

한국의 두 강으로부터 재첩의 유전적 종다양성과 열안정성 변이체

허 만 규 · 문 두 호 · 허 흥 욱
부산대학교 생물교육과
(1998년 1월 16일 접수)

Genetic Diversity and Thermostability Variants of *Corbicula japonica* from the Two Main Rivers in Korea

Man-Kyu Huh, Doo-Ho Moon, and Hong-Wook Huh
Dept. of Biology and Biological Education, Pusan National University, Pusan 609-735
(Manuscript received 16 January 1998)

We examined the genetic variation within the species, the patterns of genetic diversity between populations, thermostability variations of enzymes and temperature tolerances of *Corbicula japonica* from the two main rivers in Korea. Starch gel electrophoresis was used to examine the genetic variation of 22 loci. Heating experiments of electrophoresis under the condition of $40 \pm 5^\circ$ for 15 ± 5 min disclosed thermostability differences, called heat-sensitive and heat-resistant types, within each electrophoretic allozyme. Genetic diversity at the natural species level was high (77.3%), whereas the extent of heat-treat groups was relatively low (52.6%). The genetic diversity trends to decrease from the source of two main rivers (the Sumjin River and the Nam River) to the mouths. Based on the data available such as considerable high genetic diversity compared with a mean value of *C. japonica* species, It is recommended that several populations of the species in Korea should be preserved.

Key words : Thermostability variations, *Corbicula japonica*, genetic diversity

1. 서 론

많은 야생생물들이 미래의 잠재 유전자원으로서 가치가 부여되고 있지만 환경파괴 등으로 절멸의 위기에 놓여 있는 것이 많다. 현재 지구상에는 200-500만종 심지어 1,000만종 이상이 살고 있다는 보고도 있지만 과거에 있다가 멸종한 것이 1,000만종 이상이 된다(환경청, 1980). 생물의 모든 형질은 유전과 환경의 두 요소의 상호작용의 결과이며 진화현상은 개개의 생물개체보다도 생물권에서의 집합적 현상이기 때문에 생물계의 집합체인 집단을 대상으로 진화문제 즉 다양성에 관하여 조사하여야 한다. 다양성에 관한 전지구적 문제는 1992년 브라질의 리오테자네이루에서 개최된 유엔 환경 개발 회의에서 지구온난화문제와 생물 다양성 보전문제를 협약하게 되었다. 생물종 다양성이란 일정지역에서의 유전자, 종, 생태계의 모든 가지수를 일컫는다(WRI et al., 1992). 특히, 우리나라에서는 이 세가지중 유전적 다양성에 관한 연구가 대단히 미흡한 실정이다.

온도는 생물체가 삶을 영위하는데 가장 큰 환경요인 중의 하나이다. 생물체의 대부분은 온도에 따른 변이체가 존재하는 경우가 많고, 환경상의 온도는 생물체의 생존 과정에 직접적인 영향을 미친다. 1°C 의 변화는 7~10%의 생존 과정의 변화를 야기시킨다는 보고도 있다

(Cossins and Bowler, 1987; Ingraham, 1987). 즉 에너지 전달, 생식, 성장 같은 생명체의 필수 불가결한 대사과정은 온도 변화에 결코 자유스러울 수 없는 것이다. 생물체에 대해 갑작스런 온도 변화(예: heat shock)는 세포내 단백질 합성이 대부분 저해되지만, 일부는 오히려 단백질이 합성되거나 증가하는 경향이 있다. 이런 온도 변화 대한 연구는 초파리, 곤충, 포유류 등에서 이루어진 바 있다(Bernstein et al., 1973; Singh et al., 1974, 1976; Milkman, 1975; Cochrane, 1976; Trippa et al., 1976). Bernstein 등(1973)은 초파리의 어떤 집단에서 xanthine dehydrogenase의 열안정성 allele가 전기 영동 실험에서 1.74배나 증가한 예를 보고한 바 있다. 특히, 해산 연체동물, *Guekensia demissa*에서 phosphoglucosyltransferase에 관한 열안정성 allele가 보고(Gosling, 1979)된 이래, 전복류인 참전복(*Haliotis discus hannai*)의 열안정성에 관한 연구(Fujino et al., 1980, 1987)와 수온과 지리적 분포에 따른 isozyme 연구(Hara and Kikuchi, 1992), 가리비(*Patinopecten yessoensis*)를 재료로 지리적 분포와 계절에 따른 온도 변화를 이용한 효소 변이가 보고되어 있으며(Kijima et al., 1984). 어류에서는 *Poecilia reticulata*(guppy)에서 GPI isozyme 한 효소로만 열안정성을 실험한 결과가

있다(Kanda and Fujio, 1992).

지리산에서 발원한 섬진강과 남강에 서식하는 재첩집단은 자연적인 격리집단의 성격을 띠고 있으며 남강은 남강댐에 의해 상류와 중류로 또한 격리되고 낙동강에 유입된다. 또한, 내륙지방과 해안 지방의 연평균 기온차가 존재함으로 열처리에 의한 유전자 빈도와 유전자 수가 집단간, 효소간 변화가 존재할 것으로 사료되어 본

실험을 행하였다. 이는 유전자 다양성과 보전문제, 그리고 지구온난화가 진행될 때 유전자 자원관리에 하나의 기초가 될 수 있을 것이다.

2. 실험재료 및 방법

2.1 재료

1996년 3월부터 10월까지 16개 집단에서 약 500개

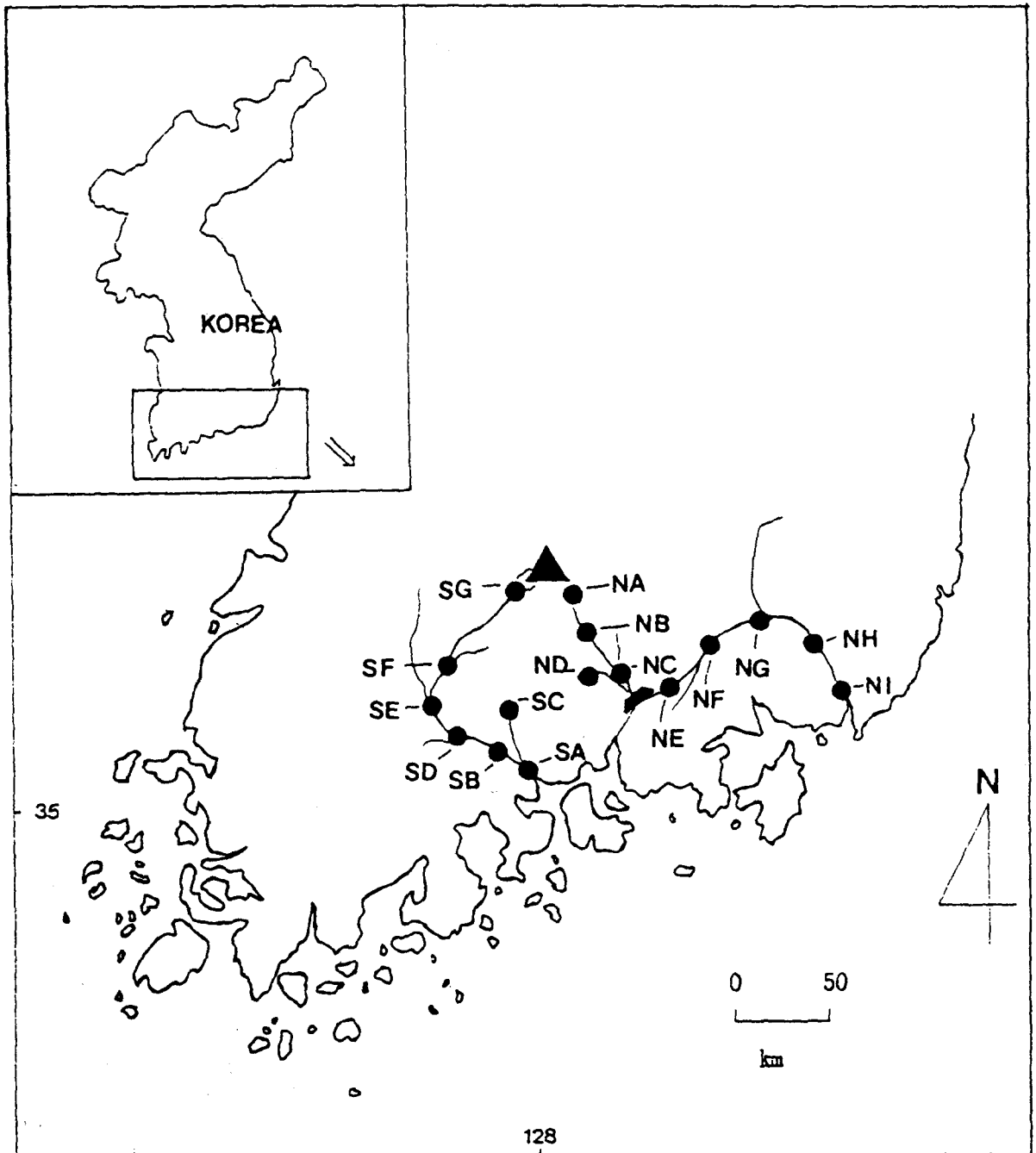


Fig. 1. Collection localities and abbreviations of *Corbicula japonica* in Korea populations.

Table 1. Percentage of polymorphic loci(P), mean number of alleles per locus(A), effective number of alleles per locus(Ae), observed heterozygosity(Hop), Hardy-Weinberg expected heterozygosity or genetic diversity(Hep) for sixteen populations of *Corbicula japonica* before heat-treatment

Pop. ^a	Pp	Ap	A	Ae	Hop (SD)	Hep (SD)
SA	77.27	2.71	2.32	1.82	0.222 (0.018)	0.365 (0.052)
SB	72.73	2.69	2.23	1.72	0.221 (0.018)	0.340 (0.052)
SC	68.18	2.73	2.18	1.60	0.206 (0.018)	0.293 (0.052)
SD	63.64	2.71	2.09	1.65	0.186 (0.018)	0.294 (0.056)
SE	63.64	2.71	2.09	1.52	0.148 (0.016)	0.256 (0.051)
SF	50.00	2.82	1.91	1.50	0.114 (0.015)	0.226 (0.056)
SG	54.55	2.25	1.68	1.30	0.108 (0.015)	0.166 (0.043)
NA	40.91	2.11	1.45	1.21	0.072 (0.011)	0.122 (0.040)
NB	45.45	2.10	1.50	1.26	0.095 (0.012)	0.151 (0.042)
NC	50.00	2.09	1.55	1.27	0.090 (0.012)	0.158 (0.041)
ND	50.00	2.09	1.55	1.25	0.091 (0.012)	0.153 (0.039)
NE	40.91	2.00	1.41	1.19	0.049 (0.009)	0.120 (0.036)
NF	63.64	2.14	1.73	1.27	0.115 (0.013)	0.177 (0.036)
NG	72.73	2.19	1.86	1.40	0.128 (0.014)	0.228 (0.041)
NH	68.18	2.27	1.86	1.38	0.136 (0.014)	0.221 (0.043)
NI	72.73	2.19	1.86	1.42	0.144 (0.015)	0.242 (0.042)
Mean	59.09	2.36	1.82	1.41	0.131 (0.004)	0.216 (0.011)

^a: Abbreviations for populations are given in the Fig. 1.

체를 채집하였다. 이들 지역의 위치 및 지역코드는 Fig. 1에 나타내었다.

2.2 실험방법

시료 준비는 hole block에서 gel buffer와 마쇄하여 시료로 사용하거나 -30°C에서 냉동보관후 사용하였다. 전분 전기영동은 Soltis et al.(1983)의 방법을 변형하여 사용하였다. 젤배조는 12.5%의 전분혼합물을 사용하였다. 수평 전기영동 전해질 완충액(0.2M Tris, 0.62M citric acid and 0.01M EDTA, pH 8.0)을 사용하였다. 열처리 조건은 Okumura et al.(1981)의 방법중 온도와 처리시간을 약간 변형하여 사용하였다. 즉, ADH, EST, MDH는 40±1°C에서 20분, PGD, PGM, ME, GOT는 42±1°C에서 18분, 나머지 효소는 45±2°C에서 15분간 처리하였다. 전기 영동된 젤을 Soltis et al.(1983)의 방법에 따라 염색하였다. 효소들은 fluorescent estrase(EST), acid phosphatases(ACP), malate dehydrogenase(MDH), alcohol dehydrogenase(ADH), leucine aminopeptidase(LAP), glutamate oxaloacetate(GOT), 6-phosphogluconate dehydrogenase(PGDH), phosphoglucomutase(PGM), isocitrate dehydrogenase(IDH), lactate dehydrogenase(LDH), malic enzyme(ME), shikimate dehydrogenase(SKDH), 그리고 glu-cosphosphate isomerase(GPI)이다.

2.3 자료분석

각 효소 시스템에 있어서 이동 정도에 따라 locus의 번호를 origin에서부터 부여하였다. 한 대립유전자좌위 내에서도 이동이 느린 밴드를 "a", 다음 밴드들을 "b, c..."등으로 표시했으며 밴드의 형태에 따라서 monomer, dimer 등으로 분류하여 이들의 빈도를 조사하였다. 각 집단간의 대립유전자좌위의 수와 유전자좌위당 대립

유전자의 빈도는 Hardy-Weinberg법칙에 의해 산출하였으며, 열처리 전후의 열저항성과 감수성 유전자 빈도는 Fujino et al.(1980)의 방법에 따랐다. 즉, 열처리후 내성유전자를 열저항성, 소실되는 유전자를 감수성으로 표시하였다. 집단내 및 집단간 유전적 변이 및 다양도를 다음과 같은 방법으로 분석하였다. (1)대립유전자 빈도에서 이형접합자에 대한 x²분석은 Workman과 Niswander(1970)의 방법에 따랐다. x² = 2NG_{ST}(a-1), df = (a-1)(n-1), N:집단의 수, G_{ST}: 분집단간 유전자 분화정도. (2) 유전적 다양도: 분집단내 다양도(H_S), 집단내 다양도(D_{ST}), 전체 다양도(H_T) 등은 Wright(1965)와 Nei(1977)의 계산식으로 계산하였다. H_S = 1 - ΣPi² (Pi = i번째 유전자의 빈도), H_T = 1 - ΣPi² (Pi = i번째 유전자의 빈도 평균), D_{ST} = H_T - H_S.

3. 결 과

3.1 유전적 변이

분석한 22개의 대립유전자좌위중 17개 좌위(Est-1, Est-2, Est-3, Acp-1, Mdh-1, Mdh-2, Lap-1, Got, Idh-2, Pgd-1, Pgd-2, Pgm-1, Pgm-2, Ldh, Me, Skd-1, 그리고 Pgi)는 적어도 한 집단 이상에서 다형현상(polymorphism)을 나타내었다(Table 1). 반면에 나머지 5좌위(Acp-2, Lap-2, Idh-1, Adh, 그리고 Skd-2)는 monomorphism을 나타내었다. 다형현상을 나타내는 대립유전자좌위는 3~4개의 allele이지만, 2개의 단성잡종 양식을 따르는 대립유전자좌위도 관찰되었다(Mdh-2, Got, Pgd-1, Pgd-2, Pgm-2 Ldh, Me, Skd-1, 그리고 Pgi). 열처리시 3개의 유전자좌위(Est-1, Idh-1, Acp-1)는 소실되었으며, 자연집단에서 다형현상을 나타내었던 7개의 유전자좌위(Mdh-1, Lap-1, Got, Idh-2, Pgm-1, Me, 그리고 Skd-1)가 monomorphic을 나타내었다. 따라서 종수준에서 다형현상의 빈도는 열처리전 77.3%에서 열처리후 52.6%로 감소하였다(Table 1, 2).

Table 2. Percentage of polymorphic loci(P), mean number of alleles per locus(A), effective number of alleles per locus(Ae), observed heterozygosity(Hop), Hardy-Weinberg expected heterozygosity or genetic diversity(Hep) for sixteen populations of *Corbicula japonica* after heat-treatment

Pop. ^{a)}	Pp	Ap	A	Ae	Hop (SD)	Hep (SD)
SA	52.63	2.00	1.53	1.36	0.201 (0.018)	0.212 (0.048)
SB	47.37	2.00	1.47	1.30	0.192 (0.018)	0.175 (0.047)
SC	47.37	2.00	1.47	1.29	0.203 (0.019)	0.170 (0.048)
SD	47.37	2.00	1.47	1.32	0.213 (0.019)	0.186 (0.048)
SE	42.11	2.00	1.42	1.24	0.169 (0.018)	0.152 (0.043)
SF	36.84	2.00	1.37	1.24	0.138 (0.017)	0.142 (0.043)
SG	21.05	2.00	1.21	1.13	0.088 (0.014)	0.080 (0.036)
NA	26.32	2.00	1.26	1.14	0.094 (0.014)	0.091 (0.035)
NB	36.84	2.00	1.37	1.20	0.086 (0.013)	0.129 (0.040)
NC	36.84	2.00	1.37	1.20	0.093 (0.013)	0.129 (0.040)
ND	47.37	2.00	1.47	1.26	0.117 (0.014)	0.171 (0.041)
NE	47.37	2.00	1.47	1.28	0.131 (0.015)	0.179 (0.043)
NF	47.37	2.00	1.47	1.31	0.139 (0.015)	0.188 (0.045)
NG	47.37	2.00	1.47	1.35	0.156 (0.016)	0.207 (0.048)
NH	47.37	2.00	1.47	1.35	0.178 (0.017)	0.204 (0.048)
NI	47.37	2.00	1.47	1.35	0.185 (0.017)	0.200 (0.049)
Mean	42.43	2.00	1.42	1.27	0.149 (0.004)	0.163 (0.011)

^{a)} Abbreviations for populations are given in the Fig. 1.

Table 3. Total genetic diversity(H_T), genetic diversity within population(H_S), deviations of genotype frequencies from Hardy-Weinberg expectations over all populations(F_{IT}) and within individual populations(F_{IS}), and proportion of total genetic diversity partitioned among populations(G_{ST}) of *Corbicula japonica* before heat-treatment

Locus	H _T	H _S	D _{ST}	D _m	R _{ST}	G _{ST}
<i>Est-1</i>	0.6113	0.5725	0.0388	0.0412	0.0720	0.0635
<i>Est-2</i>	0.5558	0.5248	0.0310	0.0330	0.0629	0.0559
<i>Est-3</i>	0.5018	0.4045	0.0972	0.1033	0.2554	0.1938
<i>Acp-1</i>	0.2974	0.2517	0.0457	0.0485	0.1928	0.1536
<i>Mdh-1</i>	0.5000	0.2422	0.2578	0.2740	1.1312	0.5156
<i>Mdh-2</i>	0.2376	0.2057	0.0319	0.0339	0.1649	0.1343
<i>Lap-1</i>	0.4685	0.3935	0.0749	0.0796	0.2023	0.1600
<i>Got-1</i>	0.2123	0.1878	0.0245	0.0261	0.1387	0.1155
<i>Idh-2</i>	0.3730	0.2945	0.0785	0.0834	0.2831	0.2104
<i>Pgd-1</i>	0.4994	0.2706	0.2288	0.2431	0.8984	0.4581
<i>Pgd-2</i>	0.2279	0.1677	0.0602	0.0640	0.3816	0.2643
<i>Pgm-1</i>	0.2384	0.2136	0.0248	0.0263	0.1232	0.1039
<i>Pgm-2</i>	0.4218	0.3408	0.0809	0.0860	0.2522	0.1919
<i>Ldh</i>	0.1066	0.0968	0.0099	0.0105	0.1084	0.0926
<i>Me</i>	0.1275	0.1202	0.0074	0.0078	0.0652	0.0578
<i>Skd1</i>	0.3449	0.3094	0.0356	0.0378	0.1222	0.1031
<i>Pgi</i>	0.2169	0.1837	0.0332	0.0353	0.1921	0.1531
Mean	0.3495	0.2812	0.0683	0.0726	0.2733	0.1781

집단수준에서도 열처리전 59.1%에서 열처리후 42.4%로 역시 감소하였다. 대립유전자의 수도 1.82에서 1.42로, 다형현상을 나타내는 대립유전자의 수도 2.36에서 2.00으로 감소하였다.

3.2 유전적 다양도

종수준에서 유전적 다양도는 자연집단과 열처리집단에서 각각 0.270, 0.162로 나타났으며, 집단수준에서 유전적 다양도는 자연집단과 열처리집단에서 각각 0.216, 0.163으로 나타났다. 집단간 비교에서는 섬진강하류 집단에서 0.365(SA)와 0.340(SB)으로 가장 높았으며 상류지역으로 갈수록 낮은 경향을 나타내었다. 남강

역시 하류보다 상류로 갈수록 낮은 경향을 보였다. 섬진강보다는 남강집단에서 다양도가 낮았지만 감소하는 폭은 크지 않았다. 열처리시 다양도가 두 강 모두 유사한 경향을 나타내지만 특히 섬진강 하류집단에서 다양도는 크게 감소하였다.

전체 유전자 다양도(H_T)는 다형현상을 나타내는 대립유전자 빈도를 전집단으로 나눈 것으로 자연집단에서는 0.350인 반면, 열처리시에서는 0.308로 나타났다(Table 3, 4). 다형현상을 나타내는 locus에서 이 변이의 대부분은 집단간 다양도(D_{ST})보다는 집단내 다양도(H_S)에 기인된다. 이 두 측정치는 H_S = 0.281로 높은 반면 D_{ST}는 0.033으로 낮았다(Table 3). D_m은 분집단내 유

Table 4. Total genetic diversity(H_T), genetic diversity within population(H_S), deviations of genotype frequencies from Hardy-Weinberg expectations over all populations(F_{IT}) and within individual populations(F_{IS}), and proportion of total genetic diversity partitioned among populations(G_{ST}) of *Corbicula japonica* after heat-treatment

Locus	H_T	H_S	D_{ST}	D_m	R_{ST}	G_{ST}
<i>Est-2</i>	0.2029	0.1976	0.0053	0.0057	0.0286	0.0261
<i>Est-3</i>	0.0347	0.0284	0.0063	0.0067	0.2360	0.1812
<i>Mdh-2</i>	0.2140	0.2066	0.0074	0.0079	0.0381	0.0345
<i>Adh</i>	0.2041	0.1879	0.0162	0.0173	0.0920	0.0794
<i>Idh</i>	0.5000	0.4839	0.0161	0.0172	0.0356	0.0323
<i>Pgd-1</i>	0.3625	0.2876	0.0749	0.0799	0.2779	0.2067
<i>Pgd-2</i>	0.4621	0.4500	0.0122	0.0130	0.0289	0.0264
<i>Pgm-2</i>	0.3712	0.3589	0.0123	0.0131	0.0365	0.0330
<i>Ldh</i>	0.3245	0.2920	0.0325	0.0347	0.1187	0.1001
<i>Pgi</i>	0.4075	0.4015	0.0060	0.0064	0.0159	0.0147
Mean	0.3084	0.2894	0.0189	0.0202	0.0908	0.0734

전자 다양도와는 독립적으로 집단간 순수한 코돈 (codon) 차이에서 오는 최소한의 절대값인데 0.035로 낮았다. 열처리시 다형현상을 나타내는 locus에서 변이의 대부분이 집단내 다양도에 기인된다는 사실이 명확하게 나타났다. 즉, $H_S = 0.401$ 로 높은 반면 D_{ST} 는 0.019로 낮았다(Table 4).

R_{ST} 는 집단간 다양도와 집단내 다양도의 비를 나타낸 것인데 자연집단에서는 0.063~1.131로 평균 0.273이다(Table 3). 또한 이 결과는 집단간 분화를 나타내는 G_{ST} 에서 집단간 변이는 17.8%이고 변이의 상당부분(82%)은 집단내에 속하고 있는 결과와 거의 일치한다. 열처리시 집단간의 분화가 억제되고 유전적 다양성의 획일화를 유도하는 것으로 나타났다.

4. 고 찰

한국 채집의 유전적 다양도는 유사한 생활양식, 즉 연체동물, 이패류, 부족류, 담수산 종들에 비해 높았다. 그 원인은 첫째, 채집의 광범위한 서식에 있다. 채집은 우리나라를 위시하여 일본 등 동남아에 광범위하게 분포한다. 이런 광범위한 분포종은 국소 분포 종에 비해 다양도가 높은 경향을 띤다(Hamrick and Godt, 1989; Karron et al., 1988; Mukaratirwa et al., 1996). 둘째, 교배양식과 관련이 있다. 채집은 특수한 환경, 즉 격리되어 있지 않으면 대부분 타가수정을 한다. 타가수정은 자가수정(또는 근친교잡)에 비해 일반적으로 유전적 다양도를 고양시키게 된다(Slatkin, 1987). 그럼에도 불구하고 이형접합체를 가진 개체가 하아디-바인베르그평형조건보다 결핍을 나타내었다. 이는 섬진강과 남강이 지리적으로 분리된 후 한 번도 교류가 일어나지 않는 점과 살아서 식용으로 이용하기 때문에 설령 채집한 일부가 유실되어도 죽은 개체이고, 인근 하천에서 쉽게 채취할 수 있기 때문에 집단간 인위적 혼합에 의한 gene flow가 발생하지 않는 것도 중요한 원인이 될 수 있다. 또한 모래나 빨속, 유속이 완만한 강바닥에 서식하므로써 홍수에 의해서도 집단이 혼합되는 것을 방지하는 것도 한 원인일 것이다. 특히 섬진강 하류집단과 낙동강 하류집단의 다양도는 상류집단에 비해 높게 나타났다.

이는 Pelecypoda와 Gastropoda가 해산에서 담수로 유일하게 성공적으로 진화한 경우인데 채집이 바로 Pelecypoda에 속하는 종이다(Brown and Richardson, 1988). 또한 강하류집단에 서식하는 종은 해수의 유입으로 해수와 담수의 두 환경조건에서 생존하기 위해서는 여러 유전자를 고루 가지고 있는 즉, 다양성이 높은 개체만이 살 수 있는 것도 한 원인일 수 있다.

온도는 생물에 있어서 주요한 환경요인의 하나로서 공간과 시간에 따라 변화된다. 따라서 온도변화에 따른 생물체의 반응, 생존율 등 다방면에 걸쳐서 많은 연구가 행해지고 있다. Guppy인, *Poecilia reticulata*(Kanda and Fujino, 1992)에서 53°C, 36분간 열처리할 때 *Gpi-1* locus의 일부는 감수성인 반면 *Gpi-2* locus는 모두 저항성을 나타낸다. 전복류는 *Pgm* locus에서 55°C로 처리하고 있다. 이런 처리 온도차이나 처리시간 차이는 실험적 특성이 강하고 동일 조건하에서도 어떤 효소 시스템에서 전기영동하느냐에 따라 약간의 차이를 수반할 수 있을 것이다. 물론 Fujino 등의 연구(1987)에서 전복류가 53°C라는 해수 환경이 조성될 때 생존할 수 있느냐는 의문의 여지가 있어 본 연구는 이들보다 10°C나 낮게 설정하였다. 그럼에도 불구하고 다형현상을 나타내는 대부분의 유전자좌위에서 다양성의 상실이 있었다. 한국의 채집집단은 열처리에 있어 대단히 좋은 재료로 여겨진다. 왜냐하면 해안지방에 서식하고 있는 집단과 진주, 산청의 여름 고온인 지리적으로 분지형 지역, 그리고 쌍계사, 산청 지역을 중심으로 한 겨울 온도가 낮은 내륙지방 등 여러 환경요인으로 집단을 다양하게 구분할 수 있기 때문이다. 이는 미국내 북 캘리포니아(35°N)지역에 있는 연체동물과 New York(41°N)의 연체동물이 좋은 재료가 된 것과 같은 맥락이다. 북 캘리포니아에서는 여름 최고 온도가 31°C인 반면 New York은 28°C를 초과하지 않는다. 본 실험에서는 해안지역에서 가까운 집단이 내륙지방에 서식하는 집단에 비해 열저항성 allele의 빈도가 높게 나타났다. 이는 내륙지방의 온도차가 크고, 해안 지방의 온도차가 적기 때문인지, 아니면 여름철에 해안지방보다 내륙지방의 온도가 상대적으로 고온으로 인한 것인지는 불명확하다. 그

렇지만 겨울에도 거의 동결이 일어나지 않은 섬진강, 낙동강 하류 집단이 기온차이에서 오는 환경적 변화를 적게 받는 것은 분명하다.

열처리를 실시하여도 저항성 allele의 빈도가 감수성 allele의 빈도보다 여러 효소에 걸쳐 광범위하게 형성되어 있었다. 이는 효소들이 생명을 영위하는 TCA cycle의 필수 불가결한 효소로 고온에서도 어느 정도 안정화되어 있음을 볼 수 있다(Cossins and Brower, 1987). 열처리에 대한 알로자임 변성 연구는 allele수의 변화뿐만 아니라 유사도의 평가도 중요하다(Singh et al., 1974). 초파리의 일부 종(*Drosophila virilis*)은 열처리 시 오히려 allele수가 증가하는 예가 관찰되는데, Bernstein et al.(1973)은 도태와 중립가설로 설명하고 있다. Kimura와 Crow(1964)의 중립가설은 하나의 아미노산이 치환되면 얼마나 많은 allele가 달라지게 되는가에서 $1+4 NeH$ (Ne: 유효 집단의 크기, H: 돌연변이율)의 식에 돌연변이율 10^{-5} , 집단의 크기 10^4 , 10^5 그리고 10^6 을 적용하면 1.0, 4.5 그리고 41.0이 된다. Ohta와 Kimura (1973)의 개정된 식인 $Ne = (1 + 8NeH)^{1/2}$ 을 적용하면 1.3, 3.0 그리고 9.0이 되어 본 실험의 집단이 $10^4 - 10^5$ 정도 됨을 시사한다. 열처리시 다양도가 감소하는 것은 대단히 시사하는 바가 크다. 이는 한국 채집 집단이 해산에서 전파되었을 가능성이 높고, 온도 등의 환경의 영향으로 집단간의 allele 빈도의 차이가 초래되었을 것으로 사료된다.

생물종이 가지는 유전변이의 구조를 분석하는 일은 그 종이 가지는 유전변이를 어떻게 유지할 것인가에 대한 정보를 제공한다. 이러한 정보가 수집되어 있지 않을 경우 어떤 지역이나 개체를 우선적으로 보전, 유지해야 할 것인가에 대한 구체적인 방안을 제시할 수 없으며, 결과적으로 모든 것은 보전해야 한다는 결론에 도달해야 한다. 즉 한 생물종에 대한 유전자원의 전략 수집에 있어서 매우 유용하면서 필수적인 선행조건이 된다. 유전자원 보전을 위한 전략 수집시 대상지역이나 개체의 선발 및 대상 종의 유전적, 생태적 특성을 고려하여 각 생물종별로 가장 합리적인 방법을 찾아내어야 한다(Lande, 1988). 특히 열리노현상으로 기상이변이 우리나라에서는 고온, 건조로 나타날 조짐이 농후하고, 온실 효과 등으로 지구 전체의 기온이 상승하고 있다. 따라서 고온 내성에 관한 연구가 다방면으로 이루어져야 할 것으로 사료된다. 한국의 채집종은 열처리를 하면 전체적인 다양도가 감소하였다. 그런 감소에도 불구하고 열처리후에도 다른 집단에 비해 다양도가 높은 섬진강 하류 집단과 낙동강 하류 집단을 보전하여야 할 것이다. 특히 우리나라 5대강중 유일하게 2급수인 섬진강의 수계오염 발생량이 14만 톤/일에 이르고 있다는 보고(김, 1997)를 간과해서는 안될 것이다. 이미 낙동강 하류인 명지, 녹산지역의 채집은 거의 사라졌기 때문이다.

4. 결 론

지리산에서 발원한 섬진강과 남강에 분포하는 채집의 유전적 다양도는 상류보다도 하류집단에서 더 높았다. 열처리에 대한 저항성 및 감수성 조사에서 유전적 다양

도는 거의 모든 집단에서 저하되었다. 그럼에도 불구하고 섬진강 하류집단은 지구온난화에 대비하는 유전자원 보전차원에서 우선적으로 선정되어야 할 것으로 보여진다.

참 고 문 헌

- 김종홍, 1997, 섬진강 수질 4급수 전략 위기, 부산일보.
 환경청, 1980, 세계보전전략(IUCN-UNEP-WWF, World Conservation Strategy), 232pp.
 Bernstein, S., L.H. Throckmorton and J.L. Hubby, 1973, Still more genetic variability in natural populations, Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 70, 3928~3931.
 Brown, K.M. and T.D. Richardson, 1988, Genetic polymorphism in gastropods: a comparison of methods and habitat scales, American Malacological Bulletin, 6, 9~17.
 Cochrane, B.J., 1976, Heat stability variants of esterase-6 in *Drosophila melanogaster*, Nature, 263, 131~132.
 Cossins, A.R. and K. Bowler, 1987, Temperature Biology of Animals, Chapman and Hall, New York, USA.
 Fujino, K., S. Okumura and H. Inayoshi, 1987, Temperature tolerance differences among normal diploid and triploid Pacific Abalones, Nippon Suisan Gakkaigh, 53, 15~21.
 Fujino, K., K. Sasaki and N.P. Wilkins, 1980, Genetic studies on the pacific abalone. III, Differences in electrophoretic patterns between *Haliotis discus* Reeve and *Haliotis discus hannai* Ino., Bull. Japan. Soc. Sci. Fish., 46, 543~548.
 Gosling, E., 1979, Hidden genetic variability in two populations of a marine mussel, Nature, 279, 713~715.
 Hara, M. and S. Kikuchi, 1992, Genetic variability and population structure in the abalone, *Haliotis discus hannai*, Bull. Tohoku Natl. Fish. Res. Inst., 54, 107~114.
 Hamrick, J.L. and M.J.W. Godt, 1989, Allozyme diversity in plant species, In: Plant Population Genetics, Breeding, and Genetic Resources. Sinauer Associates, Ins., Sunderland, 43-63pp.
 Ingraham, J., 1987, Effect of temperature, pH, water activity, and pressure on growth, Am. Soc. Microbio., 2, 1543~1544.
 Karron, J.D. and Y. B. Linhart, C.A. Chaulk and C.A. Robertson, 1988, Genetic structure of populations of geographically restriction and widespread species of *Astragalus* (Fabaceae), Am J. Bot., 75, 1114~1119.

- Kanda, N. and Y. Fujio, 1992, Detection of heat stability variants in GPI isozymes of the guppy, *Poecilia reticulata*, Jpn. J. Genet., 67, 483~489.
- Kijima, A., K. Mori and Y. Fujio, 1984, Population differences in gene frequency of the Japanese scallop, *Patinopecten yesoensis* on the Okhotsk sea coast of Hokkaido, Bull. Japan. Soc. Sci. Fish., 50, 241~248.
- Kimura, M. and J.F. Crow, 1964, The number of alleles that can be maintained in a finite populations, Genetics, 49, 725~735.
- Lande, R. 1988, Genetics and demography in biological conservation, Science, 241, 1455~1460.
- Milkman, R., 1975, Further evidence of thermostability variation within electrophoretic mobility classes of enzymes, Biochem. Genet., 14, 383~387.
- Mukaratirwa, S., H.R. Siegismund, T.K. Kristensen, and K. Chandiwana, 1996, Population genetics and genetic variability of *Bulinus globosus* (Gastropoda: Planorbidae) from the two main river systems in Zimbabwe, J. Heredity, 87, 288~294.
- Nei, M., 1977, F-statistics and analysis of gene diversity in subdivided populations, Ann. Human Genet., 41, 225~233.
- Ohta, T. and M. Kimura, 1973, A model of mutation appropriate to estimate the number of electrophoretically detectable alleles in a finite population, Genet. Res., 22, 201~204.
- Okumura, S., K. Sasaki, K. Fujino, 1981, Thermostability variation at multiple loci in the pacific Abalone, Bull. Japan. Soc. Sci. Fish., 47, 1672~1630.
- Singh, R.S., J.L. Hubby and L.H. Throckmorton, 1974, The study of genetic variations by electrophoretic and heart denaturation techniques at the octanol dehydrogenase locus in members of the *Drosophila virilis* group, Genetics, 80, 637~650.
- Singh, R.S., R.C. Lewontin and A.A. Felton, 1976, Genetic heterogeneity within electrophoretic alleles of xanthine dehydrogenase in *Drosophila pseudobscura*, Genetics, 84, 609~629.
- Slatkin, M., 1987, Gene flow and the geographical structure of natural populations, Science, 236, 787~792.
- Soltis, D.E., C.H. Haufler, D.C. Darrow, and G.J. Gastony, 1983, Starch gel electrophoresis of ferns: A complication of grinding buffers, gel and electrode buffers, and staining schedules, Amer. Fern J., 73, 9~27.
- Trippa, G., A. Loverre and A. Catamo, 1976, Thermostability studies for investigating nonelectrophoretia, Nature, 260, 42~44.
- Workman, P.L. and J.D. Niswander, 1970, Population studies on southern Indian tribes. II. Local genetic differentiation in the Papago, Am J Hum Genet., 22, 24~49.
- WRI(World Resources Institutes), World Conservation Union(IUCN) and United Nations Environment Programme(UNEP), 1992, Global Biodiversity Strategy, 244pp.
- Wright, S., 1965, The interpretation genetic population structure by F-statistics with special regard to systems of mating, Evolution, 19, 395~420.