

동위효소와 체액단백질 분석에 의한 한국산 멧누에나방의 지역적 특성

이재만 · 김경아 · 노시갑*
대구시 북구 산격동 경북대학교 농업생명과학대학

Phylogeny of *Bombyx mandarina* inhabiting Korea analysing the isozyme and hemolymph protein polymorphism

Jae Man Lee, Kyung-ah Kim and Si-kab Nho

Department of Natural Fiber Science, College of Agriculture and Life Science,
Kyungpook National University, Daegu 702-701, Korea

B. mandarina of Korean population apparently differs *B. mori* in isozyme analysis. Fourteen polymorphism occurred *B. mandarina* not in *B. mori* at 6 isozymes, *Bph*, *Bes*, *Amy-hc*, *Ies*, *Ict-D*, *Ict-E*. Korean population has shared with the Korean native strain of *B. mori* in B genotype of *Bes*, F of *Amy-hc*, n of *Ict-E*, M and S of *Ict-H*. These 5 genotype were known that detection only Korean native strains of *B. mori*. Nei's genetic distance based on the genotype of isozyme and hemolymph protein using 4 populations of *B. mandarina* varied from 0.0350 to 0.0624. The distances of 0.0350 is between Jinju and Chilgok population and between Jinju and Kosung population has the largest distances, 0.0624. In genus of *Bombyx*, *B. mandarina* and *B. mori*, genetic distance varied from 0.3822 to 0.5074. Phylogenetic tree obtained using the subprogram UPGMA of NTSYS represented that *Bombyx* divided two group, *B. mandarina* and *B. mori*. *B. mandarina* has genetic differences according to the population within the Korean peninsula, but that was not recognized genetic variation or divergence considering low values of genetic distance.

Key word : *B. mandarina*, population, polymorphism, genetic distance, Phylogenetic tree

서 론

멧누에나방(*Bombyx mandarina* M.; Lepidoptera, Bombycidae)은 누에나방과(科)에 속하는 야생곤충으로 집누에나방과 동일 속에 속하는 근연곤충이다. 紀元前 약 2000년부터 蠶蠶이 시작된 이래 집누에나방은 馴化와 改良이 거듭되면서 高度로 家畜化된 産業昆蟲으로 되었다.

오랜 기간동안 單一 種으로 維持·改良되면서 近世 初期의 遺傳學 發展에 크게 貢獻한 집누에는 현재 약 450여개의 遺傳子가 확인되어 있다(盧, 1996). 집누에에 대한 오랜 연구에도 불구하고 이 종(種)의 표준형 혹은 야생형에 관해서는 오늘날까지 논쟁이 되고 있다. 一般적으로 遺傳學이나 育種 研究에서는 基準이 되는 形質 즉 標準型 혹은 野生型이 必須적으로 요구되는데, 현재까지 집누에나방의 野生種으로 인정될 만한 곤충은 발견되지 않았다. 이러한 배경에 의해 집누에나방과 同一속(genus)에 속해있는 멧누에나방이 注目을 받게 되었으며, 현재에는 멧누에나방을 집누에나방의 唯一한 先祖型 昆蟲으로 認定하기에 이르렀다(Yasu, 1913; Kawaguchi, 1928; 布目, 1968).

이와 같은 사실은 집누에나방과 멧누에나방이 형태적 및 생리적으로 대단히 유사하며, 특히 두 종간에는 種間雜種의 형성과 후대 계속하여 생식능력을 갖는다는 사실 등으로도 뒷받침되고 있다.

멧누에나방은 연해주를 포함한 중국대륙의 일부, 한반도, 일본열도 등 극동아시아의 극히 한정된 지역에서만 서식하는 것으로 알려져 있다. 특히 서식지역에 따라 염색체 수의 변이를 나타내고 있다(川口, 1923; Astaurov *et al.*, 1959; 吉武, 1967, 1968). 현재까지의 연구에 의해 중국대륙 및 극동러시아 Ussuri강 유역에 서식하는 멧누에나방의 염색체 수는 집누에나방과 같은 $n=28(2n=56)$ (Yang *et al.*, 1984; Astaurov *et al.*, 1959), 일본열도의 경우는 $n=27(2n=54)$ (川口, 1923; Nakamura, 1999), 그리고 한반도에 서식하는 멧누에에서는 $n=28$ 형과 $n=27$ 형이 모두 관찰되었다(Nho *et al.*, 2001).

일반적으로 새로운 종의 형성은 지리적 고립에 의해 이루어진다고 알려져 있다(Maekawa *et al.*, 1988). 특히, 염색체 수는 분류학적으로 종의 동정에 있어 중요한 인자로 작용한다. 멧누에나방의 경우 지리적으로 고립되어 있

*Corresponding author. E-mail: nohsk@knu.ac.kr

는 일본 열도 뿐 만아니라 같은 아시아대륙에 있는 중국과 한국 멧누에나방에서도 서식지역에 따라 염색체 수의 다형이 나타난다는 것은 멧누에나방의 변이 혹은 종내분화를 추측해 볼 수 있게한다. 또한, 순화된 멧누에나방이 초기양잠에 사용된 원형이며, 이 누에가 중국으로부터 한 칸도를 경유하거나 혹은 해상경로를 통하여 일본에까지 전파되었다는 양잠의 전파경로(布目, 1967; 吉武, 1968) 등을 고려해볼 때 멧누에나방의 염색체 수의 다형은 집누에나방과의 종분화라는 진화론적인 측면에서 중요한 의미를 갖는다. 특히 중국대륙과 일본열도의 사이에 위치한 한반도의 지리적인 특성을 고려할 때 한반도에 서식하는 멧누에나방에 대한 연구는 필연적으로 요구된다. 동일 생물종이 서식지역에 따라 염색체수가 다르다는 유전적 배경과 더불어 고도로 가축화된 집누에와의 관계를 생각할 때 한반도에 서식하는 멧누에나방은 생명과학의 중심적 과제중의 하나인 생물종의 분화와 서식지역에 따른 변이 및 지역적응에 관한 중요한 과학적 사실을 밝힐 수 있는 연구재료가 될 것으로 생각된다. 그러나 현재까지 한국산 멧누에나방에 관한 연구는 대단히 미흡한 상태이며, 특히 본 연구와 관련된 연구는 거의 전무한 실정이다.

본 연구는 한반도에 서식하는 멧누에나방의 지역특이성과 유전적 다형을 기초로 멧누에나방의 종내 분화, 변이 및 집누에나방과의 유연관계 규명을 위한 연구의 일환으로 멧누에 유충의 동위효소 유전자와 체액단백질 유전자에 대한 분석을 실시하였다. 동위효소 유전자 분석은 사용되는 유전자 수가 제한되고 시간과 비용이 많이 드는 단점이 있으나 객관성과 정확성이 높아 종간의 유연관계 규명에 유용하다. 또한 유전적 형질이 일정하므로 연령이나 성에 다른 변이를 나타내지 않는 장점이 있다(金, 1997).

재료 및 방법

1. 공시재료

본 연구에 사용된 멧누에나방은 1997~1999년에 걸쳐 한국내의 각 지역에서 채집한 것을 사용하였다. 알, 유충, 번데기 상태로 채집하였으며, 필요에 따라 채집한 멧누에를

Table 1. Location of sampled populations of the wild silkworm, *B. mandarina*, in the Korean peninsula

Populations	Collected regions	Number of individuals
CG	Chilgok, Kyungsangbuk province	11
CH	Changhung, Chollanam province	14
CJ	Chinju, Kyungsangnam province	35
KS	Kosung, Kwangwon province	9

실내 사육하여 사용하였다(盧, 1992).

채집지역은 경상북도 칠곡군, 강원도 고성군, 전라남도 장흥, 경상남도 진주시 등이다. 표 1에 본 연구에 사용한 지역별 개체 수를 나타낸다.

멧누에의 대조구로 사용된 집누에는 중국종 원종인 금잠(錦蠶)을 이용하였다.

2. 실험방법

1) 유충체액 채취

각 지역별로 멧누에나방의 종령유충을 암수 관계없이 사용하였으며, micro tube(1.5 ml)에 유충체액을 채취한 후 3,000 rpm에서 10분간 원심분리하여 혈구세포를 제거하였다. 얻어진 체액시료를 즉시 분석하거나, -20°C에 보관하였다가 필요에 따라 분석에 사용하였다.

2) 전기영동 및 동위효소 단백질 분석

6.5% acrylamide gel를 지지체로 한 native slab gel 전기영동을 실시하였다. 영동을 완료한 gel을 각각의 분석 예정 효소단백질에 따라 기질과 발색제를 사용하여 분석하였다.

체액단백질로는 SP-1, SP-2(Storage protein 1 & 2; Tojo, 1978, 1980, 1981; 伴野, 1992)와 Lp(Blood albumin; Gamo, 1968)등을 조사하였으며, 영동이 끝난 gel를 0.1% C.B.B. (R250)에 염색한 후 0.75% acetic acid용액으로 탈색하였다.

동위효소 분석에는 *Amy-hc*(Hemolymph amylase; 松村, 1951), *Bph*(Blood acid phosphatase; Yoshitake & Akiyama, 1964; Yoshitake, 1965), *Bes* and *Ies*(Blood esterase and integument esterase; Eguchi, 1965; Eguchi and Yoshitake, 1966), *Ict-A, B, D, E, H*(Chymotrypsin inhibitor protein A,

Table 2. Summary of substrate and staining for detection of isozymes

Isozymes	Substrates	Staining Reagents
Blood acid phosphatase (<i>Bph</i>)	1-Naphthylphosphoric	Fast Blue B
Blood esterase (<i>Bes</i>)	α-Naphthyl acetate	Fast Blue RR
Integument esterase (<i>Ies</i>)	α-Naphthyl acetate	Fast Blue RR
Chymotrypsin inhibitor (<i>Ict</i>)	N-Acethyl-OL-Phenyl Alanine β-Naphtyl Ester NN'-Diemethyl Formamide	Fast Blue BN
Hemolymph amylase (<i>Amy-hc</i>)	Starch	Iodine Potassium iodine

B, D, E, H; Fujii, 1996)등을 이용하였다. 각 동위효소의 해당 기질과 발색제는 표 2와 같다.

3) 유연관계 분석

동위효소 유전자형의 빈도를 기초로 한 멧누에나방의 種內 및 집누에나방과의 種間 유연관계를 분석하였다.

Nei공식(Nei, 1982)에 근거한 집단의 유전적 거리와 이 거리를 기준으로 하여 계통수를 작성하였다. 계통수는 NTSYS(Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System) program의 UPGMA(Unweighed Pair-Group Method with Arithmetic Average) (Rohlf, 1989)법을 이용하였다.

결과 및 고찰

본 연구를 위한 채집과정에서 제주도를 포함한 한반도 전 지역에 멧누에나방이 서식하고 있는 것이 확인되었으며, 그 중 4개 지역을 중심으로(경북 칠곡, 경남 진주, 전남 장흥, 강원 고성) 12개의 동위효소 유전자형 및 체액단백질 유전자형에 대해서 분석하였다.

본 연구에서 분석한 동위효소 유전자중 몇 개의 유전자군에서 집누에에서는 나타나지 않는 유전자형을 확인 할 수 있었다. *Bph*, *Bes*, *Amy-hc*, *Ies*, *Ict-D* 및 *Ict-E*를 포함한 모두 6개의 유전자이다.

먼저, 멧누에 유충의 체액 산성 phosphatase(*Bph*) 동위효소 유전자의 전기영동상을 그림 1에 나타낸다. 집누에에서는 A, B, C, D 및 O형이 발현하는데 반해, 멧누에에서는 A, B, C O만이 발현되었으며, 그 중 *Bph*-B형이 가장 높은 빈도로 나타났다. 특히 A형과 전기영동적 이동도가 비슷하나 A형으로 인정하기 곤란한 A'형, B형과 이동도가 유사한 B'형 및 C형과 이동도가 유사한 C'형 등이 발현되었다. 이 중 B'형과 C'형이 경북 칠곡과 강원 고

성지 역에서 채집된 멧누에에서는 비교적 낮은 빈도로 발현하였다. 경남 진주지역에서 채집된 개체들에서는 A'형과 B'형이 발현하였다(이들 유전자형을 멧누에형 유전자로 명명함).

Blood esterase(*Bes*) 동위효소는 집누에에서와 같이 A, B, C 및 O형이 출현하였다(吉武, 1968). 경남 진주와 전남 장흥지역의 멧누에에서는 A형과 O형의 발현 빈도가 높은 반면, 경북 칠곡과 강원 고성지역의 개체에서는 A, B 및 C 유전자형이 고빈도로 나타났다. 집누에의 경우 지리적 원종간 발현의 차이를 나타내는데(Yoshitake *et al.*, 1966), 일본종과 중국종의 대부분은 A형을, 한국종으로 알려진 고려삼면, 한삼면(j301), 한삼면(k301)에서는 B형이 발현되는 것으로 보고되어 있다(李·盧, 2001). 또한 *Bph*에서와 같이 C형으로 인정하기 곤란한 C'형이 발현되었으며, 이 유전자형은 조사개체 중 유일하게 경북 칠곡지역의 멧누에에서 0.05 빈도로 나타났다. 그림 2에 경북 칠곡과 강원 고성지역의 멧누에에서 나타나는 유전자형을 나타낸다.

Hemolymph amylase(*Amy-hc*)의 분석에서는 경북 칠곡, 경남 진주의 멧누에에서 n형의 발현 빈도가 높았고, 전남 장흥에서는 M과 n 두 유전자형의 발현이 높았다. 이 외에도 S형과 F형이 발현되었는데, F형은 집누에의 경우 한국종에서만 발현되는 유전자형으로 알려져 있다(李·盧, 2001). 또한 집누에에서 발현되는 유전자형 외에 멧누에 유전자형으로 인정되는 F', M', S', S''형 등이 경남 진주, 전남 장흥, 강원 고성 지역의 멧누에에서 나타났다.

그림 3에 Integument esterase(*Ies*)의 전기영동상을 나타냈다. 멧누에에서는 집누에에서 발현되는 유전자중 C형과 D형만이 나타났다. 특히 조사지역 모두에서 C형의 발현 빈도가 절대적으로 높았는데, 이것은 집누에에서도 동일

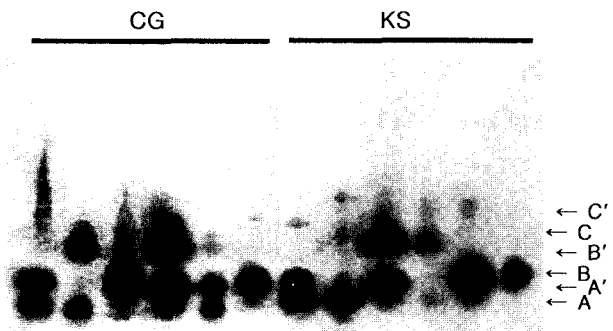


Fig. 1. Blood acid phosphatase (*Bph*) zymograms of *B. mandarina*, inhabiting the Korean peninsula. The roman alphabet of the upper indicates the population (see Table 1) and A~C' indicates the polymorphism of *Bph*.

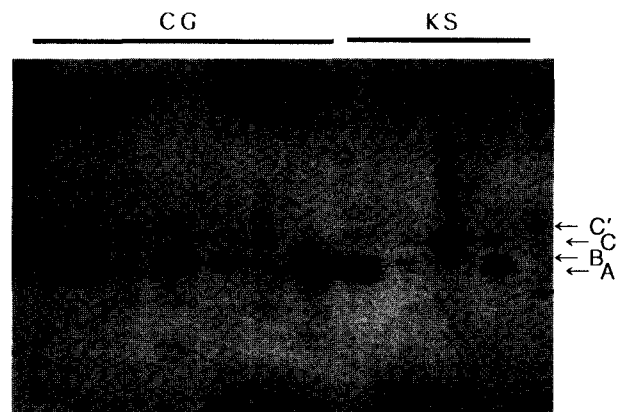


Fig. 2. Blood esterase (*Bes*) zymograms of *B. mandarina* inhabiting the Korean peninsula. The roman alphabet of the upper indicates the population (see Table 1) and A~C' indicates the polymor of *Bes*.

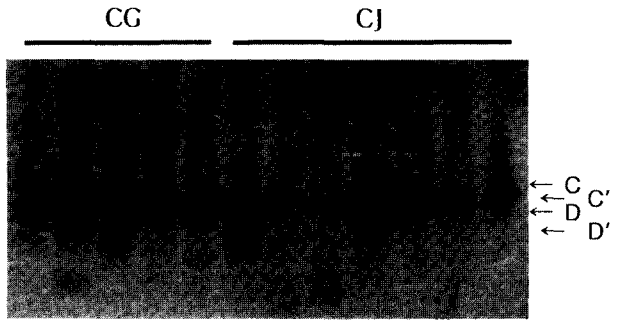


Fig. 3. Integument esterase (*Ies*) zymograms of *B. mandarina* inhabiting the Korean peninsula. The roman alphabet of the upper indicates the population (see Table 1) and C~D' indicates the polymorphism of *Ies*.

한 경향이라는 것이 보고되어 있다(吉武, 1968; 李·盧, 2001). 멧누에형 유전자는 경남 진주에서 C'형이, 전남 장흥에서 D'형이 나타났다.

Chymotrypsin inhibitor(*Ict*) 동위효소 유전자는 여러개의 다형을 가지는데 그 중 *Ict-A*, *Ict-B*, *Ict-D*, *Ict-E* 및 *Ict-H* 등 5개의 유전자형을 조사하였다.

먼저, *Ict-A*와 *Ict-H* 분석에서는 조사한 개체 모두에서 각각 F형과 n형 만이 발현되었다.

*Ict-B*의 분석에서는 멧누에에서만 나타나는 유전자형은 발현되지 않았고, 집누에에서 나타나는 유전자형인 F, S, n형이 모두 나타났다. 이와는 대조적으로 *Ict-D*에서는 멧누에 유전자형으로 인정되는 F, R', R''형이 나타났고, 특히 R'형은 F'과 R'' 멧누에 유전자형에 비해 발현빈도가 높은 특이성을 나타냈다. 조사지역중 칠곡, 진주, 장흥지역에서 특히 R'형의 발현빈도가 높았다. *Ict-E*의 경우는 조사지역 모두에서 n형의 발현이 절대적으로 높게 나타났으며, 진주와 장흥지역에서 S'형이 나타났다.

이상 9종의 동위효소 유전자외에 체액단백질 유전자의 다형 빈도를 조사하기 위하여(그림 4) 2종의 저장단백질(SP-1, SP-2) 및 저분자 Lipoprotein(Lp)등 3종의 단백질을 분석하였다.

SP-2의 경우 모든 조사 개체에서 동일한 유전자형이 나타났으며, 자특이단백질(Larval female protein)이라고 알려진 SP-1의 경우는 지역에 따라 발현빈도가 다르게 나타났다. 칠곡과 진주에서는 S'형의 발현이 절대적으로 높았으나, 장흥과 고성에서는 F'형과 S'형이 거의 같은 빈도로 발현되었다. Lp의 경우는 S'형이 조사지역 모두에서 빈도가 높았으며, 경남 진주지역에는 S'형과 함께 F'형도 상당한 빈도로 나타났다. 이상의 분석결과를 표 3에 각 유전자형에 대한 빈도로 나타냈다.

멧누에나방의 경우 집누에나방의 유전자형과 동일하게 발현되는 것이 대부분이나, 조사한 12개의 유전자중 6개

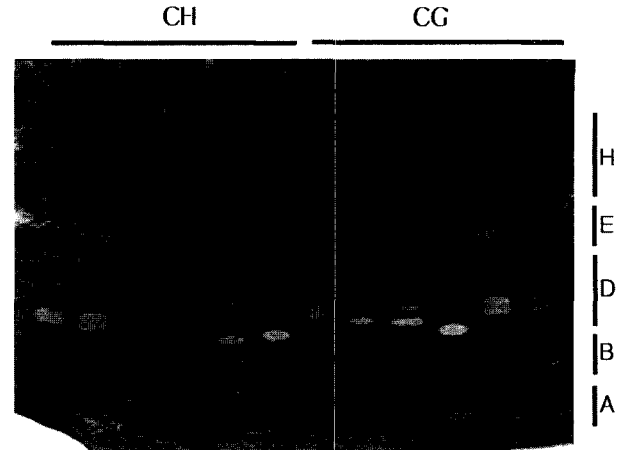


Fig. 4. Chymotrypsin inhibitors (*Ict*) zymograms of *B. mandarina* inhabiting the Korean peninsula. The roman alphabet along the right margin indicates the polymorphism of *Ict* and the upper indicates the population (see Table 1).

의 유전자에서는 멧누에나방에서만 나타나는 유전자형이 14개나 존재하였다. 이 사실은 두 종간의 효소형 출현빈도에 상당한 차이가 있다고 한 吉武(1966)의 보고와 잘 일치한다. 이외에도 두 종간의 유전적 차이는 난각구조와 단백질(Sakaguchi *et al.*, 1988) fibroin 유전자(Kusuda *et al.*, 1982) 및 arylphorin 유전자(Shimada *et al.*, 1995)등에서도 알려져 있다. 또한 동위효소 유전자중 집누에나방의 한국종에서만 발현된다고 알려진 *Bes* 유전자의 B형, *Amyhc* 유전자의 F형, *Ict-E* 유전자의 n형 및 *Ict-h* 유전자의 M형과 S'형 등이 한반도에 서식하는 멧누에에서 발현된다는 것은 지금까지는 전혀 의식되어지지 않았던 집누에 한국종의 형성 및 한국산 멧누에나방과 한국종의 진화론적 관계에 대한 의문이 야기된다.

동위효소 유전자의 빈도에 의해 계산된 유전적 거리는 멧누에나방의 서식지역에 따라 최소 0.0350에서 최대 0.0624 범위의 값으로 나타났다. 진주지역의 멧누에와 고성지역 멧누에 집단 사이의 변이의 폭이 가장 크고, 진주지역과 칠곡지역 멧누에 집단의 변이가 가장 적었다. 이것은 조사지역의 지리적 거리와도 잘 일치한다. 이 사실로부터 한반도내에 서식하는 멧누에나방은 서식지역 집단사이의 거리에 따라 유전적 거리도 비례하는 것으로 나타났다. 즉, 멧누에 집단 사이의 거리가 멀수록 유전자 변이의 폭이 크고 가까울수록 그 폭이 작다는 것을 나타낸다.

멧누에나방과 집누에나방 종간 비교에서는 유전자 변이율이 최소 0.3822에서 최대 0.5074 범위로 나타났다. 집누에나방 집단으로 사용한 금잠(錦蚕)은 중국종 원종으로서 동위효소분석 등의(藤井, 1998) 연구에서 집누에의 보편적인 유전자형을 가장 많이 보유한 것으로 알려진 계

Table 3. Frequencies of isozyme and hemolymph protein polymorphism of *B. mandarina* inhabiting the Korean peninsula

Gene	Polymorphism	Population*			
		CG	CJ	CH	KS
<i>Bph</i>	A	0.20	0.36	0.07	0.07
	B	0.50	0.40	0.70	0.65
	C	0.15	0.14	0.10	0.14
	O	-	-	0.03	-
	A'	-	0.04	-	-
	B'	0.05	0.01	-	0.07
	C'	0.10	-	-	0.07
<i>Bes</i>	A	0.27	0.46	0.30	0.21
	B	0.36	0.10	0.10	0.36
	C	0.05	0.15	0.23	0.14
	O	0.27	0.29	0.37	0.29
	C'	0.05	-	-	-
<i>Amy-hc</i>	F	0.10	0.03	-	0.44
	M	0.20	0.22	0.40	0.14
	S	0.20	0.18	0.13	0.14
	n	0.50	0.40	0.40	0.14
	F'	-	0.03	-	-
	M'	-	0.09	-	0.14
	S'	-	-	0.07	-
S''	-	0.05	-	-	
<i>Ies</i>	C	1.0	0.94	0.68	0.75
	D	-	0.03	0.18	0.25
	C'	-	0.03	-	-
	D'	-	-	0.15	-
<i>Ict-A</i>	F	1.00	1.00	1.00	1.00
<i>Ict-B</i>	F	0.10	-	-	-
	n	0.90	0.80	1.00	1.00
	S	-	0.20	-	-
<i>Ict-D</i>	F	0.15	0.11	0.14	-
	M	0.15	0.09	0.04	-
	S	-	0.11	-	-
	R	0.29	0.25	0.30	0.21
	n	0.20	0.11	0.20	0.43
	F'	-	0.11	-	-
	R'	0.15	0.23	0.24	0.36
R''	0.10	0.04	0.08	-	
<i>Ict-E</i>	S	0.10	0.17	0.27	0.14
	n	0.90	0.74	0.60	0.86
	S'	-	0.09	0.13	-
<i>Ict-H</i>	n	1.00	1.00	1.00	1.00
<i>sp-2</i>		1.00	1.00	1.00	1.00
<i>sp-1</i>	F	0.44	0.07	0.28	0.14
	F	0.44	0.07	0.28	0.14
<i>Lp</i>	M	-	0.27	-	-
	S	0.56	0.66	0.72	0.86

*The population is shown in Table 1.

통이다. 이 두 종간의 유전적 거리는 유전적 변이로서 인정된다. 또한, 유전적 거리를 고려할 때 두 종은 계통 분류학적으로 매우 가까운 관계에 있다는 것을 알 수 있다.

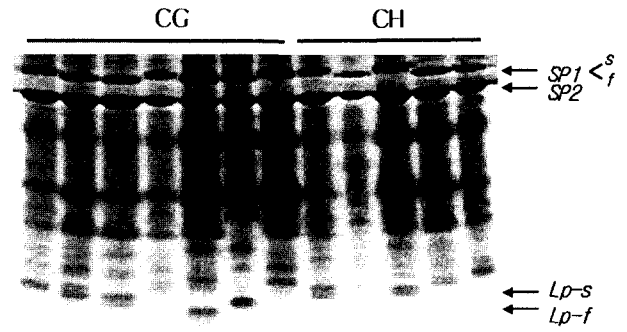


Fig. 5. Gel electrophoresis patterns of hemolymph proteins of *B. mandarina* inhabiting the Korean peninsula. The roman alphabet of the upper indicates the population (see Table 1). SP, storage protein; Lp, lipoprotein.

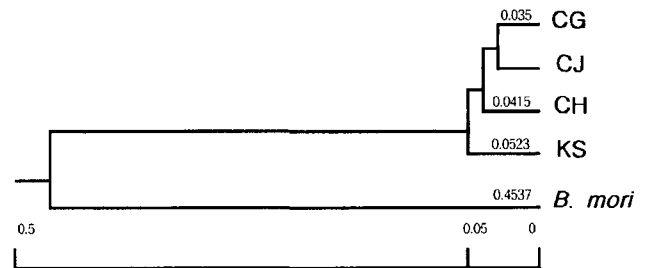


Fig. 6. A dendrogram of gene analysis data using UPGMA based on Nei's genetic distance.

Table 4. Nei's genetic distance based on the isozyme and hemolymph polymorphism frequency of *Bombyx*. The roman alphabet is the population of *B. mandarina* (see Table 1).

	CG	KS	CJ	CH	<i>B. mori</i>
CG					
KS	0.0493				
CJ	0.0350	0.0624			
CH	0.0403	0.0452	0.0432		
<i>B. mori</i>	0.4552	0.5074	0.4730	0.3822	

이 사실은 지금까지 밝혀져 있는 형태학적, 생리학적인 여러 연구와도 잘 일치한다(Kawaguchi, 1928; Astaurov et al., 1959; Yoshitake, 1968; Chikushi, 1972).

그림 6은 표 4의 유전적 거리를 기초로 *Bombyx* genus의 관계를 계통수로 나타낸 것이다. 멧누에나방 內에서는 4집단 모두 하나의 group을 형성하는 반면 종이 다른 집누에나방은 다른 group을 형성하였다.

이상의 결과를 종합하면, 한반도의 중남부지역에 서식하는 멧누에나방은 각 분포지역간에 다소 간의 유전적 변이는 인정되지만 지역에 따른 유전자 혹은 유전형질의 분화는 인정할 수 없었다. 그러나 중국대륙과 일본열도에

서식하는 멧누에나방과의 직접적인 비교가 없으므로 한반도 지역종에 대한 종분화의 유추는 확인하기 곤란하였다. 따라서 향후 중국, 일본, 한국 등 3개 지역의 멧누에나방에 대한 세포유전 및 분자생물학적 측면에서의 종합적인 연구가 필요할 것으로 사료된다.

적 요

한반도에 서식하는 멧누에나방의 서식지역에 따른 유전적 변이와 집누에나방과의 중간 유연관계를 조사하였다.

멧누에나방의 isozyme 및 체액단백질을 대상으로 유전자 빈도를 조사한 결과, 조사지역중 경북 칠곡과 경남 진주집단 사이의 유전적 유사도가 가장 높았으며, 경남 진주와 강원 고성집단 사이에서 가장 낮게 나타났다. 그러나 서식집단 상호간의 유사도는 매우 높았다.

한국산 멧누에나방과 집누에나방의 isozyme 유전자형은 대부분이 동일하게 발현되었으나, 집누에나방의 한국종에서만 발현된다고 알려진 *Bes*의 B형, *Amy-hc*의 F형, *Ict-E*의 n형 및 *Ict-h*의 M형과 S형 등의 유전자형이 한반도에 서식하는 멧누에나방에서 발현되었다.

따라서, 한반도 내에서 멧누에나방의 서식지역간 유전적 변이는 인정되지 않으며, 지금까지는 고려되지 않았던 집누에 한국종과 한국산 멧누에나방의 중간 유연관계에 대해 새로운 의문이 야기된다.

감사의 글

본 연구는 2001년도 경북대학교 연구비에 의하여 수행되었음.

인용문헌

Astaurov, B. L., M. D. Golisheva and I. S. Roginskaya (1959) Chromosome complex of Ussuri geographical race of *Bombyx mandarina* M. with special reference to the problem of the origin of the domesticated silkworm, *Bombyx mori* L. *Cytology*. **1** : 327~332.

伴野 豊·板原 貞二·河口 豊·土井良 宏(1992) 카이코幼蟲期體液蛋白質의變動と若齡型蛋白質の存在. *日蚕雜*. **62** : 187~194.

Chikushi H. (1972) Genes and genetic stocks of the silkworm. Keigaku Publ., Tokyo, PP. 1~6.

蔣猷 竜(1980) 家蚕的起源和分化. *浙江蚕糸* **2** : 1~32.

Eguchi, M., N. Yoshitake and H. Kai (1965) Types and inheritance of blood esterase in the silkworm, *Bombyx mori* L. *Jpn. J. Genet.* **40** : 15~19.

Eguchi, M. and Yoshitake N.(1966) Genetic studies on isozymes of integument esterase in the silkworm, *Bombyx mori* L. *Jpn. J. Genet.* **41** : 267~273.

藤井 博·荒武 尙·土井良 宏·古賀 克己(1996) 카이코體液キモトリプシンインヒビターの遺傳的研究. *日蚕?*. **65** : 334~341.

藤井 博(1998) 家蚕遺傳子資源系統の特性情報. 九州大學農學部遺傳子資源開發研究センター, 福岡, 日本.

Gamo, T. (1968) The inheritance of electrophoretic patterns of blood albumin in the silkworm, *B. mori*. *Jpn. J. Genetics.* **43** : 271~277.

Kawaguchi, E. (1928) Zytologische Untersuchungen am seiden spinner und seinen verwandten. I. Gametogenese von *Bombyx mori* L. und *B. mandarina* M. und ihrer Bastard. *Z. Zellforsch.* **7** : 519~552.

金燕洙(1997) 動物分類學. 集賢社, 50~58.

Kusuda, J., Y. Tazima, K. Onimaru, O. Ninaki and Y. Suzuki (1986) The sequence around 5' end of the fibroin gene from the wild silkworm, *Bombyx mandarina* and comparison with that of the domesticated species *B. mori*. *Mol. Gen. Genet.* **203** : 359~364.

布目 順郎(1967) 蚕糸科學と技術 **6**(4) : 44~47; **6**(5) : 48~52; **6**(6) : 62~65; **6**(7) : 50~53.

布目 順郎(1968) 山西省西陰村土の卵詔期繭殻について. *日蚕雜*. **37** : 187~194.

川口 栄作(1923) 家蚕と桑學との雜種における細胞學的研究. *動物學雜*. **35** : 427~429.

木村 資生(1990) 分子進化學入門. 培風館. 東京. 185~208.

李在万·盧時甲(2001) 동위효소 및 RAPD분석에 의한 한국재래종 누에계통의 계통학적 특성. *韓蚕學誌*. **43**(2) : 59~66.

Maekawa, H., N. Takada, K. Mikitani, T. Ogura, N. Miyajima, H. Fujiwara, M. Kobayashi and O. Ninaki (1988) Nucleolus organizers in the wild silkworm *Bombyx mandarina* and the domesticated silkworm *Bombyx mori*. *Chromosoma*. **96** : 263~269.

Nakamura, T., Y. Banno, T. Nakada, S. K. Nho, M. K. Xu, K. Ueda, T. Kawarabata, Y.

Kawaguchi and K. Koga (1999) Geographic dimorphism of the wild silkworm, *Bombyx mandarina*, in a chromosome number and the occurrence of the retroposon-like insertion in the arylphorin gene. *Genome*. **42** : 1117~1120.

Nei, M. (1982) Evolution of human races at the gene level. Alan R Liss Incorporation. New York. PP. 167~181.

盧時甲·金鐘吉(1992) 韓國産 멧누에나방(*Bombyx mandarina* M.)의 室内飼育. *韓應昆誌*. **31** : 33~36.

盧時甲(1996) 가잠유전자원 및 유전형질. *韓蚕學誌*. **38**(1) : 57~72.

盧時甲·李在万(2000) 현존하는 한국재래종 잠품종의 형질특성. *韓蚕學誌*. **42** : 10~13.

Nho, S. K., K. A. Kim, J. M. Lee and Y. Banno (2001) Variation in the chromosome number in the wild silkworm, *B. mandarina*, collected in Korea. *J. Seri. Sci. Japan*. **71** : 49.

Rohlf F. J. (1989) NTSYS-PC Numerical taxonomy and multivariate analysis system version 1.50. Exeter Publ., New York.

Sakaguchi, B., K. Sugahara, S. K. Nho, M. Goldsmith, Y. Kawaguchi and K. Koga (1998) Analysis of chorion proteins of *Bombyx mandarina* in comparison with those of *Bombyx mori*. *J. seric. Sci. Japan*. **67** : 194~204.

Shimada, T., Y. Kurimoto and M. Kobayashi (1995) Phylogenetic relationship of silkmoths inferred from sequence data of the arylphorin gene. *Mol. Phylo. Evol.* **4** : 223~234.

- 蒲生 卓磨·大塚 維雄(1980) 血液の蛋白質多型にもづく蚕品種の系統發生學的研究. 蚕試報. **28** : 15~20.
- Tojo, S., T. Betchaku, J. Ziccardi and G.R. Wyatt (1978) Fat body protein granules and storage proteins in the silkworm, *Hyalophora cecropia*. *J. Cell Biol.* **78** : 823~838.
- Tojo, S., M. Nagata and M. Kobayashi (1980) Storage proteins in the silkworm *Bombyx mori*. *Insect Biochem.* **10** : 289~303.
- Yang, X. Z. and Chiang T. C. (1984) The comparison and evolution of some quantitative characters of *Bombyx mori* and *B. mandarina*. The Southwest Col. of Agri., Chungching. China.
- Yasu, N. (1913) Notes on the spermatogenesis of the wild and domesticated silkworms. *Annot. Zool. Japon.* **8** : 215~220.
- 吉武 成美(1966) 種の酵素型からみたクワコとカイコの類縁関係について. 遺傳雜. **41** : 259~267.
- 吉武 成美(1968) 家蚕日本種の起源に?する一考察. 日蚕雜. **37** : 83~87.
- Yoshitake, N. and Akiyama M. (1964) Genetical studies on the acid phosphatase in the blood of the silkworm, *B. mori*. *Jpn. J. Genet.* **39** : 26~30.
- Yoshitake, N., M. Eguchi, M. Akiyama and Y. Tsuchiya (1966) Phosphatase and esterase polymorphism in larvae of the silkworm, *Bombyx mori* L (Lepidoptera : Bombycidae). *Appl. Ent. Zool.* **1** : 41~48.