

언양 자연 집단내 *Drosophila melanogaster*의 유해 유전자 빈도 분석

김영필 · 최영현* · 유미애** · 이원호*

부산대학교 환경대학원 환경과학과, *자연과학대학 생물학과, **분자생물학과
(1995년 8월 15일 접수)

Analysis of Frequencies of Deleterious Chromosomes in Ôn-yang Natural Population of *Drosophila melanogaster*

Young-Phil Kim, Yung-Hyun Choi*, Mi-Ae Yoo**
and Won-Ho Lee*

Dept. of Environmental Sciences, Graduate School of Environment, *Dept. of Biology
and **Molecular Biology, College of Natural Sciences, Pusan National University,
Pusan 609-735, Korea

(Manuscript received 15 August 1995)

Abstract

The genetic variabilities of second chromosomes of *Drosophila melanogaster* concealed in Ôn-yang natural population have been analyzed by the *Cy//Pm* method and an allelism test during two years(1993-1994).

The mean frequencies of deleterious(lethal and semilethal) genes in Ôn-yang natural population were estimated to be 23.97% in 1993 and 27.15% in 1994, respectively. The allelism rates between lethal genes in the population were 0.654%(1993) and 1.429%(1994). The mean values of elimination by frequencies of deleterious genes and allelism rates were 0.0004(1993) and 0.0010(1994), respectively. The frequencies of phenotypic sterility of males in 1994 were estimated to be 1.95%, and thoses of genotypic sterility of females and males were estimated to be 1.54% and 2.31%, respectively.

Key Words : Genetic variability, Second chromosome, Ôn-yang natural population, *Drosophila melanogaster*

1. 서 론

자연속에 존재하고 있는 생물집단은 그 종류와 개체수가 무수히 많으며, 다양한 유전적 변이를 내부에 보유하고 있다. 이러한 유전적변이의 검출과 그 보유기구의 해석은 집단 및 진화유전학의

중요한 과제중의 하나이다. 자연집단을 구성하는 개체들에 대한 유해유전자의 구조적 파악에는 자연환경에 널리 분포되어 있고 적응성이 우수하며, marker gene들이 구비되어 있고 인가성 종이란 점에서 인간생활과 밀접한 관련이 있는 *Drosophila melanogaster*가 실험대상으로 많이 사용되어지고 있다.

*Drosophila*를 이용한 자연집단내에 잠재된 유전적 변이성에 관한 연구는 Chetverikov의 최초 보고 이래 현재까지 많은 연구자들에 의해 계속되어지고 있는데, 북미지역(Ives, 1945; Band and Ives, 1961, 1968), 일본 자연집단(Minamori and Azuma, 1962; Watanabe, 1969; Minamori *et al.*, 1973; Oshima and Watanabe, 1973; Watanabe *et al.*, 1976), 그리고 지중해 연안을 중심으로 한 유럽과 러시아지역 집단(Goldschmidt *et al.*, 1955; Wallace *et al.*, 1966; Watanabe, 1969) 등 거의 전 세계적 연구가 이루어져왔다. 유사한 방법들에 의한 연구가 국내에서도 수개체 자연집단을 대상으로 보고되어져 왔으며(Paik, 1960; Paik and Sung, 1969; Choi, 1978; Choo and Lee, 1976, 1986), 본 연구실에서도 지역적 특성을 지니는 부산의 사상자연집단 등을 대상으로 수년간 조사 보고한 바 있다(Lee and Son, 1980; Lee and Park, 1982; Kim and Lee, 1987; Park *et al.*, 1987; Sohn *et al.*, 1994).

본 연구에서는 현재까지는 비교적 양호한 자연 생태계가 유지되고 있으나, 최근의 급속한 도시확장으로 인하여 향후 큰 변화가 예상되는 울산시 언양지역의 *D. melanogaster* 제 2 염색체상의 유해유전자 빈도를 2년간 조사하였기에 그 결과를 주로 부산의 사상 자연집단과 비교하여 간략히 논하고자 한다.

2. 재료 및 방법

2.1. 실험재료

본 실험에 사용된 자연집단 *D. melanogaster*는 1993년과 1994년 6월 경남 울산시 울주군 언양 주변의 과수원에서 채집용 trap 또는 sweeping법에 의해 채집하였다. 그중 무작위로 매년 150개체 정도의 수컷을 골라 실험에 사용하였다. 제 2 염색체상의 유해유전자 검출을 위해 사용된 *Cy//Pm* 계통은 일본의 Kofu-Katsunuma background인 것을 본 집단의 background로 교체 시킨 계통이

였으며, 유전적 불임 분석에 사용된 Oregon-R (OR)은 일본국립유전학연구소에서 분양받아 본 실험실에서 계속적으로 유지되어 온 계통을 사용하였다.

2.2. 실험방법

2.2.1. 제2 염색체상의 유해유전자 빈도분석

언양자연집단내 *D. melanogaster*의 제 2 염색체상에 보유되어 있는 열성치사유전자의 검출은 *Cy//Pm*을 marker gene으로 사용한 Wallace (1968)의 *Cy//Pm* 방법에 준하였다. 이는 동계교배를 통하여 하나의 염색체상에 hetero 상태로 보유되어 있는 열성유전자를 homo화 함으로써 표현형으로 발현되게 하는 유전학적 방법이다. 즉 선발된 검출 대상 수컷 1개체와 미교배 상태의 *Cy//Pm* 암컷 2-3개체를 교배시켜 얻은 F_1 수컷 (*Cy//+1*) 1개체를 다시 미교배 상태의 *Cy//Pm* 암컷 2-3개체와 역교배시켰다. 여기서 얻은 F_2 중 미교배의 *Cy//+1* 암컷과 *Cy//+1* 수컷을 4쌍 정도 선발 및 교배를 통하여 각 계통당 200개체 이상의 F_3 를 얻어 그들 자손의 표현형 비율, 즉 전체개체수에 대한 표현형상 non-*Cy(+1//+1)*의 비율에 의하여 1.0% 이하의 경우는 치사, 1.0-16.7%의 경우는 반치사, 16.7-25.0%와 25.0-42.0%의 경우는 각각 저생존력 및 정상으로, 42.0% 이상인 경우는 초생존력 염색체군으로 분류하였다. 아울러 두 집단내 각 개체의 제 2 염색체를 homo화 시켰을 경우 각 집단의 평균생존력을 치사를 포함한 전체 homozygote의 생존력과, 치사와 반치사를 제외한 quasinormal homozygotes의 생존력 등 2가지로 구분하여 비교하였다.

2.2.2. 치사유전자간의 동좌율 및 homo에 의한 제거율의 분석

상기 방법에 의하여 제 2 염색체상의 열성유해유전자 중 생존도에 직접 영향을 주는 치사유전자의 빈도가 밝혀진 집단내 치사유전자에 대한 동

좌, 비동좌의 여부를 조사하기 위해 동일집단내에서 검출된 치사유전자 보유 계통간 half diallel 교배법에 준한 상호교배를 실시하였다. 그 결과 검정하고자 하는 치사유전자가 동일위치에 존재하게 될 경우 열성치사유전자는 homo로 결합되어 정상 개체가 출현하지 못할 것이며, 서로 다를 경우는 정상개체가 출현하게 될 것이다. 전자를 동좌, 후자를 비동좌로 판정하여 각 집단의 동좌율을 구하였으며, 여기서 얻은 동좌율(I)과 유해유전자 빈도(Q)를 이용하여 집단내 homo에 의해 제거되는 비율(IQ²)을 구하였다.

2.2.3. 표현형불임 및 유전적불임율의 조사

표현형불임율은 자연집단에서 무작위 선발된 수컷 1개체와 미교배 Cy//Pm 암컷 2-3개체와의 교배에서 F₁의 생성여부로서만 판단하므로 염색체상의 분석은 불가능하다. 유전적불임은 각 집단 개체들의 대상 염색체상에 hetero 상태로 잠재해 있는 열성불임유전자를 검출하게 되는데, 치사유전자 분석에서 이미 homo화 시킨 +1/+1 개체의 염색체에 불임인자가 homo로 존재할 경우 자손을 얻지 못하기 때문에 homo화 된 검정 대상개체와 완전한 임성이 확인된 정상계통 OR과 교배시켜 자손의 출현 여부로서 판정하였다. 이상의 모든 실험에서 사육을 위하여 corn meal-agar 표준배지가 사용되었으며, 25°C의 항온항명 조건하에서 실시하였다.

3. 결과 및 고찰

3.1. 제 2 염색체상의 유해유전자 빈도

Cy//Pm법에 의한 연양자연집단 *D. melanogaster* 제 2 염색체상의 생존도에 관한 변이성 및 유해유전자의 빈도는 Table 1과 같다.

동일한 방법에 의한 부산의 사상집단에 대한 1979년의 경우, 치사염색체의 빈도가 16.5%, 반치사와 정상염색체군이 7.5% 및 60.0%였으며(Lee and Son, 1980), 1981년의 경우는 각각 24.4%, 10.5% 및 47.5%라고 보고된 바 있다(Lee and Park, 1982). 그리고 1984년부터 Park *et al.*(1987)의 3년간 조사에서, 치사염색체의 빈도가 각각 12.18%, 8.51%, 8.50%였으며, 반치사의 경우는 13.71%, 23.40%, 25.50%, 그리고 정상의 경우는 62.94%, 44.15%, 28.50%라고 보고하였다. 최근 Sohn *et al.*(1994)에 의한 치사와 반치사염색체군의 빈도도 15.91% 및 17.42%로 선행 결과들과 유사한 양상이었다.

본 연구에서 조사된 연양집단의 경우 치사염색체군이 1993년과 1994년에 각각 12.33% 및 11.64%였으며, 반치사염색체군은 각각 13.91% 및 13.25%로서, 생존도상에 큰 영향을 줄 수 있는 전체 유해유전자의 빈도는 23.97%에서 27.16%였다. 즉 1979년 이래 본 연구실에서 조사된 지역적 특수성을 지니는 사상집단의 경우, 치사와 반치사염색체군이 평균 빈도는 각각 14.33% 및 16.34%로 전체

Table 1. Viability distribution of homozygotes for second chromosome of *D. melanogaster* isolated from On-yang natural population

Year	% Frequency						D/N** ratio	No. of chrom. tested
	L*	SL	SV	N	SUV	L+SL		
1993	12.33 (18)***	11.64 (17)	8.21 (12)	67.01 (98)	0.68 (1)	23.97 (35)	0.315	146
1994	13.91 (21)	13.25 (20)	9.93 (15)	62.25 (94)	0.66 (1)	27.15 (41)	0.373	151

* L;lethal, SL;semilethal, SV;subvital, N;normal, SUV;supervital

** D = L + SL, N = SV + N + SUV

*** No. of chromosomes

Table 2. Mean viabilities of homozygotes for second chromosome of *D. melanogaster* isolated from Ôn-yang natural population

Year	All homozygotes		Quasinormal homozygotes	
	No. of Chrom.	% Viability	No. of Chrom.	% Viability
1993	146	20.69	111	25.04
1994	151	23.37	110	29.54

Table 3. Allele rates in Ôn-yang natural population of *D. melanogaster*

Year	No. of lethals	No. of crosses	No. of allelic	Allelic rates(%)
1993	18	153	1	0.654
1994	21	210	3	1.429

Table 4. Elimination frequencies(IQ²) of deleterious chromosomes due to homozygosis in Ôn-yang natural population

Year	Frequency		Elimination frequencies (IQ ²)
	L + SL(Q)	Allelism(I)	
1993	0.2397	0.0065	0.0004
1994	0.2715	0.0143	0.0010

유해유전자의 빈도는 30.67% 정도였다. 즉 사상집단에 비하여 언양집단내 *D. melanogaster* 제 2 염색체내에 보유된 유해유전자의 빈도는 다소 낮음을 알 수 있었다..

Table 2는 조사된 2년동안 언양집단에서 유래한 *D. melanogaster* 제 2 염색체를 homo화 했을 때 전체 homozygote와 유해유전자(L+SL)를 제외한 quasinormal homozygote의 평균생존력을 비교해 나타낸 것이다.

조사된 언양집단의 경우 전체 homozygote의 평균생존력은 1993년에 20.69%였으며, 1994년은 23.37%였다. 그리고 유해유전자를 제외한 quasinormal homozygote의 경우 각각 25.04% 및 29.54%였다. Sohn *et al.*(1994)에 의한 사상집단의 경우 전체 homozygote의 평균생존력은 1984년에서 1986년 사이에 조사된 평균값(21.13%, Park *et al.*, 1987)과 매우 유사한 21.10%였으며, 유해유전자를 제외한 quasinormal homozygote의 경우는 29.62%(Sohn *et al.*, 1994)로 1984년 이후 다소 감

소되는 추세를 나타내었다고 한 바 있다. 언양집단의 경우, 본 실험의 결과만으로는 뚜렷한 양상을 설명할 수 없으며 시간의 경과에 따른 변화양상은 앞으로 계속 조사를 해야 할 것이다.

3.2. 집단내 치사유전자의 동좌율과 homo에 의한 제거율

본 실험법에 의해 검출된 언양집단 *D. melanogaster* 제 2 염색체상 치사유전자의 염색체상 동좌율 및 그에 의해 언양집단에서 제거되는 비율을 조사한 결과는 Table 3 및 4와 같다.

Table 3에서처럼 언양집단에서의 치사유전자 염색체상 동좌율은 1993년과 1994년에 각각 0.654% 및 1.429%였으며, 그에 의한 제거율은 각각 0.0004 및 0.0010으로 나타났다. 사상자연집단의 경우 동좌율은 1984년 이후 다소 증가추세(1.09% → 1.67% → 2.12%, Park *et al.*, 1987)를 보이다가, 근년에 와서는 0.952%로 다시 약간 감

소하였으며(Sohn *et al.*, 1994), 제거율은 1984년 이후 점진적으로 증가하였었지만(Park *et al.*, 1987), 근년의 결과는 연양집단의 1994년 결과(0.0010)와 매우 유사(0.0011)하였다(Sohn *et al.*, 1994). 그러나 Kim과 Lee(1987)에 의한 국내 안양 집단의 경우(0.0032)보다는 다소 낮은 값들이었다. Watanabe(1969)는 한국집단의 경우 비교적 유해 유전자의 빈도가 낮고 동좌율은 다소 높은 중집단에 해당한다고 하였는데, 동좌율과 제거율은 지역적 특성에 따른 고유한 값들이기 때문에 정확한 결과의 해석을 위해서 연양집단의 동좌율도 계속적인 조사가 요망된다.

3.3. 표현형불임 및 유전적불임을 조사

상기의 방법에 준하여 조사된 연양집단의 유전적불임을 및 표현형불임율은 1994년에 채집된 개체들을 대상으로 조사하였다. 먼저 유전적불임은 암컷과 수컷 각각 133개체를 대상으로 조사하였으며, 표현형불임은 채집된 수컷 154개체를 대상으로 조사하였다. 유전적불임율은 암컷과 수컷에서 각각 1.54%(2/130) 및 2.31%(3/130)로 수컷이 다소 높게 나왔으며, 표현형불임은 1.95%(3/154)였다. 동일한 방법에 의한 사상집단의 경우, 유전적불임율은 1985년과 1986년의 경우 암컷이 각각 2.91%, 8.20%이었음에 비하여 연양집단이 현저하게 낮음을 알 수 있었으며(Park *et al.*, 1987), 수컷의 경우도 4.65%(1985년) 및 4.37%(1986년)에 비하여 훨씬 낮게 나타났다. 그러나 연양집단의 표현형불임율은 사상집단의 경우와 비교적 유사하였는데, 이러한 경향성은 울산집단과도 유사하였다(Park *et al.*, 1987; Sohn *et al.*, 1994).

지금까지의 실험결과들로 보아, 특정 생물집단의 유전적 구조는 조사 지역 또는 조사 시기에 따라 다소 큰 차이가 있음을 쉽게 알 수 있다. 이러한 현상은 자연집단의 유전자 평형상태를 변화시키는 여러 요인들이 지리적 또는 시기적으로 다소 다르게 작용함에 따라 환경에 많은 영향을 끼치는 것으로 추정된다. 특히 *D. melanogaster* 집단의 유해유전자 증가의 주요인은 전이인자의 유입과 같은 급격한 상승과 같은 차이(Choo and Lee,

1986)를 제외하고는, 주변환경의 인위적 변동에서 기인된 생태적 지위변동인 월동기 기온상승으로 인하여 저생존력 개체의 서식이 양호해진 결과로 해석되기도 한다(Minamori *et al.*, 1973). 본 실험의 자료들은 앞으로 많은 환경변화가 예상되는 연양지역 *D. melanogaster* 집단의 연속적인 유전적 구조 변화 분석을 위한 기초자료로 활용될 수 있을 것이다.

4. 결 론

연양자연집단 *D. melanogaster* 제 2 염색체상의 유전적 변이성을 2년간(1993년-1994년) 비교 분석하기 위하여 *Cy//Pm*법과 *allelism test*에 의한 제 2 염색체상의 유해유전자 빈도, homozygotes viability, *allelism*, homo에 의한 제거율 및 유전적 불임성 등을 조사하였다.

연양집단의 치사 및 반치사 등의 유해유전자 빈도는 1993년과 1994년에 각각 23.97% 및 27.15%였으며, 집단내 치사유전자의 동좌율은 0.654%(1993년) 및 1.429%(1994년)였다. 유해유전자와 그 동좌율에 의한 집단내 제거율은 각각 0.0004(1993년) 및 0.0010(1994년)이었으며, 1994년의 유전적 불임율은 암컷이 1.54%, 수컷이 2.31%였고, 수컷의 표현형불임율은 1.95%였다.

참고문헌

- Band, H. T. and P. T. Ives, 1961, Correlated changes in environment and lethal frequency in natural population of *Drosophila melanogaster*, *Genetics*, 47, 180-185.
- Band, H. T. and P. T. Ives, 1968, Genetic structure of population. IV. Summer environmental variables and lethal and semilethal frequencies in natural population of *Drosophila melanogaster*, *Evolution*, 22, 633-641.

- Choi, Y., 1978, Genetic load and effective size of *Drosophila melanogaster* in Korea, *Evolution*, 22, 633-641.
- Choo, J. K. and T. J. Lee, 1976, Frequency and allelism of deleterious genes concealed in Korean population of *Drosophila*-Lethality, sterility and visible mutants -, *Kor. J. Zool.*, 19, 15-24.
- Choo, J. K. and T. J. Lee, 1986, Genetic changes in Korean population of *Drosophila melanogaster*, *Jap. J. Genet.*, 61, 337-343.
- Goldschmidt, E., J. Wahrman, A. Ledermann-Klein and R. Weiss, 1955, A two year's survey of population dynamics in *Drosophila melanogaster*, *Evolution*, 9, 353-366.
- Ives, P. T., 1945, The genetic structure of American population of *Drosophila melanogaster*, *Genetics*, 30, 167-196.
- Kim, K. B. and W. H. Lee, 1987, The genetic variability of third chromosome in Sasang natural population of *Drosophila melanogaster*, *J. Environ. Studies.*, Pusan Natl. Univ., 5, 87-97.
- Lee, W. H. and H. S. Park, 1982, Genetic studies on the effects of adverse environmentals in animals, *J. Sci.*, Pusan Natl. Univ., 33, 120-126.
- Lee, W. H. and Y. W. Son, 1980, The study of deleterious genes in a natural population of *Drosophila melanogaster*, *J. Coll. Edu. (Nat. Sci.)*, Pusan Natl. Univ., 7, 47-54.
- Minamori, S., K. Ito, A. Nakamura, Y. Ando, and H. Shiomi, 1973, Increasing trend in frequencies of lethal and semilethal chromosomes in a natural population of *Drosophila melanogaster*, *Japan. J. Genetics*, 48, 41-51.
- Minamori, S. and M. Azuma, 1962, A study of deleterious genes in some natural population of *Drosophila melanogaster* in Japan, *Jap. J. Genet.*, 37, 36-41.
- Oshima, C. and T. K. Watanabe, 1973, Fertility genes in natural populations of *Drosophila melanogaster*. I. Frequency genes and persistence of sterility genes, *Genetics*, 74, 351-361.
- Paik, Y. K. and K. C. Sung, 1969, Behavior of lethals in *Drosophila melanogaster* populations, *Jap. J. Genet.*, 44, 180-192.
- Paik, Y. K., 1960, Genetic variability in Korean population of *Drosophila melanogaster*, *Evolution*, 14, 293-303.
- Park, T. D., Y. H. Choi and W.H. Lee, 1987, Genetic variabilities of second chromosomes in Sasang and Ulsan natural populations of *Drosophila melanogaster*, *J. Environ. Studies*, Pusan Natl. Univ., 5, 75-85.
- Sohn, S. K., Y. H. Choi and W.H. Lee, 1994, Comparative studies on genetic variabilities of second chromosomes in Sasang natural and experimental populations of *Drosophila melanogaster*, *J. Korean Environ. Sci. Soc.*, 3, 297-304.
- Wallace, B., 1968, Detecting and measuring concealed variability. In ; *Topics in population genetics*, Norton, 30-54pp.
- Wallace, B., E. Zouros and C.B. Krimbas, 1966, Frequency of second and third chromosome lethals in a tropical population of *Drosophila melanogaster*, *Ameri. Natur.*, 100, 245-251.
- Watanabe, T. K., 1969, Frequency of deleterious chromosomes and allelism between lethal genes in Japanese natural populations of *Drosophila melanogaster*, *Jap. J. Genet.*, 44, 171-187.
- Watanabe, T. K., T. Watanabe and C. Oshima, 1976, Genetic changes in natural populations of *Drosophila melanogaster*, *Evolution*, 30, 100-118.