

# Microsatellite 마커를 이용한 참굴 (*Crassostrea gigas*) 집단의 유전적 다양성과 계통학적 관계 분석

동춘매<sup>1</sup>, 이미난<sup>1</sup>, 박희정<sup>1</sup>, 노은수<sup>1</sup>, 정효선<sup>1</sup>, 강정하<sup>1</sup>, 김군도<sup>3</sup>, 김은미<sup>2</sup>

<sup>1</sup>국립수산물연구원 생명공학과, <sup>2</sup>국립수산물연구원 연구기획과, <sup>3</sup>국립부경대학교 미생물학과

## Genetic Diversity and Phylogenetic Relationship Analysis of Pacific Oyster (*Crassostrea gigas*) Populations Using Microsatellite Markers

Chun Mae Dong<sup>1</sup>, Mi Nan Lee<sup>1</sup>, Hee Jeong Park<sup>1</sup>, Eun Soo Noh<sup>1</sup>, Hyo Sun Jung<sup>1</sup>,  
Jung-Ha Kang<sup>1</sup>, Gun-Do Kim<sup>3</sup> and Eun-Mi Kim<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Biotechnology Research Division, National Institute of Fisheries Science, Busan 46083, Korea

<sup>2</sup>Aquaculture Management Division, National Institute of Fisheries Science, Busan 46083, Korea

<sup>3</sup>Department of Microbiology, College of Natural Sciences, Pukyong National University, Busan 48513, Korea

### ABSTRACT

*Crassostrea gigas* is a sessile bivalve commonly found in intertidal and subtidal zones. Due to its high environmental adaptability and rapid growth, it has become a commercially important aquaculture species worldwide, particularly in Asia. In South Korea, oyster farming is a major sector of marine aquaculture, with a production volume of approximately 267,000 tons in 2021. However, concerns over potential inbreeding depression caused by long-term monoculture practices highlight the need to maintain genetic diversity in cultured populations. This study aimed to assess the genetic diversity and population structure of *C. gigas* in South Korea by using 16 microsatellite markers. A total of 288 individuals were sampled from six locations: Ganwoldo (Taeon), Iwon-myeon (Taeon), Jindo, Shinan, Gunsan, and Tongyeong. The number of alleles per locus ranged from 4 to 27, with an average of 10. The observed and expected heterozygosity values were 0.541 and 0.592, respectively, indicating a relatively high level of genetic diversity in the populations analyzed. Analyses of genetic distance, pairwise  $F_{ST}$  values, UPGMA clustering, and principal component analysis (PCA) revealed little genetic differentiation among the Ganwoldo (Taeon), Iwon-myeon (Taeon), Jindo, Shinan, and Gunsan populations. However, the Tongyeong population exhibited a low but statistically significant genetic divergence ( $p < 0.05$ ). These findings provide a valuable genetic baseline for the conservation, evaluation, and sustainable management of *C. gigas* resources in South Korea.

**Keywords :** *Crassostrea gigas*, genetic variability, microsatellite markers, genetic diversity

### 서 론

Received: July 11, 2025; Revised: August 22, 2025;  
Accepted: September 03, 2025

Corresponding author: Eun-Mi Kim

Tel: +82 (51) 720-2841, e-mail: ocean0629@korea.kr  
1225-3480/24906

This is an Open Access Article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution Non-Commercial License with permits unrestricted non-commercial use, distribution, and reproducibility in any medium, provided the original work is properly cited.

참굴 (*Crassostrea gigas*) 은 조간대 및 아조간대에 서식하는 부착성 이매패류로서, 우수한 환경 적응력과 빠른 성장 속도를 바탕으로 전 세계적으로 광범위하게 분포하며, 특히 아시아 지역을 중심으로 양식 산업이 활발히 전개되고 있다 (Reuters, 2024). 2022년 기준, 전 세계 수산물 총 생산량은 약 2억 2,320만 톤에 달하며, 이 중 양식 패류의 생산량은 약 1억 3,090만 톤으로 전체의 약 59%를 차지하는 것으로 보고되었다 (FAO, 2024).

국내에서도 참굴 양식은 주요 수산업으로 정착하였으며, 2021년 기준 해면양식어업을 통한 참굴 생산량은 약 26만 7

천 톤에 달한다. 주요 생산지는 경상남도과 전라남도로 구분되며, 이 중 경상남도가 전체 생산량의 약 81.7%를, 전라남도가 약 15.2%를 차지하는 것으로 나타났다 (NIFS, 2022).

이와 같이 국내 참굴 양식업은 높은 경제적 가치를 지니고 있으며, 최근에는 소비 수요의 지속적인 증가에 따라 종자 생산 및 양성에 관한 연구도 활발히 이루어지고 있다. 그러나 현재 양식에 활용되는 참굴 종자의 대부분은 자연에서 채취된 것으로, 이로 인해 지역 고유의 자연 자원이 급속히 감소하고 있는 실정이다. 특히, 기후 변화 및 해양 환경의 변동성 증가로 인해 자연산 종자의 안정적인 확보가 점차 어려워지고 있으며, 이는 참굴 양식업의 지속 가능성에 중대한 위협 요인으로 작용할 수 있다 (Nagano *et al.*, 2017). 더불어, 동일한 지역과 방식에서 장기간 반복적으로 이루어지는 양식은 종자의 유전적 다양성을 저하시킬 수 있으며, 특정 형질의 고정화로 인해 우수한 어미 자원의 확보를 어렵게 만든다. 여기에 자연 채묘장의 감소와 연안 매립과 같은 환경적 요인이 복합적으로 작용함으로써 자연산 종자의 안정적인 수급을 더욱 불안정하게 만들고 있으며, 이로 인한 어업인들의 우려도 점차 커지고 있다. 특히 동일한 유전자형의 종자를 장기간 반복하여 사용할 경우 유전적 다양성이 현저히 감소할 가능성이 높아지며, 소규모 양식 집단에서는 다양성 저하로 인해 특정 유전자형의 소실 위험이 증가하고, 궁극적으로는 근교약세 (inbreeding depression) 가 발생할 수 있다 (Rudnick and Lacy, 2008).

근교약세가 발생할 경우, 개체의 생존율 및 번식력이 저하되어 양식 집단 전체의 생산성과 안정성에 부정적인 영향을 미칠 수 있다 (Kim *et al.*, 2015). 아울러, 유전적 다양성의 감소는 유전적 부동 (genetic drift) 현상을 심화시켜 특정 대립유전자의 무작위적 소실 가능성을 증가시키며, 그 결과 질병 저항력 저하, 성장 지연, 생존율 감소 등 다양한 생물학적 문제가 유발될 수 있다 (Frankham *et al.*, 2004; Allendorf *et al.*, 2013).

패류 양식의 대표 품종인 전북의 경우, 제한된 모체 집단으로부터 여러 세대에 걸쳐 종묘가 생산됨에 따라, 자연 개체군에 비해 양식 개체군의 유전자 빈도 및 대립유전자 수가 현저히 감소한 것으로 보고된 바 있다 (Hara *et al.*, 2006; Kobayashi and Kijima., 2010; Park *et al.*, 2014). 이러한 경향은 참굴 양식에서도 유사하게 나타날 수 있으며, 동일한 유전자형의 종자를 장기간 반복적으로 사용할 경우 유전적 다양성이 감소하고 특정 형질이 고정되는 문제가 발생할 수 있다. 따라서 참굴 종자의 장기 연작에 따른 열성화 가능성을 사전에 예측하고, 자원의 지속 가능한 이용을 위한 유전적 다양성 보전 방안에 대한 연구가 요구된다. 이를 위해 자연산 개체군과 양식 개체군 간의 유전적 구조를 비교 분석하고, 다양성

저하의 원인을 규명함과 동시에 체계적인 종묘 관리 전략을 수립하는 것이 필수적이다.

이에 본 연구에서는 우리나라의 주요 양식 품종인 참굴을 대상으로, 2022년 국립수산물품질관리원에서 차세대 염기서열 분석 (Next-Generation Sequencing, NGS) 기반으로 개발한 14개의 새로운 microsatellite 마커 (Dong *et al.*, 2022) 와 기존의 AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism) 및 EST (Expressed Sequence Tag) 분석을 통해 개발된 2개의 마커 (Li *et al.*, 2003) 를 함께 활용하여 집단 유전다양성 분석을 수행하였다. 이를 통해 국내 참굴 자원의 유전적 다양성과 집단 간 유연관계를 파악하고, 참굴 양식 산업의 지속 가능한 이용을 위한 유전학적 기초 정보를 확보하고자 하였다.

## 재료 및 방법

### 1. 시료 확보 및 genomic DNA 추출

본 연구에 사용된 참굴 시료는 국립수산물품질관리원 남동해수산연구소로부터 2022년에 채집된 채묘지 종자 1개 집단 (경남 통영 (TY), n = 48) 과 자연발생 종자 5개 집단 (충남 태안 간월도 (TG), n = 48; 충남 태안 이원면 (TE), n = 48; 전남 진도 (JD), n = 48; 전남 신안 (SY), n = 48; 전북 군산 (GS), n = 48) 을 확보하여 분석에 사용하였다.

Genomic DNA는 DNeasy® 96 Blood & Tissue Kit (Qiagen GmbH, Germany) 를 이용하여 추출 및 정제하였다. 각 시료 15 mg을 E-tube에 넣고, 제조사의 지침에 따라 ATL Buffer 140 µl와 Proteinase K 10 µl를 첨가하여 혼합한 후, 56°C에서 3시간 동안 반응시켰다. 이후, AL Buffer 150 µl와 99% ethanol 150 µl를 첨가하여 S-Blocks의 DNeasy 96 plates로 옮긴 후 8,000 rpm (6,000 × g) 에서 10분간 원심분리하였다. 이어 column plates를 교체한 후 AW1 Buffer 400 µl를 첨가하여 8,000 rpm (6,000 × g) 에서 10분간 원심분리하였으며, 동일한 방법으로 column plates를 다시 교체한 후 AW2 Buffer 400 µl를 첨가하여 20,000 rpm (14,000 × g) 에서 3분간 원심분리하였다. Ethanol을 완전히 제거하기 위해 column plates를 공기 중에 건조시킨 후, AE Buffer 80 µl를 첨가하여 genomic DNA를 회수하였다. 회수된 genomic DNA는 E-Graph Gel Documentation System (ATTO, Korea) 을 이용하여 DNA 농도를 측정하였으며, 이후 2% (w/v) agarose gel 전기영동을 통해 DNA 밴드의 유무를 확인하였다.

### 2. Microsatellite 마커를 이용한 PCR 증폭 및 단편 분석

NGS기법을 활용하여 확립된 14개의 microsatellite 마커 (Dong *et al.*, 2022) 와 기존 AFLP 및 EST 분석 방법을 통

**Table 1.** Genetic Diversity and Population Structure Analysis of *Crassostrea gigas* Using Polymorphic Microsatellite Markers

| No | Locus     | Primer sequence (5'-3')  |                         | Motif   | Label | AT (°C) | GenBank accession no. |
|----|-----------|--------------------------|-------------------------|---------|-------|---------|-----------------------|
| 1  | ucdCg 109 | F-GCTATGGTTGTTCATCCTCGAA | R-TGCCTTTATCGGTTTGTGCTT | (CAT)N  |       |         | AF468525              |
| 2  | ucdCg 175 | F-GGGCATGGATCAACTCCTAA   | R-CCAACCAGCCCTAGTCTGTG  | (CAT)N  |       |         | AF468573              |
| 3  | CG11      | F-CTTGGCAGGTTCTATGTCTT   | R-TGATATCGCTAAACTGGTGG  | (CTC)6  |       |         |                       |
| 4  | CG18      | F-CAATCACCGTAACAAAGACG   | R-TGTTTTGATTCGGTGGATCT  | (TCC)7  |       |         |                       |
| 5  | CG36      | F-GTGAAATCCCAAGAGTAGCA   | R-CAACATCACTGTGTTGTCAG  | (TGAA)4 |       |         |                       |
| 6  | CG46      | F-ATGCATCCTGGTTATTCTCC   | R-CCATTGGGCACTAGAATGAT  | (AT)6   |       |         |                       |
| 7  | CG18-N    | F-AGCACTGCAAGATGACAATA   | R-AGGAATGCGTTCATCCAAA   | (TTTA)5 |       |         |                       |
| 8  | CG23-N    | F-TGGTGGGAATGATACCAATG   | R-CAAGAGTGTGCGTTTTAGGA  | (CCT)6  | 6-FAM | 60      |                       |
| 9  | CG22-2    | F-AAACAGATCTTTCCCGAAA    | R-TTTCGTAAAGGTCACCCAAA  | (TG)10  |       |         |                       |
| 10 | CG22-5    | F-TGCCAAAATCACTGTGAAAAC  | R-TTGTCTGTTATACATGCCC   | (AC)7   |       |         |                       |
| 11 | CG22-17   | F-TACACAGTAATCGCATTGCT   | R-GGAGGAAAATGCTAGCTCTT  | (CT)8   |       |         |                       |
| 12 | CG22-59   | F-GCGTTTTGTGGAGTTTGTAT   | R-CAACTTATGGGGTGGGTAA   | (CA)8   |       |         |                       |
| 13 | CG22-67   | F-CATTTACAGACGCTGATTC    | R-ATTTCCACAAAGACCCAAGT  | (AT)6   |       |         |                       |
| 14 | CG22-32   | F-GGGAGCGGTATCCAATTTTA   | R-ACAATAATGTGGGCAGGAAT  | (AAT)5  |       |         |                       |
| 15 | CG22-3    | F-GTTTCGCGCTATCTTTTCTTT  | R-ATCAGCGCTTTTTCAGACTA  | (AATA)5 |       |         |                       |
| 16 | CG22-7    | F-TCTGCATTACAACGGATGAA   | R-TAAAGATGGAAATCGGGAGC  | (ACAG)5 |       |         |                       |

해 개발된 2개의 microsatellite 마커 (Li *et al.*, 2003) 를 이용하여 PCR 분석을 수행하였다 (Table 1). PCR 반응은 총 10 µl 반응 용량으로 수행되었으며, 반응 조성은 다음과 같다: 10X Ex Taq buffer (Mg<sup>2+</sup> plus, 20 mM) 1.2 µl, dNTP Mixture (2.5 mM each) 0.7 µl, TaKaRa Ex Taq (5 U/µl) 0.2 µl, forward 및 reverse primer 각각 0.5 µl (10 mM), template DNA 1 µl, 그리고 최종 부피를 맞추기 위해 멸균 증류수를 첨가하였다. PCR 증폭은 Veriti™ 96-Well Fast Thermal Cycler (Applied Biosystems™, USA) 를 이용하여 수행되었다. PCR 조건은 95°C에서 11분간 DNA를 초기변성 (preincubation) 한 후, 95°C에서 50초간 변성 (denaturation) 하였다. 54°C에서 50초간 primer 결합 (annealing), 72°C에서 50초간 신장 (extension) 과정을 총 35회 반복한 후, 최종 신장 (full extension) 단계를 72°C에서 7분간 실시하였다. PCR 산물은 1.5% agarose gel 전기영동을 통해 증폭 여부를 확인하였다. 증폭이 확인된 시료에 대해서는 선택된 microsatellite 마커의 forward primer에 형광물질 (HEX, TAMRA 및 6-FAM) 을 합성하여 위와 같은 방법으로 PCR을 다시 수행하였다 (Table 1). 최종 PCR 산물은 크기 표준물질 (size standard, GeneScan 400HD ROX,

Applied Biosystems, USA) 과 Hi-Di Formamide를 혼합한 뒤, 95°C에서 3분간 변성되었다. 이후 변성된 시료는 ABI PRISM 3730XL Genetic Analyzer (Applied Biosystems, USA) 를 이용하여 분석되었으며, 이 과정에서 각 샘플로부터 생성된 형광 신호가 검출되었다.

**3. Microsatellite 마커를 통한 유전적 특성 분석**

검출된 형광 신호는 각 microsatellite 마커별로 분류 및 정렬되었고, 대립유전자의 단편 크기 (fragment size) 는 GeneMapper 소프트웨어 (version 4.0, Applied Biosystems, USA) 를 이용하여 정량적으로 판독되었다. 판독된 데이터는 개체별 유전자형 (genotype) 으로 정리되었으며, 이를 기반으로 집단 간 유전다양성 분석에 활용할 수 있는 유전자형 매트릭스를 구축하였다.

Microsatellite 마커의 다형성 정보량 (Polymorphic Information Content, PIC) 은 Cervus ver. 3.0.7 (Kalinowski *et al.*, 2007) 의 대립유전자 빈도 분석법을 적용하여 계산하였으며, Null 대립유전자의 존재 여부는 MICRO-CHECKER (v 2.2.3; Van Oosterhout *et al.*, 2004) 를 이용하여 평가하였다. 대립유전자 수 (Number of

Alleles, NA) 및 유전자좌위별 이형접합도를 분석하기 위해 Arlequin version 3.1 (Excoffier *et al.*, 2005) 및 GENEPOP version 4.0 (Rousset, 2008) 을 사용하여 관찰된 이형접합률 (Observed Heterozygosity, HO) 과 Hardy-Weinberg 평형 (Hardy-Weinberg Equilibrium, HWE) 에서의 기대 이형접합률 (Expected Heterozygosity, HE) 을 계산하였다. 유전적 다양성 분석을 위해 FSTAT version 2.9.3 (Goudet, 1995) 을 활용하여 집단 크기를 보정한 대립유전자 수 (Allelic Richness, AR) 와 근친교배 계수 (Inbreeding Coefficient, FIS) 를 측정하였으며, GENEPOP version 4.0을 이용하여 1,000회 반복을 통해 FIS의 유의성 검정을 수행하였다. 집단 간 유전적 유연관계를 분석하기 위해 FSTAT version 2.9.3을 사용하여 집단 간 유전적 분화 정도를 나타내는 Pairwise FST 값을 산출하고 비교하였다. 또한, Arlequin version 3.1을 이용하여 Markov Chain 방법을 적용한 Hardy-Weinberg 평형 이탈 여부를 평가하였으며, FSTAT version 2.9.3을 통해 PCR 산물 크기 (Product Size Range, S) 를 산출하였다. 유전적 변이 분포를 기반으로 집단 간 기하학적 관계를 시각화하기 위한 Principal Coordinate Analysis (PCA) 분석은 GeneAlEx 6.4 프로그램을 사용하여 수행하였으며, 유전적 거리 기반 계통학적 유연관계 분석에는 Populations 1.2.32 (Nei, 1972) 프로그램을 이용하여 Nei의 유전적 거리 (Dis) 를 계산하고, 이를 바탕으로 UPGMA (Unweighted Pair-Group Method with Arithmetical Average) 방법을 적용하여 계통수를 작성하였다.

## 결과 및 고찰

### 1. Microsatellite 마커의 유전학적 특성 분석

본 연구에서는 NGS 기법을 통해 새롭게 확립된 14개의 microsatellite 마커와 기존 AFLP 및 EST 분석을 통해 개발된 2개의 microsatellite 마커를 포함하여 총 16개의 microsatellite 마커를 사용하였다 (Table 1). 이 마커들을 활용하여 2022년에 채집된 참굴 채묘지 종자 1개 집단 (경남 통영 (TY), n = 48) 과 자연발생 종자 5개 집단 (충남 태안 간월도 (TG), n = 48; 충남 태안 이원면 (TE), n = 48; 전남 진도 (JD), n = 48; 전남 신안 (SY), n = 48; 전북 군산 (GS), n = 48) 을 대상으로 유전적 다양성 및 집단 간 유연관계를 분석하였다.

Microsatellite 마커의 유전적 다양성을 평가하기 위해 각 마커의 다형성 정보량 (Polymorphic Information Content, PIC) 값을 분석한 결과, 16개 microsatellite 마커 모두 0.536에서 0.586의 범위를 나타내었으며, 평균 PIC 값

은 0.556으로 확인되었다 (Table 2). 일반적으로 PIC 값이 0.5를 초과할 경우, 해당 마커는 개체 식별에 충분한 유전적 변이를 제공한다고 알려져 있으며 (Botstein *et al.*, 1980), 본 연구에서 사용된 마커들 역시 높은 개체 식별력을 가지는 것으로 판단된다. 이는 본 연구에 사용된 마커들이 참굴 집단 간의 유전적 차이를 구분하는데 적합하다는 것을 시사한다.

참굴 집단의 유전적 다양성을 평가하기 위해 Arlequin version 3.1 software (Excoffier *et al.*, 2005) 및 FSTAT version 2.9.3 (Goudet, 1995) 프로그램을 활용하였다. Arlequin을 이용하여 대립유전자 수 (Number of Alleles, NA), 관찰 이형접합도 (Observed Heterozygosity, HO), 기대 이형접합도 (Expected Heterozygosity, HE) 를 산출하였으며, FSTAT을 통해 각 집단의 대립유전자 풍부도 (Allelic Richness, AR) 와 내교배 계수 (FIS) 를 추정하였다. 분석 결과, 각 microsatellite 마커에서의 평균 대립유전자 수 (NA) 와 대립유전자 풍부도 (AR) 는 각각 10으로 나타나, 본 연구에 사용된 마커들이 비교적 높은 수준의 다형성을 보유하고 있음을 시사한다. 평균 관찰 이형접합도 (HO) 와 기대 이형접합도 (HE) 는 각각 0.541과 0.592로 산출되었으며, 집단별로는 관찰 이형접합도 (HO) 가 신안 (SY) 집단에서 가장 낮은 0.526 을 보였고, 군산 (GS) 집단에서 가장 높은 0.573을 나타냈다. 기대 이형접합도 (HE) 는 태안 이원 방조제 (TE) 집단에서 0.576으로 가장 낮았으며, 군산 (GS) 집단에서 0.622로 가장 높은 값을 나타냈다 (Table 2). 전반적으로 집단 간 유전적 다양성 지표에서 뚜렷한 차이는 나타나지 않았으며, 모든 집단에서 유전적 다양성 수준은 비교적 안정적인 것으로 평가되었다. 이러한 결과는 Qi *et al.* (2009) 의 보고와 유사한 경향을 보이며, 해당 연구에서는 참굴 집단의 평균 대립유전자 수가 3-9개, 관찰 이형접합도 (HO) 는 0.480, 기대 이형접합도 (HE) 는 0.525 범위로 보고된 바 있다.

개체 간 근친교배 정도를 나타내는 내교배 계수 (FIS, inbreeding coefficient) 를 분석한 결과, 평균 0.088로 나타났으며, 개별 마커 기준으로는 CG22-2-59에서 최대값인 0.303이 관찰되었다 (Table 2). 일반적으로 FIS 값이 양 (+) 의 경우는 기대 이형접합도 (HE) 에 비해 관찰 이형접합도 (HO) 가 낮아 이형접합체 결핍을 의미하며, 음 (-) 의 경우는 이형접합체 과잉을 나타낸다 (Waples and Zhivotovsky, 2015). 본 연구에서 통영 (TY) 집단의 FIS 값은 전반적으로 양 (+) 의 값을 보여 이형접합체 결핍 경향을 보였으며, 이는 제한된 개체군 내 교배, 인공 선발, 또는 병목현상 (bottleneck effect) 등에 기인한 결과일 수 있다 (Frankham, 1995; Balloux and Lugon-Moulin, 2002). 또한, 분석에 사용된 16개 microsatellite 마커 중 6개 (UCDCG175, CG18-N, CG23-N, CG22-59, CG22-2-2, CG22-2-17) 에서 이형접합체

**Table 2.** Genetic Diversity Assessment of Six *Crassostrea gigas* Populations Using Sixteen Microsatellite Markers

|                  |                 | Locus        |              |         |         |         |         |         |         |          |
|------------------|-----------------|--------------|--------------|---------|---------|---------|---------|---------|---------|----------|
|                  |                 | UCDCG<br>109 | UCDCG<br>175 | CG11    | CG18    | CG36    | CG46    | CG18-N  | CG23-N  | CG22-2-2 |
| TG<br>(N = 48)   | N <sub>A</sub>  | 23           | 30           | 5       | 5       | 6       | 10      | 7       | 9       | 10       |
|                  | A <sub>R</sub>  | 23           | 30           | 5       | 5       | 6       | 10      | 7       | 9       | 10       |
|                  | R               | 157-229      | 194-317      | 184-202 | 218-230 | 177-197 | 252-282 | 126-162 | 170-197 | 179-203  |
|                  | H <sub>O</sub>  | 0.896        | 0.896        | 0.521   | 0.292   | 0.604   | 0.479   | 0.313   | 0.604   | 0.708    |
|                  | H <sub>E</sub>  | 0.949        | 0.952        | 0.607   | 0.268   | 0.589   | 0.446   | 0.446   | 0.660   | 0.726    |
|                  | PIC             | 0.936        | 0.939        | 0.545   | 0.257   | 0.553   | 0.428   | 0.412   | 0.621   | 0.685    |
|                  | F <sub>IS</sub> | 0.057        | 0.059        | 0.143   | -0.09   | -0.026  | -0.076  | 0.301   | 0.086   | 0.024    |
|                  | HW              | 0.212        | 0.056        | 0.117   | 1.000   | 0.843   | 0.698   | 0.005   | 0.193   | 0.614    |
| JD<br>(N = 48)   | N <sub>A</sub>  | 26           | 26           | 4       | 4       | 7       | 9       | 6       | 8       | 9        |
|                  | A <sub>R</sub>  | 26           | 26           | 4       | 4       | 7       | 9       | 6       | 8       | 9        |
|                  | R               | 145-235      | 215-335      | 193-202 | 221-230 | 177-209 | 252-296 | 126-146 | 170-191 | 181-201  |
|                  | H <sub>O</sub>  | 0.854        | 0.833        | 0.646   | 0.313   | 0.604   | 0.438   | 0.292   | 0.604   | 0.688    |
|                  | H <sub>E</sub>  | 0.950        | 0.950        | 0.594   | 0.281   | 0.600   | 0.510   | 0.361   | 0.585   | 0.717    |
|                  | PIC             | 0.936        | 0.937        | 0.516   | 0.265   | 0.563   | 0.483   | 0.337   | 0.554   | 0.680    |
|                  | F <sub>IS</sub> | 0.101        | 0.124        | -0.089  | -0.112  | -0.007  | 0.144   | 0.194   | -0.033  | 0.042    |
|                  | HW              | 0.044        | 0.097        | 0.246   | 1.000   | 0.826   | 0.018   | 0.038   | 0.809   | 0.347    |
| SY<br>(N = 48)   | N <sub>A</sub>  | 22           | 25           | 6       | 5       | 6       | 10      | 8       | 9       | 11       |
|                  | A <sub>R</sub>  | 22           | 25           | 6       | 5       | 6       | 10      | 8       | 9       | 11       |
|                  | R               | 145-226      | 203-311      | 184-202 | 221-233 | 177-197 | 264-292 | 114-166 | 167-194 | 175-203  |
|                  | H <sub>O</sub>  | 0.875        | 0.750        | 0.625   | 0.250   | 0.604   | 0.521   | 0.375   | 0.604   | 0.604    |
|                  | H <sub>E</sub>  | 0.948        | 0.938        | 0.670   | 0.267   | 0.693   | 0.570   | 0.364   | 0.714   | 0.777    |
|                  | PIC             | 0.934        | 0.924        | 0.601   | 0.254   | 0.64    | 0.537   | 0.343   | 0.679   | 0.735    |
|                  | F <sub>IS</sub> | 0.077        | 0.202        | 0.067   | 0.063   | 0.129   | 0.086   | -0.031  | 0.155   | 0.224    |
|                  | HW              | 0.275        | 0.001        | 0.144   | 0.208   | 0.280   | 0.662   | 0.914   | 0.107   | 0.002    |
| TY<br>(N = 48)   | N <sub>A</sub>  | 23           | 25           | 6       | 4       | 6       | 11      | 6       | 9       | 8        |
|                  | A <sub>R</sub>  | 23           | 25           | 6       | 4       | 6       | 11      | 6       | 9       | 8        |
|                  | R               | 145-241      | 227-347      | 190-205 | 221-230 | 177-197 | 234-284 | 134-174 | 170-194 | 181-199  |
|                  | H <sub>O</sub>  | 0.854        | 0.896        | 0.646   | 0.438   | 0.583   | 0.583   | 0.292   | 0.458   | 0.646    |
|                  | H <sub>E</sub>  | 0.933        | 0.947        | 0.636   | 0.407   | 0.617   | 0.603   | 0.420   | 0.679   | 0.662    |
|                  | PIC             | 0.918        | 0.934        | 0.582   | 0.38    | 0.575   | 0.577   | 0.359   | 0.65    | 0.624    |
|                  | F <sub>IS</sub> | 0.085        | 0.055        | -0.015  | -0.076  | 0.055   | 0.033   | 0.307   | 0.327   | 0.025    |
|                  | HW              | 0.079        | 0.061        | 0.051   | 0.963   | 0.168   | 0.582   | 0.000   | 0.001   | 0.414    |
| TE<br>(N = 48)   | N <sub>A</sub>  | 22           | 27           | 4       | 5       | 6       | 8       | 3       | 7       | 10       |
|                  | A <sub>R</sub>  | 22           | 27           | 4       | 5       | 6       | 8       | 3       | 7       | 10       |
|                  | R               | 163-235      | 212-314      | 193-202 | 221-236 | 177-197 | 260-278 | 134-142 | 155-188 | 179-203  |
|                  | H <sub>O</sub>  | 0.979        | 0.917        | 0.729   | 0.354   | 0.583   | 0.292   | 0.188   | 0.729   | 0.792    |
|                  | H <sub>E</sub>  | 0.942        | 0.941        | 0.692   | 0.331   | 0.595   | 0.400   | 0.243   | 0.633   | 0.777    |
|                  | PIC             | 0.929        | 0.927        | 0.626   | 0.311   | 0.553   | 0.383   | 0.223   | 0.595   | 0.734    |
|                  | F <sub>IS</sub> | -0.040       | 0.026        | -0.054  | -0.071  | 0.019   | 0.272   | 0.231   | -0.154  | -0.019   |
|                  | HW              | 0.862        | 0.742        | 0.801   | 0.865   | 0.902   | 0.013   | 0.028   | 0.682   | 0.986    |
| GS<br>(N = 48)   | N <sub>A</sub>  | 24           | 27           | 7       | 4       | 8       | 11      | 6       | 7       | 10       |
|                  | A <sub>R</sub>  | 24           | 27           | 7       | 4       | 8       | 11      | 6       | 7       | 10       |
|                  | R               | 160-229      | 212-338      | 187-208 | 221-230 | 137-209 | 252-290 | 114-142 | 170-188 | 187-205  |
|                  | H <sub>O</sub>  | 0.917        | 0.958        | 0.708   | 0.542   | 0.583   | 0.521   | 0.271   | 0.729   | 0.521    |
|                  | H <sub>E</sub>  | 0.945        | 0.935        | 0.659   | 0.459   | 0.664   | 0.515   | 0.451   | 0.707   | 0.710    |
|                  | PIC             | 0.931        | 0.92         | 0.59    | 0.424   | 0.621   | 0.493   | 0.408   | 0.664   | 0.669    |
|                  | F <sub>IS</sub> | 0.030        | -0.026       | -0.076  | -0.182  | 0.123   | -0.012  | 0.402   | -0.032  | 0.269    |
|                  | HW              | 0.266        | 0.945        | 0.978   | 0.715   | 0.277   | 0.172   | 0.004   | 0.615   | 0.045    |
| Mean all<br>loci | N <sub>A</sub>  | 23           | 27           | 5       | 5       | 7       | 10      | 6       | 8       | 10       |
|                  | A <sub>R</sub>  | 23           | 27           | 5       | 5       | 7       | 10      | 6       | 8       | 10       |
|                  | R               | 0.896        | 0.875        | 0.646   | 0.365   | 0.594   | 0.472   | 0.288   | 0.622   | 0.660    |
|                  | H <sub>O</sub>  | 0.944        | 0.944        | 0.643   | 0.335   | 0.626   | 0.507   | 0.381   | 0.663   | 0.728    |
|                  | H <sub>E</sub>  | 0.931        | 0.930        | 0.577   | 0.315   | 0.584   | 0.484   | 0.347   | 0.627   | 0.688    |
|                  | PIC             | 0.052        | 0.073        | -0.004  | -0.078  | 0.049   | 0.075   | 0.234   | 0.058   | 0.094    |
| F <sub>IS</sub>  | 0.290           | 0.317        | 0.390        | 0.792   | 0.549   | 0.357   | 0.165   | 0.401   | 0.401   |          |

N<sub>A</sub> = number of alleles per locus; A<sub>R</sub> = allelic richness; H<sub>O</sub> = observed heterozygosity; H<sub>E</sub> = expected heterozygosity; PIC = polymorphic information content; F<sub>IS</sub> = inbreeding coefficient. \*Not in conformity with Hardy-Weinberg Equilibrium (p < 0.003, Bonferroni-corrected value)

**Table 2.** Genetic Diversity Assessment of Six *Crassostrea gigas* Populations Using Sixteen Microsatellite Markers

|                 |                 | Locus    |           |           |           |           |          |          | Mean all loci |
|-----------------|-----------------|----------|-----------|-----------|-----------|-----------|----------|----------|---------------|
|                 |                 | CG22-2-5 | CG22-2-17 | CG22-2-59 | CG22-2-67 | CG22-3-32 | CG22-4-3 | CG22-4-7 |               |
| TG<br>(N = 48)  | N <sub>A</sub>  | 8        | 17        | 8         | 4         | 7         | 4        | 6        | 10            |
|                 | A <sub>R</sub>  | 8        | 17        | 8         | 4         | 7         | 4        | 6        | 10            |
|                 | R               | 196-216  | 224-272   | 285-313   | 210-216   | 179-197   | 282-306  | 99-131   |               |
|                 | H <sub>O</sub>  | 0.646    | 0.646     | 0.333     | 0.146     | 0.583     | 0.333    | 0.625    | 0.539         |
|                 | H <sub>E</sub>  | 0.560    | 0.805     | 0.442     | 0.226     | 0.619     | 0.385    | 0.657    | 0.584         |
|                 | PIC             | 0.520    | 0.779     | 0.420     | 0.206     | 0.551     | 0.352    | 0.594    | 0.550         |
|                 | F <sub>IS</sub> | -0.155   | 0.199     | 0.248     | 0.356     | 0.058     | 0.136    | 0.049    | 0.086         |
|                 | HW              | 0.964    | 0.005     | 0.050     | 0.019     | 0.401     | 0.370    | 0.953    | 0.406         |
| JD<br>(N = 48)  | N <sub>A</sub>  | 7        | 21        | 8         | 6         | 6         | 4        | 5        | 10            |
|                 | A <sub>R</sub>  | 7        | 21        | 8         | 6         | 6         | 4        | 5        | 10            |
|                 | R               | 198-214  | 222-280   | 293-307   | 182-216   | 176-200   | 282-294  | 115-131  |               |
|                 | H <sub>O</sub>  | 0.563    | 0.688     | 0.563     | 0.229     | 0.438     | 0.292    | 0.521    | 0.535         |
|                 | H <sub>E</sub>  | 0.601    | 0.780     | 0.613     | 0.214     | 0.610     | 0.294    | 0.574    | 0.577         |
|                 | PIC             | 0.556    | 0.757     | 0.577     | 0.204     | 0.540     | 0.270    | 0.495    | 0.542         |
|                 | F <sub>IS</sub> | 0.064    | 0.120     | 0.083     | -0.074    | 0.285     | 0.007    | 0.094    | 0.059         |
|                 | HW              | 0.587    | 0.071     | 0.315     | 1.000     | 0.005     | 0.778    | 0.734    | 0.432         |
| SY<br>(N = 48)  | N <sub>A</sub>  | 10       | 19        | 8         | 3         | 5         | 4        | 5        | 10            |
|                 | A <sub>R</sub>  | 10       | 19        | 8         | 3         | 5         | 4        | 5        | 10            |
|                 | R               | 198-224  | 216-278   | 293-315   | 210-214   | 185-197   | 278-290  | 99-131   |               |
|                 | H <sub>O</sub>  | 0.521    | 0.708     | 0.438     | 0.188     | 0.604     | 0.271    | 0.479    | 0.526         |
|                 | H <sub>E</sub>  | 0.552    | 0.788     | 0.510     | 0.173     | 0.611     | 0.247    | 0.509    | 0.583         |
|                 | PIC             | 0.516    | 0.764     | 0.482     | 0.16      | 0.553     | 0.232    | 0.446    | 0.550         |
|                 | F <sub>IS</sub> | 0.057    | 0.101     | 0.143     | -0.082    | 0.011     | -0.098   | 0.058    | 0.073         |
|                 | HW              | 0.270    | 0.646     | 0.052     | 1.000     | 0.006     | 1.000    | 0.663    | 0.389         |
| TY<br>(N = 48)  | N <sub>A</sub>  | 6        | 13        | 6         | 6         | 6         | 3        | 5        | 9             |
|                 | A <sub>R</sub>  | 6        | 13        | 6         | 6         | 6         | 3        | 5        | 9             |
|                 | R               | 206-216  | 224-290   | 293-307   | 196-218   | 185-221   | 282-290  | 115-131  |               |
|                 | H <sub>O</sub>  | 0.604    | 0.688     | 0.354     | 0.146     | 0.458     | 0.375    | 0.583    | 0.538         |
|                 | H <sub>E</sub>  | 0.620    | 0.766     | 0.594     | 0.214     | 0.641     | 0.455    | 0.613    | 0.613         |
|                 | PIC             | 0.581    | 0.737     | 0.544     | 0.206     | 0.594     | 0.366    | 0.53     | 0.572         |
|                 | F <sub>IS</sub> | 0.026    | 0.104     | 0.406     | 0.322     | 0.287     | 0.177    | 0.049    | 0.135         |
|                 | HW              | 0.521    | 0.132     | 0.000     | 0.038     | 0.004     | 0.306    | 0.029    | 0.209         |
| TE<br>(N = 48)  | N <sub>A</sub>  | 6        | 20        | 4         | 8         | 6         | 3        | 7        | 9             |
|                 | A <sub>R</sub>  | 6        | 20        | 4         | 8         | 6         | 3        | 7        | 9             |
|                 | R               | 206-222  | 230-284   | 293-303   | 196-218   | 185-200   | 282-290  | 99-131   |               |
|                 | H <sub>O</sub>  | 0.500    | 0.688     | 0.292     | 0.188     | 0.479     | 0.438    | 0.458    | 0.538         |
|                 | H <sub>E</sub>  | 0.512    | 0.784     | 0.457     | 0.318     | 0.580     | 0.410    | 0.602    | 0.576         |
|                 | PIC             | 0.462    | 0.766     | 0.394     | 0.304     | 0.486     | 0.369    | 0.52     | 0.536         |
|                 | F <sub>IS</sub> | 0.023    | 0.124     | 0.365     | 0.413     | 0.176     | -0.069   | 0.240    | 0.093         |
|                 | HW              | 0.079    | 0.118     | 0.002     | 0.001     | 0.063     | 0.609    | 0.003    | 0.422         |
| GS<br>(N = 48)  | N <sub>A</sub>  | 11       | 17        | 7         | 7         | 8         | 5        | 7        | 10            |
|                 | A <sub>R</sub>  | 11       | 17        | 7         | 7         | 8         | 5        | 7        | 10            |
|                 | R               | 190-218  | 226-264   | 293-305   | 182-216   | 152-200   | 282-298  | 99-135   |               |
|                 | H <sub>O</sub>  | 0.667    | 0.729     | 0.250     | 0.229     | 0.625     | 0.271    | 0.646    | 0.573         |
|                 | H <sub>E</sub>  | 0.604    | 0.820     | 0.583     | 0.248     | 0.687     | 0.298    | 0.668    | 0.622         |
|                 | PIC             | 0.569    | 0.796     | 0.552     | 0.234     | 0.63      | 0.279    | 0.601    | 0.586         |
|                 | F <sub>IS</sub> | -0.105   | 0.111     | 0.574     | 0.075     | 0.091     | 0.091    | 0.033    | 0.085         |
|                 | HW              | 0.903    | 0.0031    | 0.000     | 0.621     | 0.035     | 0.466    | 0.666    | 0.420         |
| Mean all loci   | N <sub>A</sub>  | 8        | 18        | 7         | 6         | 6         | 4        | 6        | 10            |
|                 | A <sub>R</sub>  | 8        | 18        | 7         | 6         | 6         | 4        | 6        | 10            |
|                 | R               | 0.583    | 0.691     | 0.372     | 0.188     | 0.531     | 0.330    | 0.552    | 0.541         |
|                 | H <sub>O</sub>  | 0.575    | 0.790     | 0.533     | 0.232     | 0.625     | 0.348    | 0.604    | 0.592         |
|                 | H <sub>E</sub>  | 0.534    | 0.767     | 0.495     | 0.219     | 0.559     | 0.311    | 0.531    | 0.556         |
|                 | PIC             | -0.015   | 0.127     | 0.303     | 0.168     | 0.151     | 0.041    | 0.087    | 0.088         |
| F <sub>IS</sub> | 0.554           | 0.162    | 0.070     | 0.446     | 0.086     | 0.588     | 0.508    | 0.380    |               |

N<sub>A</sub> = number of alleles per locus; A<sub>R</sub> = allelic richness; H<sub>O</sub> = observed heterozygosity; H<sub>E</sub> = expected heterozygosity; PIC = polymorphic information content; F<sub>IS</sub> = inbreeding coefficient. \*Not in conformity with Hardy-Weinberg Equilibrium (p < 0.003, Bonferroni-corrected value)

**Table 3.** Pairwise  $F_{ST}$  Values and Genetic Distances Among Six Populations of *Crassostrea gigas* Based on Microsatellite Markers

|    | TG      | JD      | SY     | TY             | TE             | GS             |
|----|---------|---------|--------|----------------|----------------|----------------|
| TG |         | -0.0012 | 0.0025 | <b>0.0057*</b> | 0.0021         | -0.0015        |
| JD | 0.014   |         | 0.0002 | <b>0.0065*</b> | 0.0034         | -0.0009        |
| SY | 0.019   | 0.016   |        | <b>0.0120*</b> | 0.0037         | 0.0027         |
| TY | 0.025   | 0.026   | 0.035  |                | <b>0.0144*</b> | <b>0.0080*</b> |
| TE | 0.019   | 0.02    | 0.021  | 0.037 ↑        |                | 0.0035         |
| GS | 0.014 ↓ | 0.014   | 0.02   | 0.032          | 0.02           |                |

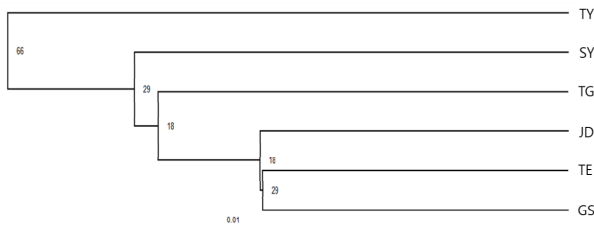
\*  $F_{ST}$ ; Significant at 5% nominal level ( $p < 0.05$ )

결핍으로 인해 초래된 Hardy-Weinberg 평형의 유의한 이탈이 관찰되었다 ( $P < 0.003$ ).

**2. 유전적 구조 분석**

참굴 집단 간의 유전적 분화 및 유연관계를 평가하기 위해, 집단 간 분화지수 ( $F_{ST}$ )와 유전적 거리 (Dis)를 산출하였으며, 이들 결과를 시각적으로 해석하기 위해 주성분분석 (PCA)을 수행하였다.  $F_{ST}$  값과 유전적 거리 분석한 결과, 통영 (TY) 집단은 간월도 (TG), 진도 (JD), 신안 (SY), 태안 이원 방조제 (TE), 군산 (GS) 등 다른 모든 집단과의 비교에서 유의한  $F_{ST}$  값을 보여, 뚜렷한 유전적 분화를 나타냈다 ( $p < 0.05$ ). 특히, 통영 (TY) 집단과 태안 이원 방조제 (TE) 집단 간의  $F_{ST}$  값은 0.0144로 가장 높았으며, 이는 통영 (TY) 집단의 독립된 유전 구조를 반영하는 결과로 해석된다. 유전적 거리 분석에서도 통영 (TY) 집단과 태안 이원 방조제 (TE) 집단 간의 거리가 0.037로 가장 높게 나타났으며, 전반적으로 통영 (TY) 집단이 다른 집단에 비해 유전적 거리 차이가 가장 큰 것으로 평가되었다. 반면, 태안 간월도 (TG) 집단과 군산 (GS) 집단 간의  $F_{ST}$  값은 -0.0015로 음 (-)의 값을 보였으며, 유전적 거리에서도 0.014로 가장 낮아 이들 집단 간에는 유전적 유사성이 높은 것으로 나타났다 (Table 3).

이러한  $F_{ST}$  기반의 유전적 분화 양상은 Nei 유전적 거리를 기반으로 한 UPGMA 계통도와 주성분좌표 분석 (PCoA) 결



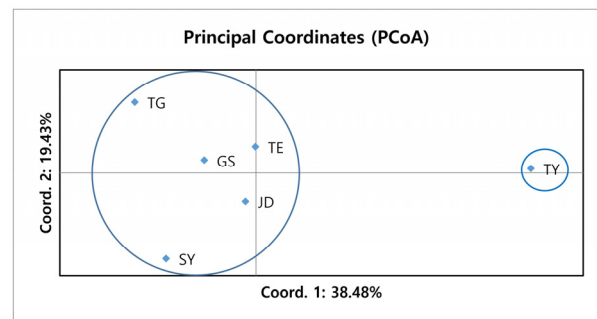
**Fig. 1.** Dendrogram Based on Nei's Genetic Distance Using the UPGMA Method for Six Populations of *Crassostrea gigas*.

과와도 높은 일치성을 보였다 (Fig. 1). UPGMA 분석에서 통영 (TY) 집단은 뚜렷하게 분리된 가지에 위치하여 독립적인 유전구조를 갖고 있음이 명확하게 나타났으며, 이는  $F_{ST}$  값이 통계적으로 유의하게 높은 것과 일관된 결과이다.

집단 간 유전적 관계를 시각적으로 확인하는 PCoA 분석에서도 통영 (TY) 집단은 제1주성분 (Coord. 1, 38.48%) 축에서 다른 집단들과 명확히 분리되어 고립된 위치에 군집하였으며, 나머지 집단은 서로 근접한 위치에 밀집하여 분포하였다 (Fig. 2). 이러한 결과는 통영 (TY) 집단이 지리적 또는 인위적 요인에 의해 유전적으로 고립되어 있음을 시사한다.

참굴 집단 간의 유전적 유사성과 개체 간 관계를 보다 정밀하게 파악하기 위하여 집단 구조 분석 (STRUCTURE) 과 집단 할당 분석 (Population assignment analysis)을 수행하였다. STRUCTURE 분석 결과, 집단 구조를 가장 적절하게 설명하는 최적 군집 수는  $K = 2$ 로 값이 가장 높게 나타났으며, 전체 집단에서 상대적으로 분리된 경향이 일부 관찰되었으나, 독립된 유전 집단으로 간주하기에는 분화 수준이 제한적이었다 (Fig. 3).

그러나 집단 할당 분석 결과, 통영 (TY) 집단은 다른 집단들과 비교하여 유전자 흐름 (Gene flow)이 제한되어 일정



**Fig. 2.** Biplot of Principal Coordinates Analysis Based on Nei's Genetic Distance for Six Populations of *Crassostrea gigas*.

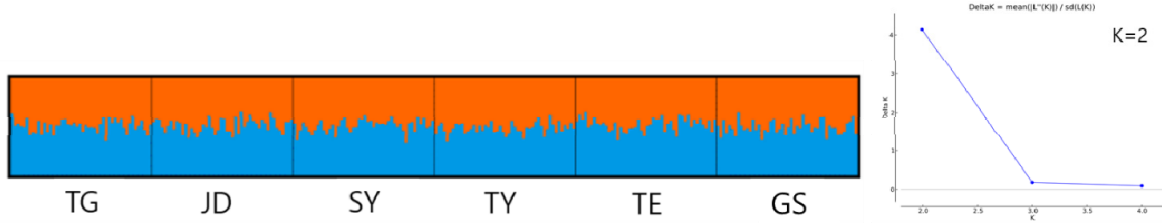


Fig. 3. Analysis of Population Structure of *Crassostrea gigas* Individuals Using STRUCTURE (K = 2).

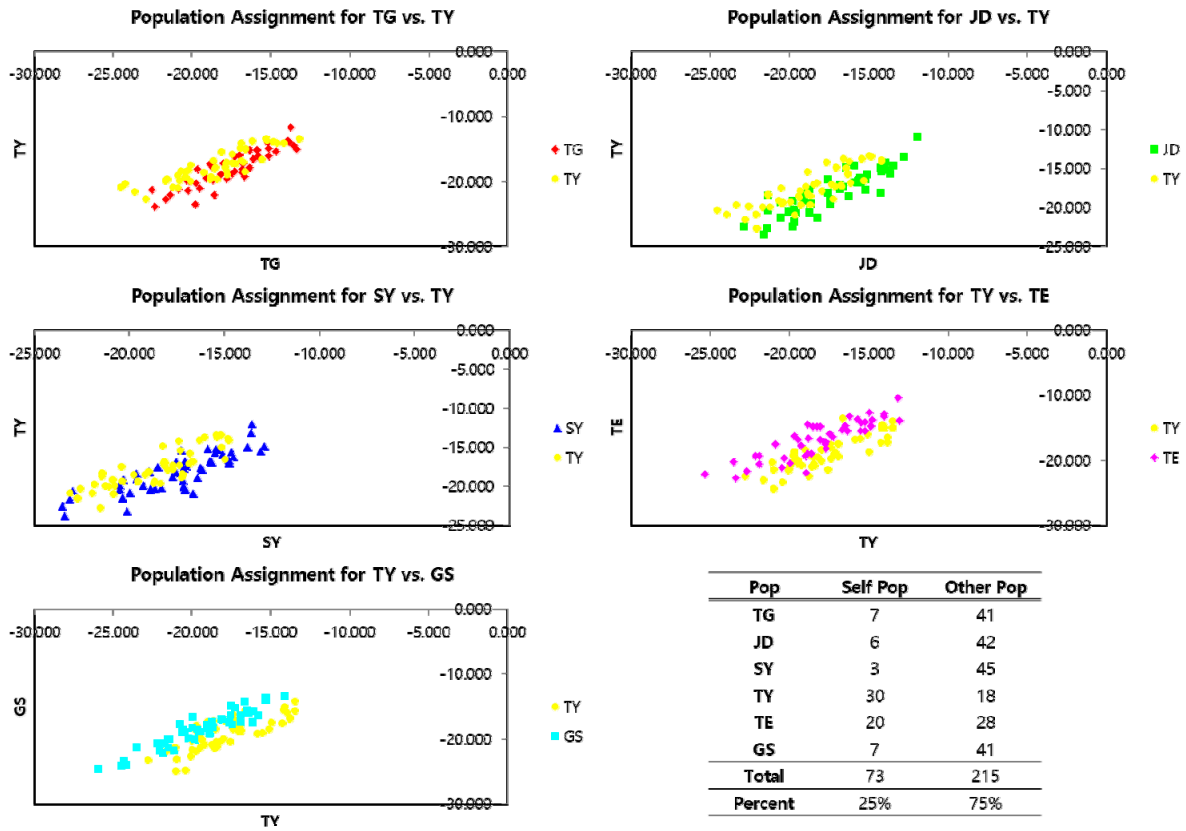


Fig. 4. Population Assignment Analysis Results of Individual *Crassostrea gigas* Samples.

수준의 유전적 분리 양상을 보였다 (Fig. 4). 이는 채묘지에서 생산된 통영 (TY) 집단이 자연발생 집단과는 다른 유전적 기반을 일부 포함하고 있음을 보여주며, 인위적인 종자 생산 과정에서 제한된 유전자원 사용이 그 원인일 가능성이 있음을 시사한다 (Sekino *et al.*, 2003; An *et al.*, 2012; An *et al.*, 2014; De Meeûs *et al.*, 2018).

본 연구를 통해 국내 주요 해역의 참굴 집단 (태안 간월도 (TG), 태안 이원 방조제 (TE), 진도 (JD), 신안 (SY), 군산 (GS)) 은 전반적으로 양호한 수준의 유전적 다양성을 유지하고 있음을 확인할 수 있었다. 반면, 통영 (TY) 집단은 채묘지

를 기반으로 한 양성 집단으로, 다른 자연발생 집단과 비교했을 때 일정 수준의 유전적 고립이 관찰되었으며, 유전적 다양성 측면에서 상대적으로 낮은 경향을 보였다. 이러한 결과는 인위적인 종자 생산 과정에서 유전적 병목현상이나 근친교배가 발생했을 가능성을 시사한다. 따라서 향후 통영 (TY) 집단의 유전적 다양성 결핍을 예방하고 건강한 종자 생산 기반을 유지하기 위해서는 정기적인 유전학적 특성 분석을 통한 지속적인 체계적인 관리가 필요하다. 특히, 다양한 어미 개체를 포함한 종자 생산 체계 구축과 자연 발생 집단과의 유전자 흐름 활성화가 중요하다. 이를 통해 유전적 병목 현상을 완화하

고, 집단 내 유전적 다양성을 증진할 수 있을 것이다. 또한, 채묘지 내 어미 개체의 구성 및 관리 기준을 강화하고, 자연 집단과의 복원 및 교배 프로그램 도입이 필요하다. 이러한 관리 전략은 통영 (TY) 집단의 유전적 안정성과 적응력을 향상시켜 지속 가능한 자원 관리에 기여할 것으로 기대된다.

## 요 약

참굴 (*Crassostrea gigas*) 은 조간대 및 아조간대에 서식하는 부착성 이매패류로, 뛰어난 환경 적응력과 빠른 성장 속도로 인해 전 세계적으로 널리 양식되고 있으며, 특히 아시아 지역에서 활발히 생산되고 있다. 우리나라에서도 참굴 양식은 해면양식어업의 주요 품목으로, 2021년 기준 약 26만 7천 톤의 생산량을 기록하였다. 그러나 장기간의 연작에 따른 종자의 열성화 가능성이 제기됨에 따라 유전적 다양성 유지와 자원의 지속 가능한 이용을 위한 연구가 요구되고 있다. 본 연구에서는 국내 6개 지역 (태안 간월도, 태안 이원면, 진도, 신안, 군산, 통영) 에서 채집한 참굴 288개체를 대상으로 16개의 microsatellite 마커를 활용한 유전자형 분석을 수행하였다. 분석 결과, 대립유전자 수는 최소 4개에서 최대 27개까지, 평균 10개로 나타났으며, 관찰 이형접합율과 기대 이형접합율은 각각 0.541 및 0.592로 유전적 다양성이 비교적 잘 유지되고 있는 것으로 확인되었다. 유전적 거리, pairwise  $F_{ST}$  값, UPGMA 군집 분석 및 주성분 분석 결과, 대부분의 집단 간 유전적 차이는 미미하였으나 통영 집단은 유의한 유전적 차이를 나타냈다 ( $p < 0.05$ ). 본 연구는 국내 참굴 자원의 유전적 특성에 대한 기초 자료를 제공하며, 향후 자원 보존 및 지속 가능한 양식 관리 전략 수립에 기여할 수 있을 것이다.

## 감사의 글

이 논문은 2025년도 국립수산물학원 수산과학연구소사업 (R2025018) 의 지원으로 수행된 연구입니다.

## REFERENCES

- Allendorf, F.W., Luikart, G. and Aitken, S.N. (2013) Conservation and the Genetics of Populations. Wiley-Blackwell, Oxford, U.K.
- An, H.S., Kim, E.M., Lee, J.W., Kim, D.J. and Kim, Y.C. (2012) New polymorphic microsatellite markers in the Korean miuiy croaker, *Miichthys miuiy*, and their application to the genetic characterization of wild and farmed populations. *Animal Cells and Systems*, **16**(1): 41-49.
- An, H.S., Yang, S.G., Moon, T.S., Park, J.Y., Hong, C.G., Hwang, H.K., Myeong, J.I. and An, C.M. (2014) Comparison of genetic diversity between wild-caught broodstock and hatchery-produced offspring populations of the vulnerable Korean kelp grouper (*Epinephelus bruneus*) by microsatellites. *Genetics and Molecular Research*, **13**(4): 9675-9686.
- Balloux, F. and Lugon-Moulin, N. (2002) The estimation of population differentiation with microsatellite markers. *Molecular Ecology*, **11**(2): 155-165.
- Botstein, D., White, R.L., Skolnick, M. and Davis, R.W. (1980) Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *The American Journal of Human Genetics*, **32**(3): 314-331.
- De Meeûs, T. (2018) Revisiting FIS, FST, Wahlund effects, and null alleles. *Journal of Heredity*, **109**(4): 446-456.
- Dong, C.M., Lee, H.M., Lee, M.N., Noh, E.S., Nam, B.H., Kim, Y.O. and Kim, E.M. (2022) Development of new microsatellite DNA markers using next-generation sequencing in Pacific oyster *Crassostrea gigas*. *Korean Journal of Malacology*, **38**(3): 129-138.
- Excoffier, L., Laval, G. and Schneider, S. (2005) Arlequin (version 3.0): An integrated software package for population genetics data analysis. *Evolutionary Bioinformatics Online*, **1**: 47-50.
- FAO (2024) The State of World Fisheries and Aquaculture 2024 Blue Transformation in action. Rome.
- Frankham, R. (1995) Conservation genetics. *Annual Review of Genetics*, **29**: 305-327.
- Frankham, R., Ballou, J.D. and Briscoe, D.A. (2004) A primer of conservation genetics. Cambridge University Press, Cambridge, U.K.
- Goudet, J. (1995) FSTAT (version 1.2): A computer program to calculate F-statistics. *Journal of Heredity*, **86**(6): 485-486.
- Hara, S., Uchida, T., Yamashita, M., Kawai, T., Yoshida, G. and Sakai, Y. (2006) Inbreeding depression traits in Pacific abalone *Haliotis discus hannai* by factorial mating experiments. *Fisheries Science*, **72**(4): 774-780.
- Kalinowski, S.T., Taper, M.L. and Marshall, T.C. (2007) Revising how the computer program CERVUS accommodates genotyping error increases success in paternity assignment. *Molecular Ecology*, **16**(5): 1099-1106.
- Kim, K.S., Noh, C.H., Sade, A. and Bang, I.C. (2015) Effectiveness of microsatellite markers for parentage analysis of giant grouper (*Epinephelus lanceolatus*). *Korean Journal of Ichthyology*, **27**: 10-15.
- Kobayashi, T. and Kijima, A. (2010) Effects of inbreeding depression in Pacific abalone *Haliotis discus hannai*. *Journal of Shellfish Research*, **29**(3): 643-649.
- Li, G., Hubert, S., Bucklin, K., Ribes, V. and Hedgecock, D. (2003) Characterization of 79 microsatellite DNA markers in the Pacific oyster *Crassostrea gigas*. *Molecular Ecology Notes*, **3**(2): 228-232.
- Nagano, N., Takami, H. and Izumi, M. (2017) Cause of mass mortality of Pacific oyster *Crassostrea gigas* larvae in Matsushima Bay. *Fisheries Science*, **83**(3): 403-412.

- Nei, M. (1972) Genetic distance between populations. *American Naturalist*, **106**(949): 283-292.
- NIFS (2022) Annual report for climate change trends in fisheries, 2022.
- Park, C.J., Kim, J.S., Yoo, S.H. and Lee, K.H. (2014) Inbreeding depression in Northern Abalone (*Haliotis discus hanna*) induced by inbreeding. *Journal of the Korean Society of Shellfish*, **30**(4): 415-419.
- Qi, H., Wu, Q., Li, L. and Zhang, G. (2009) Development and characterization of microsatellite markers for the Pacific oyster *Crassostrea gigas*. *Conservation Genetics Resources*, **1**: 451-453.
- Reuters (2024) Aquafarming becomes main global source for fish, U.N. food agency says.
- Rousset, F. (2008) GENEPOP'007: A complete re-implementation of the GENEPOP software for Windows and Linux. *Molecular Ecology Resources*, **8**(1): 103-106.
- Rudnick, J.A. and Lacy, R.C. (2008). The impact of assumptions about founder relationships on the effectiveness of captive breeding strategies. *Conservation Genetics*, **9**(6): 1439-1450.
- Sekino, M., Saitoh, K., Yamada, T., Kumagai, A., Hara, M. and Yamashita, Y. (2003) Microsatellite-based pedigree tracing in a Japanese flounder *Paralichthys olivaceus* hatchery strain: Implications for hatchery management related to stock enhancement program. *Aquaculture*, **221**: 255-263.
- Van Oosterhout, C., Hutchinson, W.F., Wills, D.P.M. and Shipley, P. (2004) MICRO-CHECKER: Software for identifying and correcting genotyping errors in microsatellite data. *Molecular Ecology Notes*, **4**(3): 535-538.
- Waples, R.S. and Zhivotovsky, L.A. (2015) Revisiting FIS, FST, Wahlund effects, and null alleles. *Journal of Heredity*, **109**(4): 446-456.