele found in each population; ^S, population-specific allele

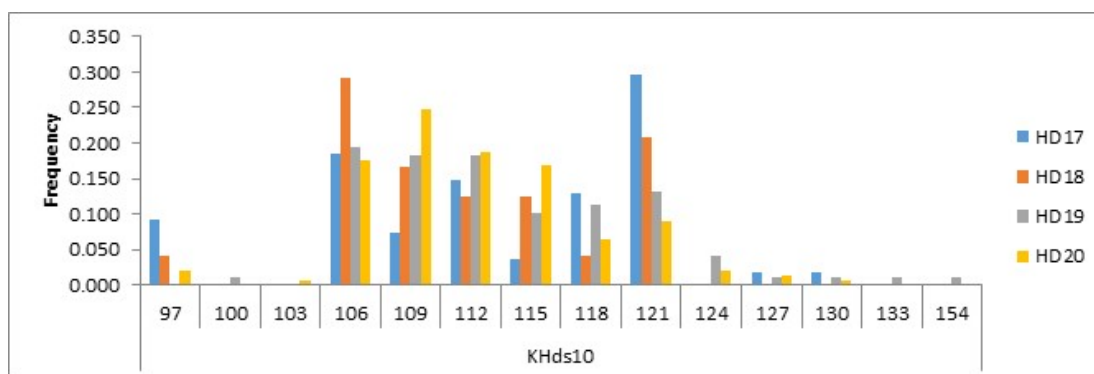


Fig. 13. Allele frequency for KHds10 loci in *H. diversicolor*.

(5) KHds11 유전자좌위의 대립유전자

전체 오분자기 집단에서 MS 마커 KHds11 유전자좌위의 대립유전자 수는 총 21개였다. 집단별로는 HD17은 8개(118, 127, 136, 141, 145, 150, 154, 158), HD18은 9개(127, 132, 136, 141, 150, 154, 158, 162, 195), HD19는 17개(118, 123, 127, 132, 136, 141, 145, 150, 154, 158, 162, 166, 170, 174, 191, 195, 211), HD20은 21개(118, 123, 125, 127, 132, 136, 141, 145, 150, 154, 158, 162, 166, 170, 174, 179, 183, 191, 195, 203, 211)가 관찰되었다. HD17이 가장 적은 대립유전자 수를 나타내었으며, HD20에서 가장 많은 대립유전자가 관찰되었다. 집단-특이적 대립유전자는 HD20에서 대립유전자 125, 179, 183, 203 등 4개가 확인되었다. 대립유전자 127, 136, 141, 150, 154, 158 등 6개는 4개 집단에서 모두 관찰되었다. 최고빈도 대립유전자는 대립유전자 141이 각각 0.370(HD17), 0.292(HD18), 0.173(HD20)으로 3개 집단 모두 가장 높은 빈도를 보였고, 대립유전자 150은 0.150으로 HD19에서 가장 높은 빈도를 보였다(Table 14, Fig. 14)

(6) KHds12 유전자좌위의 대립유전자

전체 오분자기 집단에서 MS 마커 KHds12 유전자좌위의 대립유전자 수는 총 22개였다. 집단별로는 HD17은 8개(199, 205, 220, 223, 226, 229, 232, 238), HD18은 11개(196, 205, 208, 220, 223, 226, 229, 232, 235, 238, 241), HD19는 17개(187, 190, 193, 196, 199, 202, 205, 208, 220, 223, 226, 229, 232, 235, 238, 241, 256), HD20은 22개(187, 190, 193, 196, 199, 202, 205, 208, 211, 214, 217, 220, 223, 226, 229, 232, 235, 238, 241, 243, 256, 258)가 관찰되었다. HD17이 가장 적은 대립유전자 수를 나타내었으며, HD20에서 가장 많은 대립유전자가 관찰되었다. 집단-특이적 대립유전자는 HD20에서 대립유전자 211, 214, 217, 243, 258 등 5개가 확인되었다. 대립유전자 205, 220, 223, 226, 229, 232, 238 등 7개는 4개 집단에서 모두 관찰되었다. 최고빈도 대립유전자는 대립유전자 226이 각각 0.259(HD17), 0.208(HD18)로 가장 높은 빈도를 보였고, 대립유전자 229는 HD19와 HD20에서 0.167로 가장 높은 빈도를 보였다(Table 15, Fig. 15)

Table 14. Allele frequency analysis of KHds11 loci in *H. diversicolor*

Allele	HD17 (n=27)	HD18 (n=12)	HD19 (n=51)	HD20 (n=86)
118	0.074	-	0.080	0.032
123	-	-	0.010	0.006
125 ^S	-	-	-	0.019 ^S
127	0.185	0.167	0.060	0.103
132	-	0.083	0.060	0.083
136	0.204	0.125	0.130	0.103
141 ^M	0.370 ^M	0.292 ^M	0.140	0.173 ^M
145	0.019	-	0.040	0.135
150 ^M	0.093	0.125	0.150 ^M	0.064
154	0.019	0.042	0.100	0.045
158	0.037	0.042	0.030	0.064
162	-	0.083	0.020	0.058
166	-	-	0.040	0.019
170	-	-	0.020	0.006
174	-	-	0.020	0.019
179 ^S	-	-	-	0.013 ^S
183 ^S	-	-	-	0.013 ^S
191	-	-	0.010	0.006
195	-	0.042	0.060	0.019
203 ^S	-	-	-	0.013 ^S
211	-	-	0.030	0.006
<i>k</i>	8	9	17	21
Sum	1.00	1.00	1.00	1.00

¹, *k*, number of alleles; ^M, most common allele found in each population; ^S, population-specific allele

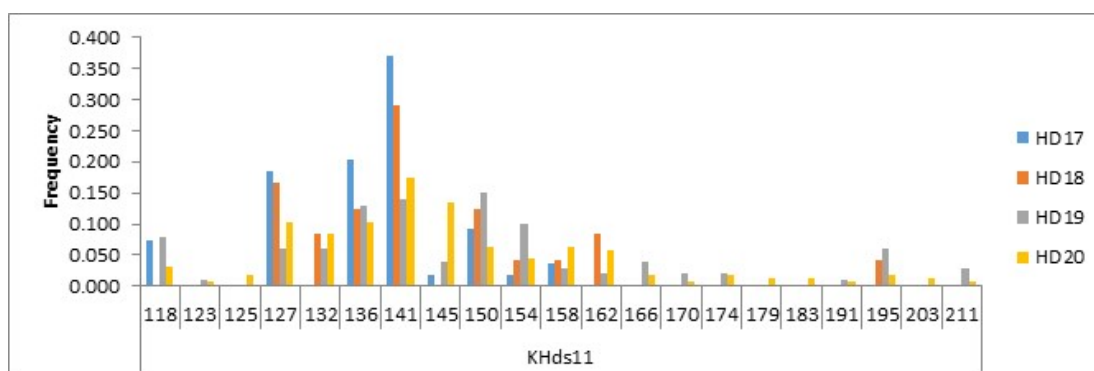


Fig. 14. Allele frequency for KHds11 loci in *H. diversicolor*.

Table 15. Allele frequency analysis of KHds12 loci in *H. diversicolor*

Allele	HD17 (n=27)	HD18 (n=12)	HD19 (n=51)	HD20 (n=86)
187	-	-	0.069	0.017
190	-	-	0.010	0.006
193	-	-	0.039	0.011
196	-	0.083	0.039	0.069
199	0.056	-	0.049	0.075
202	-	-	0.020	0.017
205	0.204	0.083	0.118	0.138
208	-	0.042	0.049	0.034
211 ^S	-	-	-	0.006 ^S
214 ^S	-	-	-	0.017 ^S
217 ^S	-	-	-	0.006 ^S
220	0.130	0.125	0.029	0.052
223	0.093	0.125	0.078	0.069
226 ^M	0.259 ^M	0.208 ^M	0.127	0.126
229 ^M	0.167	0.083	0.167 ^M	0.167 ^M
232	0.019	0.083	0.108	0.121
235	-	0.083	0.029	0.011
238	0.074	0.042	0.010	0.011
241	-	0.042	0.010	0.017
243 ^S	-	-	-	0.011 ^S
256	-	-	0.049	0.011
258 ^S	-	-	-	0.006 ^S
<i>k</i>	8	11	17	22
Sum	1.00	1.00	1.00	1.00

¹, *k*. number of alleles; ^M, most common allele found in each population; ^S, population-specific allele

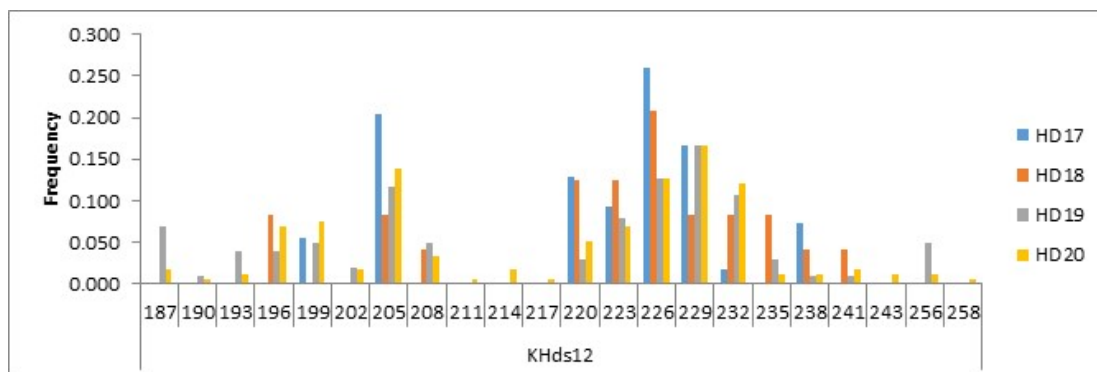


Fig. 15. Allele frequency for KHds12 loci in *H. diversicolor*.

(7) KHds15 유전자좌위의 대립유전자

전체 오분자기 집단에서 MS 마커 KHds15 유전자좌위의 대립유전자 수는 총 21개였다. 집단별로는 HD17은 8개(140, 144, 148, 152, 156, 160, 216, 244), HD18은 7개(140, 144, 148, 152, 156, 160, 244), HD19는 10개(140, 144, 148, 152, 156, 160, 164, 176, 220, 232), HD20은 18개(140, 144, 148, 152, 156, 160, 164, 168, 176, 180, 192, 200, 212, 224, 228, 236, 244, 256)가 관찰되었다. HD18이 가장 적은 대립유전자 수를 나타내었으며, HD20에서 가장 많은 대립유전자가 관찰되었다. 집단-특이적 대립유전자는 HD17에서 대립유전자 216, HD19에서 대립유전자 220, 232, HD20에서 대립유전자 168, 180, 192, 200, 212, 224, 228, 236, 256 등 12개가 확인되었다. 대립유전자 140, 144, 148, 152, 156, 160 등 6개는 4개 집단에서 모두 관찰되었다. 최고빈도 대립유전자는 HD17에서 대립유전자 144가 0.333, HD18에서는 대립유전자 144와 152가 0.375, HD19에서는 대립유전자 144와 152가 0.279, HD20에서는 대립유전자 152가 0.304로 가장 높은 빈도를 보였다(Table 16, Fig. 16)

(8) KHds16 유전자좌위의 대립유전자

전체 오분자기 집단에서 MS 마커 KHds16 유전자좌위의 대립유전자 수는 총 18개였다. 집단별로는 HD17은 8개(96, 98, 100, 102, 104, 106, 116, 160), HD18은 6개(94, 96, 98, 100, 102, 112), HD19는 13개(90, 94, 96, 98, 100, 102, 104, 106, 116, 118, 132, 146, 148), HD20은 14개(90, 96, 98, 100, 102, 104, 106, 108, 110, 112, 116, 118, 122, 148)였다. HD18이 가장 적은 대립유전자 수를 나타내었으며, HD20에서 가장 많은 대립유전자가 관찰되었다. 집단-특이적 대립유전자는 HD17에서 대립유전자 160, HD19에서 대립유전자 132, 146, HD20에서 대립유전자 108, 110, 122 등 6개가 확인되었다. 대립유전자 96, 98, 100, 102 등 4개는 4개 집단에서 모두 관찰되었다. 최고빈도 대립유전자는 대립유전자 98이 각각 0.315(HD17), 0.210(HD19), 0.259(HD20)로 가장 높은 빈도를 보였고, HD18에서는 대립유전자 102가 0.292로 가장 높은 빈도를 보였다(Table 17, Fig. 17)

Table 16. Allele frequency analysis of KHds15 loci in *H. diversicolor*

Allele	HD17 (n=27)	HD18 (n=12)	HD19 (n=51)	HD20 (n=86)
140	0.037	0.083	0.010	0.089
144 ^M	0.333 ^M	0.375 ^M	0.279 ^M	0.190
148	0.204	0.042	0.106	0.077
152 ^M	0.148	0.375 ^M	0.279 ^M	0.304 ^M
156	0.093	0.042	0.192	0.167
160	0.111	0.042	0.096	0.071
164	-	-	0.010	0.018
168 ^S	-	-	-	0.012 ^S
176	-	-	0.010	0.006
180 ^S	-	-	-	0.012 ^S
192 ^S	-	-	-	0.006 ^S
200 ^S	-	-	-	0.006 ^S
212 ^S	-	-	-	0.006 ^S
216 ^S	0.019 ^S	-	-	-
220 ^S	-	-	0.010 ^S	-
224 ^S	-	-	-	0.006 ^S
228 ^S	-	-	-	0.006 ^S
232 ^S	-	-	0.010 ^S	-
236 ^S	-	-	-	0.006 ^S
244	0.056	0.042	-	0.012
256 ^S	-	-	-	0.006 ^S
<i>k</i>	8	7	10	18
Sum	1.00	1.00	1.00	1.00

¹, *k*, number of alleles; ^M, most common allele found in each population; ^S, population-specific allele

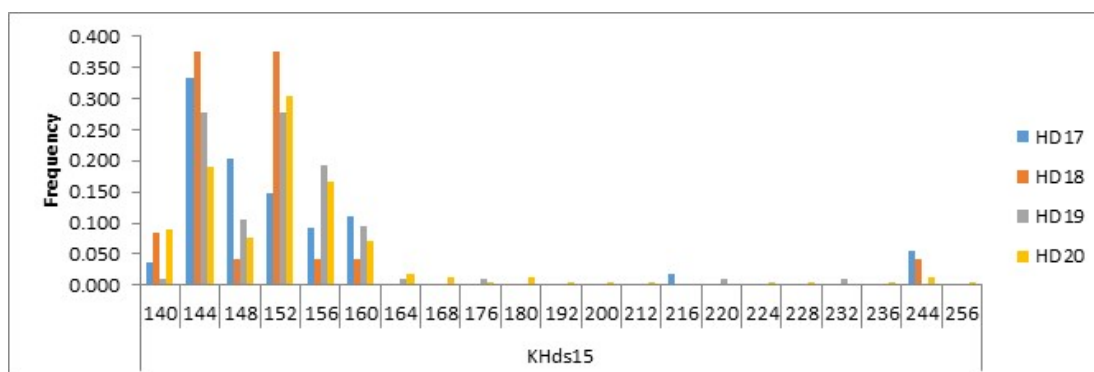


Fig. 16. Allele frequency for KHds15 loci in *H. diversicolor*.

Table 17. Allele frequency analysis of KHds16 loci in *H. diversicolor*

Allele	HD17 (n=27)	HD18 (n=12)	HD19 (n=51)	HD20 (n=86)
90	-	-	0.010	0.006
94	-	0.125	0.010	-
96	0.167	0.208	0.160	0.184
98 ^M	0.315 ^M	0.083	0.210 ^M	0.259 ^M
100	0.148	0.250	0.170	0.138
102 ^M	0.259	0.292 ^M	0.110	0.184
104	0.019	-	0.060	0.057
106	0.019	-	0.120	0.075
108 ^S	-	-	-	0.006 ^S
110 ^S	-	-	-	0.011 ^S
112	-	0.042	-	0.011
116	0.037	-	0.040	0.040
118	-	-	0.010	0.006
122 ^S	-	-	-	0.011 ^S
132 ^S	-	-	0.020 ^S	-
146 ^S	-	-	0.020 ^S	-
148	-	-	0.060	0.011
160 ^S	0.037 ^S	-	-	-
<i>k</i>	8	6	13	14
Sum	1.00	1.00	1.00	1.00

¹, *k*. number of alleles; ^M, most common allele found in each population; ^S, population-specific allele

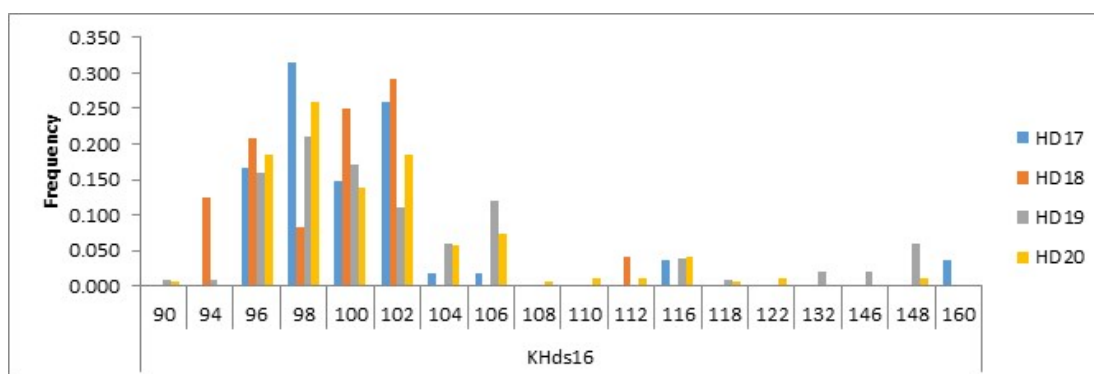


Fig. 17. Allele frequency for KHds16 loci in *H. diversicolor*.

(9) KHds17 유전자좌위의 대립유전자

전체 오분자기 집단에서 MS 마커 KHds17 유전자좌위의 대립유전자 수는 총 15개였다. 집단별로는 HD17은 10개(104, 106, 108, 110, 112, 114, 116, 118, 120, 122), HD18은 8개(104, 106, 110, 112, 114, 116, 118, 122), HD19는 13개(102, 106, 108, 110, 112, 114, 116, 118, 120, 122, 124, 126, 132), HD20은 13개(102, 104, 106, 108, 110, 112, 114, 116, 118, 120, 122, 124, 134)였다. HD18이 가장 적은 대립유전자 수를 나타내었으며, HD19와 HD20에서 가장 많은 대립유전자가 관찰되었다. 집단-특이적 대립유전자는 HD19에서 대립유전자 126, 132, HD20에서 대립유전자 134 등 3개가 확인되었다. 대립유전자 106, 110, 112, 114, 116, 118, 122 등 7개는 4개 집단에서 모두 관찰되었다. 최고빈도 대립유전자는 대립유전자 112가 각각 0.375(HD18), 0.286(HD19), 0.229(HD20)로 가장 높은 빈도를 보였고, HD17에서는 대립유전자 104가 0.185로 가장 높은 빈도를 보였다(Table 18, Fig. 18)

(10) KHds19 유전자좌위의 대립유전자

전체 오분자기 집단에서 MS 마커 KHds19 유전자좌위의 대립유전자 수는 총 16개였다. 집단별로는 HD17은 9개(124, 126, 128, 130, 132, 134, 136, 138, 140), HD18은 7개(124, 128, 130, 132, 134, 136, 138), HD19는 12개(124, 126, 128, 130, 132, 134, 136, 138, 140, 142, 148, 154), HD20은 15개(124, 126, 128, 130, 132, 134, 136, 138, 140, 142, 144, 146, 148, 150, 152)였다. HD18이 가장 적은 대립유전자 수를 나타내었으며, HD20에서 가장 많은 대립유전자가 관찰되었다. 집단-특이적 대립유전자는 HD19에서 대립유전자 154, HD20에서 대립유전자 144, 146, 150, 152 등 5개가 확인되었다. 대립유전자 124, 128, 130, 132, 134, 136, 138 등 7개는 4개 집단에서 모두 관찰되었다. 최고빈도 대립유전자는 대립유전자 134가 각각 0.308(HD17), 0.245(HD19)로 가장 높은 빈도를 보였고, HD18에서는 대립유전자 132가 0.250, HD20에서는 대립유전자 138이 0.182로 가장 높은 빈도를 보였다(Table 19, Fig. 19)

Table 18. Allele frequency analysis of KHds17 loci in *H. diversicolor*

Allele	HD17 (n=27)	HD18 (n=12)	HD19 (n=51)	HD20 (n=86)
102	-	-	0.010	0.012
104 ^M	0.185 ^M	0.083	-	0.078
106	0.019	0.042	0.051	0.018
108	0.019	-	0.133	0.078
110	0.148	0.083	0.082	0.199
112 ^M	0.167	0.375 ^M	0.286 ^M	0.229 ^M
114	0.148	0.125	0.153	0.114
116	0.148	0.167	0.082	0.139
118	0.056	0.083	0.082	0.048
120	0.074	-	0.041	0.036
122	0.037	0.042	0.031	0.030
124	-	-	0.031	0.012
126 ^S	-	-	0.010 ^S	-
132 ^S	-	-	0.010 ^S	-
134 ^S	-	-	-	0.006 ^S
<i>k</i>	10	8	13	13
Sum	1.00	1.00	1.00	1.00

¹, *k*, number of alleles; ^M, most common allele found in each population; ^S, population-specific allele

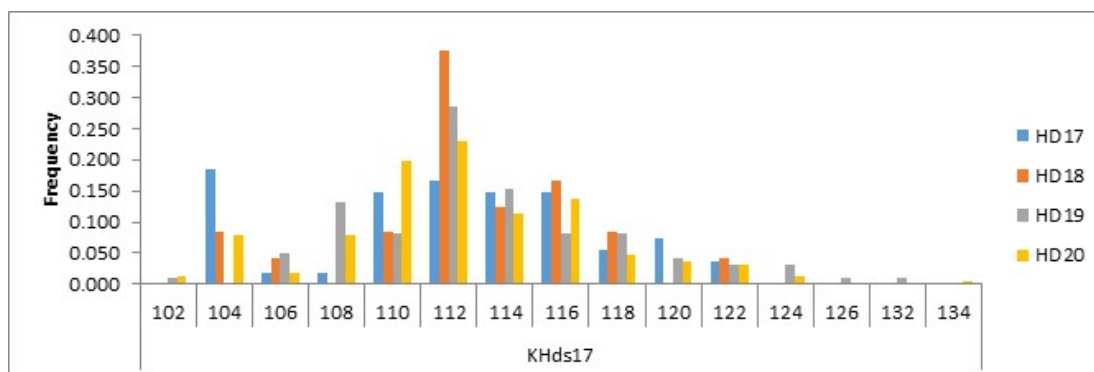


Fig. 18. Allele frequency for KHds17 loci in *H. diversicolor*.

Table 19. Allele frequency analysis of KHds19 loci in *H. diversicolor*

Allele	HD17 (n=27)	HD18 (n=12)	HD19 (n=51)	HD20 (n=86)
124	0.038	0.083	0.127	0.074
126	0.038	-	0.020	0.006
128	0.038	0.125	0.049	0.028
130	0.096	0.125	0.127	0.159
132 ^M	0.038	0.250 ^M	0.137	0.114
134 ^M	0.308	0.167 ^M	0.245 ^M	0.153
136	0.115	0.167	0.108	0.159
138 ^M	0.192	0.083	0.118	0.182 ^M
140	0.135	-	0.039	0.063
142	-	-	0.010	0.017
144 ^S	-	-	-	0.017 ^S
146 ^S	-	-	-	0.006 ^S
148	-	-	0.010	0.011
150 ^S	-	-	-	0.006 ^S
152 ^S	-	-	-	0.006 ^S
154 ^S	-	-	0.010 ^S	-
<i>k</i>	9	7	12	15
Sum	1.00	1.00	1.00	1.00

¹, *k*, number of alleles; ^M, most common allele found in each population; ^S, population-specific allele

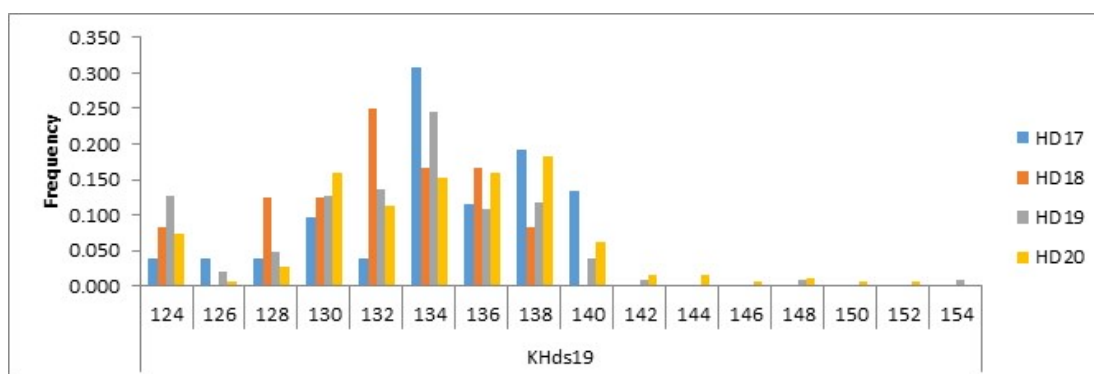


Fig. 19. Allele frequency for KHds19 loci in *H. diversicolor*.

이상의 결과들에서 연도별로 관찰된 대립유전자의 수(k)와 산출된 유전적 다양성 지수(HE_{Exp}, HO_{Obs})가 서로 다른 양상을 보였다. 이러한 결과들은 분석된 시료들이 동일한 개체들을 연차별로 반복적으로 조사한 게 아니라, 치패 방류 지역에서 해당 연도에 임의적으로 수집된 개체들을 독립적으로 조사한 데에서 기인한 차이라고 할 수 있다. 즉, 연도별로 수집된 유전자 정보는 해당년도에 서식하고 있던 개체들의 유전적 배경을 반영한다고 볼 수 있으며, 이는 An et al. (2012, 2013)의 연구 결과와 유사한 양상이었다.

특히 이번 연구 결과에서 집단-특이적인 대립유전자가 HD17에서는 2개(KHds15의 216, KHds16의 160), HD18에서는 0개, HD19에서는 12개(KHds01의 136, KHds07의 102, KHds10의 100, 133, 154, KHds15의 220, 232, KHds16의 132, 146, KHds17의 126, 132, KHds19의 154), HD20에서는 35개(KHds01의 103, KHds06의 114, 118, KHds07의 108, 130, 136, 150, 152, KHds10의 103, KHds11의 125, 179, 183, 203, KHds12의 211, 214, 217, 243, 258, KHds15의 168, 180, 192, 200, 212, 224, 228, 236, 256, KHds16의 108, 110, 122, KHds17의 134, KHds19의 144, 146, 150, 152)가 발견되었다. HD17과 HD18에서는 관찰되지 않았던 대립유전자들이 HD19, HD20에서 새롭게 발견된 점은 기존에 HD17과 HD18 집단의 형성에 기여한 부모가 아닌 새로운 개체들이 번식에 참여한 결과라 할 수 있다. 집단의 유전적 다양성은 개체들 사이에서 DNA 서열의 차이를 나타내며, 돌연변이율, 염기변이율, 유효 집단의 크기 등에 의해 결정된다 (Ellegren and Galtier, 2016; Wang et al., 2019; Xu et al., 2019). 번식에 참여하여 유전자 정보를 다음세대로 전달하는 유효 집단이 크면 유전적 다양성은 증가하고, 유효 집단의 크기가 감소하면 유전적 다양성도 줄어들게 된다. 2019년, 2020년 수집된 HD19, HD20에서 대립유전자 수의 증가와 이형접합율의 향상은 궁극적으로 유전적 다양성의 향상에 기여한 부모세대의 개체 수를 나타내는 유효 집단의 크기가 증가된 결과라고 할 수 있다. 이는 자연상태에 있던 오분자기뿐만 아니라 방류 치패 중 일부가 번식에 새롭게 참여함으로써 유전적 구성이 좋아진 결과로 볼 수 있다. 2019년, 2020년 오분자기 집단에서 새롭게 발견된 대립유전자가 방류 개체의 유입에 의한 효과인지를 구명하기 위해서는 향후 방류 개체의 유전자 정보 분석 비교가 요구된다. 반면, HD17에서만 발견되었던 KHds15 대립유전자

216, KHds16 대립유전자 160의 경우 2018년도 이후에 수집된 개체에서는 발견되지 않았는데, 이 결과는 KHds15의 216, KHds16의 160을 전달하던 부모에게서 출생한 후손들이 수집되지 않았음을 나타내며, 해당 후손들이 포획이나 이주 등으로 시험 지역에서 사라졌거나, 있더라도 번식활동에 참여하지 않았음을 의미한다. 이 부분을 좀 더 명확히 알아보기 위해서는 보다 넓은 지역에서 오분자기 시료 수집을 통한 지속적인 연구가 필요하다.

이 연구는 인공생산한 오분자기 치패가 방류된 지역에서 생산량의 변화, 성장 양 자료를 토대로 유전적 다양성을 조사하였다. 인공생산 치패의 방류이후 해당 지역에 포함된 연안에서의 오분자기 생산량과 판매액은 증가하였으며, 방류 치패는 지속적으로 성장하고 있음이 확인되었다. 또한 집단의 유전적 다양성을 평가할 수 있는 대립유전자의 수가 증가하였고, 이형접합율로 향상되는 추이를 보였다. 이상의 결과들은 함덕 연안에 방류한 인공생산 치패들이 자연상태에서 적응하여 성장하면서 방류해역에서 재생산이 이루어지고 있으며, 유전적으로도 다양성이 향상되고 있음을 보여주는 결과로 사료된다. 오분자기의 자원량 회복과 안정된 생산량 확보를 위한 오분자기 인공종자의 방류가 함덕 연안의 오분자기 자원 조성에 기여하는 것으로 볼 수 있다. 이번 연구 결과는 오분자기, 전복, 소라 등 자원량이 급감하고 있는 연안 부착동물의 안정적인 자원량 확보를 위한 인공종자 생산을 통한 치패 방류가 자원의 보호와 집단의 유전적 다양성을 증진시킬 수 있는 좋은 방법이 될 수 있음을 보여주는 자료가 될 것으로 기대된다.

VI. 참고문헌

- 김대영, 이정삼, 김도훈 (2011) 수산자원회복계획의 성과평가 개선방향에 관한 연구. 수산경영론집. 42(3): 15-29.
- 김성훈 (2008) 오분자기, *Haliotis diversicolor aquatilis*의 성 분화와 생식소 발달. 제주대학교. 박사학위 논문. pp. 1-132.
- 김성훈, 이치훈, 송영보, 김병엽, 현상윤, 이영돈 (2012) 제주연안에 서식하는 오분자기, *Haliotis diversicolor aquatilis*의 생식주기. 발생과 생식. 16(2): 145-153.
- 김신권, 정용환, 한상현, 오유성, 고미희, 오문유 (2000) RAPD 분석에 의한 한국산 전복류에 관한 계통유전학적 유연관계. 한국유전학회지. 22(1): 43-49.
- 김창수, 좌민석, 임한솔, 최미경, 한석중, 여인규 (2009) 오분자기(*Haliotis diversicolor aquatilis*)에서의 염분변화가 생리학적 기능에 미치는 영향. 한국수산과학회 양식분과 학술대회. 29-30.
- 김필연, 현재민 (2018) 2017년도 연구사업보고서: 제주특별자치도 해양수산연구원. pp. 132-139.
- 김필연, 현재민 (2019) 2018년도 연구사업보고서: 오분자기 종자생산. 제주특별자치도 해양수산연구원. pp. 133-140.
- 민덕기, 이준상, 고동범, 제종길 (2004) 한국패류도감. 도서출판 한글, 부산.
- 서주희, 이윤석, 전광주, 공홍식 (2017) 초위성체 마커를 이용한 산양의 분자유전학적 고찰. 한국데이터정보과학회지. 28(5): 1043-1053.
- 양병규, 박용주, 현재민 (2021a) 2019-2020년도 연구사업보고서: 수산종자 방류사업 효과조사 보고(2019년). 제주특별자치도 해양수산연구원. pp. 67-77.

- 양병규, 박용주, 현재민 (2021b) 2019-2020년도 연구사업보고서; 수산종자 방류사업 효과조사 보고(2020년). 제주특별자치도 해양수산연구원. pp. 79-92.
- 양현성, 최광식 (2011) 제주도 조간대 해양생물. 국토해양부·씨그랜트사업단. p. 85.
- 여인규 (2017) 수온 스트레스에 따른 제주도 오분자기(*Haliotis diversicolor aquatili*)의 생리학적 변화. 제주대학교 해양과학연구소 연구논문집. 41: 39-47.
- 원승환, 김수강, 김훈찬, 양병규, 임봉수, 이제희, 임한규, 이정식, 이준상 (2014) 국내연안에 분포하는 둥근전복속 4종의 형태적 특징 고찰. 한국패류학회지 30(1): 87-93.
- 이치훈, 고신자, 김병훈, 최송희, 이영돈 (2018) 조간대 오분자기 종자 방류에 따른 성장 변화. 제주대학교 해양과학연구소 연구논문집. 42: 1-5.
- 최미경 (2009) 해양환경변화에 따른 제주산 오분자기 생존, 성장 특성분석 및 자원 실태조사. 제주녹색환경지원센터
- 통계청 (2020) 어업생산동향조사. <https://kostat.go.kr>
- 해양수산연구원 (2020) 2020년 수산종자 방류사업 효과조사 사업보고서. pp 3-73.
- An HS , Lee JW, Hong SW (2012) Application of Novel Polymorphic Microsatellite Loci Identified in the Korean Pacific Abalone(*Haliotis diversicolor supertexta* (Haliotidae)) in the Genetic Characterization of Wild and Released Populations. Int. J. Mol. Sci. 13: 10750-10764.
- An HS, Lee JW, Hong SW (2013) Population genetic structure of the Korean Pacific abalone *Haliotis diversicolor supertexta* inferred from microsatellite marker analysis. Biochemical Systematics and Ecology. 48: 76-84.

- An HS, Park JY (2005) Ten new highly polymorphic microsatellite loci in the blood clam *Scapharca broughtonii*. Mol. Ecol. Notes 5: 896-898.
- Botstein D, White RL, Skolnick M and Davis RW (1980) Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. Am. J. Hum. Genet. 32: 314-331.
- Choy YH, Seo JH, Park B, Lee SS, Choi JW, Jung KS, Kong HS (2015) Studies on genetic diversity and phylogenetic relationships of Chikso (Korea Native Brindle Cattle) using the microsatellite marker. Journal of life science. 25(6): 624-630.
- Ellegren H, Galtier N (2016) Determinants of genetic diversity. Nature Reviews Genetics. 17: 422-433.
- Forsdick NJ, Cubrinovska I, Massaro M, Hale ML (2017) Genetic diversity and population differentiation within and between island populations of two sympatric *Petroica* robins, the Chatham Island black robin and tomtit. Conservation Genetics. 18(2): 275-285.
- Geiger DL (1999) Distribution and biogeography of the recent Haliotidae (Gastropoda: Vetigastropoda) World-wide. 35: 5-120
- Gonzalez EG, Ceron-Souza I, Mateo JA, Zardoya R (2014) Island survivors: population genetic structure and demography of the critically endangered giant lizard of La Gomera, *Gallotia bravoana*. BMC Genetics. 15: 121.
- Hedgecock D, Li G, Hubert S, Bucklin K, Ribes V (2004) Widespread null alleles and poor cross-species amplification of microsatellite DNA loci cloned from the Pacific oyster, *Crassostrea gigas*. J. Shellfish. Res. 23: 379-385

- Jacobsen MW, Hansen MM, Orlando L, Bekkevold D, Bernatchez L, Willerslev E, Gilbert MTP (2012) Mitogenome sequencing reveals shallow evolutionary histories and recent divergence time between morphologically and ecologically distinct European whitefish (*Coregonus* spp.). *Molecular Ecology*. 21: 2727-2742.
- Jeju Sea Fisheries Research Institute (JSFR). (2012) A Effect Investigation on Fisheries Seeds Release Program.
- Khanal L, Chalise MK, Wan T, Jiang X (2018) Riverine barrier effects on population genetic structure of the Hanuman langur (*Semnopithecus entellus*) in the Nepal Himalaya. *BMC Evolutionary Biology*. 18: 159.
- Kang SK (2013) The estimation and economic evaluation of fisheries benefit in Jeju trial sea farm project. *J. Fish. Bus. Adm.* 44: 29-46.
- Lee JJ, Lee CK (1982) Gametogenesis, reproductive cycle and inducing spawning of the abalone, *Sulculus diversicolor aquatilis* (Reeve). *Bull. Mar. Resour. Res. Inst.* 6: 9-25 (In Korean)
- Masao O (1993) Succession seaweed communities on the artificial reefs in Ashizuri, Tosa Bay, Japan. *The Korea Journal of Phycology*. 8(2): 191-198.
- Marshall TC, Slate J, Kruuk LE, Pemberton JM (1998) Statistical confidence for likelihood-based paternity inference in natural populations. *Mol. Ecol.* 7(5): 639-655.
- Murphy SM, Laufenberg S, Clark JD, Davidson M, B JL, Garshelis DL (2018) Genetic diversity, effective population size, and structure among black bear populations in the Lower Mississippi Alluvial

- Valley, USA. *Conservation Genetics*. 19(5): 1055-1067.
- Pekall R, Smouse PE (2012) GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research—an update. *Bioinformatics*. 28(19): 2537-2539.
- Reed DH, Frankham R (2003) Correlation between fitness and genetic diversity. *Conservation Biology*. 17(1): 230-237.
- Schenk A, Kovacs KM (1995) Multiple mating between black bears revealed by DNA fingerprinting. *Anim. Behav.* 50: 1483-1490.
- Shepherd SA and Daume S (1996) Ecology and survival of juvenile abalone in a crustose coralline habitat in South Australia. In: Watanabe Y, Yamashita Y, Oozeki Y (eds) *Survival strategies in early life stages of marine resources*. A.A. Balkema, Rotterdam, 293-313.
- Serisawa Y, Yokohama Y, Aruga Y, Tanaka J (2004) Dark respiration of the stipe of *Ecklonia cava* (Laminariales, Phaeophyta) in relation to temperature. *Phycological Research*. 52: 174-179.
- Vadopalas B, Leclair LL, Bentzen P (2004) Microsatellite and allozyme analyses reveal few genetic differences among spatially distinct aggregations of geoduck clams (*Panopea abrupta*, Conrad 1849). *J. Shell Res.* 23: 693-706.
- Vandewoestijne S, Schtickzelle N, Baguette M (2008) Positive correlation between genetic diversity and fitness in a large, well-connected metapopulation. *BMC Biology*. 6: 46.
- Vieira MLC, Santini L, Diniz AL, Munhoz CF (2016) Microsatellite markers: what they mean and why they are so useful. *Genetics and molecular biology*. 39(3): 312-328.

- Wang W, Zheng Y, Zhao J, Yao M (2019) Low genetic diversity in a critically endangered primate: shallow evolutionary history or recent population bottleneck? *BMC Evolutionary Biology*. 19: 134.
- Wang Y, Lu H, Zheng J, Long K, Shi YH, Gu ZF, Wang AM (2011a) Eight polymorphic microsatellite markers for the spotted Babylon, *Babylonia areolata* (Buccinidae). *Genet. Mol. Res.* 10: 3230-3235.
- Xenikoudakis G, Ersmark E, Tison JL, Waits L, Kindberg J, Swenson JE, Dalen L (2015) Consequences of a demographic bottleneck on genetic structure and variation in the Scandinavian brown bear. *Molecular Ecology*. 24(13): 3441-3454.
- Xu S, Stapley J, Gablenz S, Boyer J, Appenroth KJ, Sree KS, Gershenzon J, Widmer A, Huber M (2019) Low genetic variation is associated with low mutation rate in the giant duckweed. *Nature Communications*. 10(1): 1243.
- Yoo JT, Choi YM, Yang MH, Im YJ, Ko JC, Chang DS (2009) Biological environmental characteristics in habitats of an abalone *Haliotis diversicolor* in the eastern coast of Jeju-do, Korea. *Korean J. Malacol.* 25(3): 231-236.
- Zeyl E, Aars J, Ehrich D, Bachmann L, Wiig Ø (2009) The mating system of polar bears: a genetic approach. *Can. J. Zool.* 87(12): 1195-1209.