Korean J. Zool. 33: 6-11, 1990

*Drosophila melanogaster*의 김포 자연집단의 유전적 구조

이택준 · 김남우

중앙대학교 이과대학 생물학과

본 연구는 김포 노랑 초파리(***Drosophila melanogaster***) 자연집단의 제 2 염색체에 보유되어 있는 유해유전자를 분석하여 집단의 유전적 구조의 일단을 밝히고자 하였다. 실험에 사용된 수컷 초파리는 1974년과 1981~1987년 까지 매년 9월말경에 채집하여 사용하였다. 유해유전자(lethal + semilethal)의 빈도는 1987년 41.48%로 가장 높았으며 8년간에 대한 유의성검정을 실시한 결과 매우 높은 유의성을 나타냈다($X^2 = 52.0157$, ***d.f.*** $= 28$, $0.001 < P < 0.005$). Lethal gene의 동좌율은 1981년에 1.30%로 가장 낮았고 1974년에 5.03%로 가장 높았으며 동좌율을 이용한 유효생식집단 크기는 평균 약 3,300쌍으로 산정되었다. Lethal gene의 동형접합에 의한 제거율은 0.0004(1984년)에서 0.0019(1974년)의 범위였으며, 이것은 제 2 염색체의 돌연변이율보다 매우 작은 값이다. 김포자연집단의 lethal gene의 일정한 빈도(약 20%)는 p-type mutator factor (P element)의 침입에 의한 증가와 동형 및 이형접합 상태에서의 제거에 의해서 유지된다고 생각한다.

KEY WORDS: Genetic structure, Lethal gene, *D. melanogaster*.

초파리 자연집단에는 생존에 영향을 미치는 유해유전자가 heterozygous상태로 잠재되어 있다. 이러한 유해유전자에 대한 연구는 미국(Hiraizumi and Crow, 1960; Wallace, 1966; Ives and Band, 1986), 일본(Watanabe *et al.*, 1976; Mukai *et al.*, 1985), Egypt (Gold-Schmidt *et al.*, 1955), 한국집단(Paik, 1960, 1966; Paik and Sung, 1969; Choo and Lee, 1976, 1986; Choi, 1978, 1985; Choi and Paik, 1983; Rim *et al.*, 1988)등 세계 여러지역의 초파리 집단에 대한 분석 결과들이 보고된 바 있다. 미국의 South Amherst집단(Band and Ives, 1968; Ives and Band, 1986)의 경우는 유해유전자에 대하여 가장 오랜 기간동안 조사된 집단이다. 이 집단의 경우 1938년부터 1946년까지 유해유전자의 빈도는 높고 1947년이후의 유해유전자 빈도는 낮아졌음이 보고된 바 있다.

한편, 일본의 Kofu-Katsunuma집단(Oshima and Kitagawa, 1961; Watanabe *et al.*, 1976)도 오랜 기간 분석된 집단중의 하나인데 이 집단의 경우 1958년에서 1968년의 11년간에는 약 15~20%의 유해유전자 빈도를 유지하였으나 1969년부터 1972년의 4년간에는 약 2배의 빈도로 증가된 현상이 보고되었다. Choo와 Lee(1986)에 의해 보고된 안양초파리집단은 대체로 1971년부터 1977년까지는 증가현상을 보인 반면, 그 후에는 감소의 경향을 보여주고 있다.

최근 Mukai등(1985)의 보고에 의하면 Katsunuma집단에서의 유해유전자 빈도의 급속한 증가현상은 P-type mutator factor의 침투에 의해서 유발되었을 것이라고 하였으며, Choo와 Lee(1986)는 한국의 안양초파리 자연집단의 유해유전자 빈도의 변동에 대해서도 Mukai등(1985)과 같은 견해에서 논의한 바 있다. 이러한 견해는 환경요소의 동질성에도 불구하고 집단간 유전적 구성 및 배경이 달라질 수 있음을 시사하는 것이라 하겠다.

본 연구는 김포초파리 자연집단을 대상으로 유

해유전자 빈도 및 동좌율에 대한 수년간의 조사결과를 토대로 유전적 구조의 일단을 밝히고자 한다.

재료 및 방법

본 연구에 사용한 노랑 초파리(*Drosophila melanogaster*)는 1974년과 1981년부터 1987년까지 매년 9월말경에 경기도 김포읍 풍국만수농장에서 Sweeping법으로 채집하였다. 열성유해유전자 분석은 제 2 염색체상의 유전자를 분석할 수 있는 *Cy/Pm*법을 사용하였는데, 자연집단에서 채집된 수컷 1개씩을 *Cy/Pm* virgin 암컷 3개체씩과 교배하고 그 F_1에서 출현한 *Cy* / +수컷 한 개체만을 *Cy* / *Pm* virgin 암컷과 재교배 시켰다. 여기서 출현된 F_2의 개체중 *Cy* / +끼리 자가교배시킨 후 F_3의 분리비로 homozygous의 생존력을 산정하였다. 정상염색체의 경우 분리비는 *Cy* / + : + / +가 2 : 1로 될 것이며 총 출현 개체수에 대한 + / +의 출현빈도에 따라 생존력을 판정하였는데, 정상형(+/+)이 1% 이하이면 lethal(L), 1.1~16.7%이면 semilethal(SL), 16.1~25%이면 subvital(SV), 25.1~42%이면 normal(N), 41%이면 supervital(SUV)로 구분하였다. 집단내의 lethal gene의 동좌율을 분석하기 위하여 lethal계통에 대하여 half-dialled crosses 방법으로 교배하였다. 유효생식잡단크기(Ne)는 Nei(1968)의 공식에 의하여 산정하였다.

$$Ne = (1 - Ig) / [4(IgU - u)]$$
$$Ig = -\ln(1 - IcQ^2) / [\ln(1 - Q)]^2$$

Ig = allelic rate of lethal gene
Ic = allelic rate of lethal chromosome
Q = frequency of lethal chromosome
U = the mutation rate per chromosome
u = the mutation rate per locus

여기서, U와 u는 각각 0.005와 10^{-5}으로 하였다. 초파리 사육은 standard media 가든 사육병(3 × 10 cm)과 25°C ± 1°C의 사육실에서 행하였다.

결과

김포지역의 8개년간의 초파리집단을 분석하여 얻은 제 2 염색체의 homozygous 생존력 분포는 Table 1과 같다. lethal gene(L)의 빈도는 '81년에 23.14%로 가장 높고, '84년이 13.11%로 가장 낮았으며 그 이외에는 19~23%사이의 빈도를 나타냈다. lethal gene과 semilethal gene의 빈도를 합한 유해유전자의 빈도는 '87년이 41.48%를 나타내고 있어 제 2 염색체만을 분석한 유해유전자 빈도로서는 높은 빈도를 보여주고 있으며 '84년은 가장 낮은 24.59%를 보여 주었다. 8개년도에

Table 1. Homozygous viability of second chromosomes of *D. melanogaster* from Kimpo natural population.

Year	No. of tested chromosomes	Viabilities (%)					
		L	SL	SV	N	SUV	L+SL
1974	145	19.31	15.17	26.21	39.31	0.00	34.48
1981	121	23.14	14.88	23.14	38.84	0.00	38.02
1982	194	21.65	11.86	31.96	34.54	0.00	33.51
1983	148	22.97	4.05	25.68	45.95	1.35	27.02
1984	122	13.11	11.48	28.69	43.44	3.28	24.59
1985	157	21.66	14.01	19.11	44.59	0.64	35.67
1986	128	19.53	13.28	21.88	44.53	0.78	32.81
1987	135	19.26	22.22	26.67	31.11	0.74	41.48
Total	1,150	20.08	13.37	25.42	40.29	0.85	33.45
Homogenity		$\chi^2 = 52.0157$		*d.f.* = 28		$P < 0.005$	

Table 2. Homogeneity value of interyears from Kimpo natural population.

Year	1974	1981	1982	1983	1984	1985	1986
1981	0.717						
1982	2.355	3.007					
1983	11.025*	10.008*	10.639*				
1984	3.216	5.508	6.077	8.311*			
1985	2.580	1.291	8.303*	9.834*	5.875		
1986	1.281	1.155	5,405	7.866*	2.910	0.447	
1987	2.966	3.497	6.450	23.023*	9.540*	8.109*	6.661

d.f. =4, *P<0.005

대한 유의성 검정 결과 매우 유의한 차를 보여주고 있어 전체적으로 년도간의 생존력 분포는 큰 차이가 있는 것을 알 수 있다($p < 0.005$).

한편, 8년간의 유의성검정을 실시한 결과는 Table 2와 같다. 8년간 중에서 '83년은 다른 해와 가장 차이가 심한 해로 나타났는데 이 '83년과 짝을 이루어 분석된 모든 경우에서 유의성을 나타내고 있다. 이것은 Table 1에 나타난 것과 같이 '83년의 semilethal gene의 빈도가 다른 연도의 semilethal gene의 빈도에 비하여 낮은 결과로 해석된다. 또한, '87년집단도 유전적구조 차이가 심한 연도중 하나이다. 그러므로 Table 1에서 나타난 전체적 유의성은 '83년과 '87년에서 비롯된 것으로 간주될 수 있다. 김포초파리 자연집단에서 추출된 lethal gene의 동좌성 실험결과는 Table 3과 같다. lethal gene 계통 상호간의 교배에서 동좌율은 '74년이 5.03%로 가장 높았으며, '81년이 1.30%로 가장 낮았고 그외는 2% 내외의 동좌율을 보여주고 있다. 김포초파리의 유효생식집단의 크기(Ne)와 제거율을 분석한 결과는 Table 4와 같다. 동좌율이 가장 높았던 '74년의 집단크기가 1,239쌍으로 가장 작았으며 '81년이 4,999쌍으로 가장 크게 나타났다. 그리고 김포 초파리 자연집단의 유효생식 개체가 약 3,300쌍을 상회하는 집단인 것으로 분석되었다. 자연집단에서 lethal gene이 동형접합되어 제거되는 율은 유해유전자 빈도를 Q라 하고 동좌율을 I라 할 때, IQ^2를 산출함으로서 구할 수 있는데, Table 4에서와 같이 0.0004('84)에서 0.0019('74)의 범위였다.

고찰

초파리집단에서 분석된 유해유전자의 빈도는 지리적인 차이에 따라 많은 차이를 보이고 있다. 본 연구의 김포집단분석 결과는 대체로 lethal gene의 빈도가 높고 semilethal gene의 빈도가 낮았으나 미국집단에서 보여주는 lethal gene의 빈

Table 3. Allelic rates between lethal genes on second chromosome extracted fromKimpo natural population.

Year	No. of lethals	No. of crosses	Allelic crosses	Allelic rate(%)
1974	28	378	19	5.03
1981	22	231	3	1.30
1982	29	406	7	1.72
1983	16	120	3	2.50
1984	16	120	3	2.50
1985	34	561	11	1.96
1986	25	300	6	2.00
1987	26	325	6	1.84

Table 4. Effective population size of *D. melanogaster* from Kimpo natural population.

Year	Q	Ic	Ig	IQ^2	Ne($u=10^{-5}$)
1974	0.1931	0.0503	0.0407	0.0019	1,239
1981	0.2314	0.0130	0.0101	0.0007	4,999
1982	0.2165	0.0172	0.0135	0.0008	4,289
1983	0.2297	0.0250	0.0194	0.0013	2,818
1984	0.1311	0.0250	0.0218	0.0004	2,470
1985	0.2166	0.0196	0.0154	0.0009	3,674
1986	0.1953	0.0200	0.0162	0.0008	2,727
1987	0.1926	0.0185	0.0150	0.0007	3,789

도(Ives, 1945; Ives and Band, 1986)보다 낮은 것이며, 일본집단(Watanabe *et al.*, 1974, Minamori *et al.*, 1973)과 유사하다고 하겠다. 그리고 lethal gene과 semilethal gene간의 빈도차는 '83년을 제외하면 미국집단에 비하여 작은 것으로 볼 수 있다. 따라서, 유해유전자의 빈도가 주로 lethal gene에 의해서 이루어지는 미국집단(Ives and Band, 1986)과는 달리 김포집단은 유해유전자가 다량의 semilethal gene을 포함한 집단으로 생각된다. 김포집단과 지리적으로 가까운 안양집단의 분석결과(Choi and Paik, 1983; Choo and Lee, 1986)에서는 김포집단 보다 낮은 유해유전자 빈도를 보여주고 있어 지리적으로 가까우면서도 집단크기의 차이에 따라 유전적 조성이 달라질 수 있음을 알 수 있다. 특히, semilethal gene의 빈도변화는 회귀분석(regression analysis)결과 채집전 1주일간의 평균기온과 상대습도에 영향을 받고 있는 것으로 분석되었는데, 평균기온과는 음의 상관관계($R = 0.923$, $P < 0.05$), 상대습도와는 양의 상관관계($R = 0.893$, $P < 0.005$)를 보였다. 이와같은 결과는 온도와 습도가 초파리의 생활사와 우화에 영향을 끼침과 동시에 초파리의 생존에는 직접적으로 관여하지 않지만 다소의 생존력을 낮게하거나 높게하는 요소로 작용할 수 있음을 암시하는 것으로 생각된다. Band와 Ives(1968), Ives와 Band(1986)은 장기간에 걸쳐 조사된 미국의 South Amherst집단에서 lethal gene의 빈도를 환경요인과 관계시켜 분석한 결과 유해유전자 빈도는 평균기온과는 음의 상관관계가 있음을 보고한 바 있다. 따라서 김포집단의 유해유전자 빈도가 기온의 변화에 따라 대응하는 것은 South Amherst집단에서 나타난 현상과 유사하다고 할 수 있다. 김포집단의 lethal gene 동좌율 중 '74년은(5.03%) 제 2 염색체만을 분석한 결과의 동좌율로서는 높은 값이다. 안양집단의 경우 동좌율은 대부분 2~3%였다(Choi and Paik, 1983; Choo and Lee, 1986). 본 김포집단의 동좌율은 '74년을 제외하고는 안양집단의 동좌율과 큰 차이를 보이지 않았다. 또한 동좌율과 관련이 있는 유효생식집단의 크기(Ne)는 70년대 후반에서 80년대초에 급증하였으며 80년대 중반과 후반에는 안정을 이루고 있다. lethal gene의 homozygous에 의한 집단내 제거율은 최저 0.0007에서 최고 0.0019로 나타났는데 이 값은 제 2 염색체상의 lethal gene 돌연변이율로 알려진 0.005보다 낮았다. 이와같은 결과는 돌연변이에 의해 유발되는 lethal gene의 양만큼 homozygous에 의하여 제거되지 못하기 때문에 집단내 lethal gene의 빈도가 증가하는 현상을 예상케 한다. 그러나 lethal gene의 빈도가 약 20%로 평형을 이루고 있는 것은 homozygous에서 뿐만 아니라 또 다른 원인에 의해서도 제거될 수 있음을 암시하는 것이라 하겠다. Mukai와 Yamaguchi(1974)는 이와같이 homozygous에 의한 제거율이 매우 낮기 때문에 유전자가 평형을 이루기 위해서는 lethal gene의 제거가 주로 heterozygous상태에서도 일어나야 한다고 주장한 바 있다. 최근에는 자연집단내에서 유해유전자의 급속한 증가는 P-type mutator factor (P element)가 관여할 것이라는 견해가 보고된 바 있다(Mukai *et al.*, 1985; Choo and Lee, 1986). 이와같은 보고에 근거하여 볼 때 김포집단에서의 lethal gene 유지기작은 P-type mutator factor (P element)에 의하여 lethal gene빈도가 증가 하였을 것이며 계속적인 증가가 이루어지지 않고 평형을 유지하는 것은 homozygous에 의한 제거 이외에 heterozygous에 의한 제거현상도 있을 것이라고 생각된다. 그러나 이와같은 기작에 대한 연구는 김포집단에 대한 유해유전자와 P element에 대한 장기적인 동시분석으로 밝혀질 수 있을 것으로 사료된다.

인용문헌

Band, H. T. and P. T. Ives, 1968. Genetic structure of population. IV. Summer environmental variables and lethal and semilethal frequencies in a natural population of *Drosophila melanogaster*. *Evolution* **22:** 633-641.

Choi, Y., 1978. Genetic load and viability variation in Korean natural populations of *Drosophila melanogaster*. *Theor. Appl. Genet.* **53:** 65-70.

Choi, Y., 1985. Genetic load and effective size of natural populations of *Drosophila melanogaster* in Korea. *Experientia* **41:** 127-129

Choi, Y. and Y. K. Paik, 1983. Genetic load and size

tability of a Korean natural population of *Drosophila melanogaster*. *Korean J. Genetics* **5:** 33-44.

Choo, J. K. and T. J. Lee, 1976. Frequency and allelism of delterious genes concealed in Korean natural population of *Drosophila*. *Korean J. Zool.* **19:** 15-24.

Choo J. K. and T. J. Lee, 1986. Genetic changes in a Korean population of *Drosophila melanogaster*. *Jpn. J. Genet.* **61:** 337-343.

Goldschmidt, E., J. Wahman, A. Ledermann Klein, and R. Weiss, 1955. A two year's survey of population dynamic in *Drosophila melanogaster*. *Evolution* **9:** 353-366.

Hiraizumi, Y. and J. F. Crow, 1960. A comparison of the effect of lethal and determental chromosomes from *Drosophila* population. Genetics **45:** 1153-1168.

Ives, P. T., 1945. The genetic structure of American populations of *Drosophila melanogaster*. *Genetics* **30:** 167-196.

Ives, P. T. and H. T. Band, 1986. Continuing studies on the South Amherst *Drosophila melanogaster* natual population during the 1970's and 1980's. *Evolution* **40:** 1289-1302.

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*. *Jpn. J. Genet.* **48:** 41-51.

Mukai, T. and O. Yamaguchi, 1974. The genetic structure populations of *Drosophila melanogaster*. XI. Genetic variability in a local population. *Genetics* **76:** 339-366.

Mukai, T., M. Baba, M. Akiyama, N. Uowaki, S. Kuskabe, and F. Tajima, 1985. Rapid change in mutation rate in a local population of *Drosophila melanogaster*. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **82:** 7671-7675.

Nei, M., 1968. The frequency distribution of lethal chromosomes in finite populations. Proc. Natl. Acad. Sci. USA **60:** 517-524.

Oshima, C. and O. Kitagawa, 1961. Persistance of deleterious genes in natural populations of *Drosophila melanogaster*. *Proc. Jpn. Acad.* **37:** 158-162.

Paik, Y. K., 1960. Genetic variabilities in Korean populations of *Drosophila melanogaster*. *Jpn. J. Genet.* **41:** 325-333.

Paik, Y. K., 1966. Genetic variability in second and third chromosomes from Korean natural populations of *Drosophila melanogaster*. Jap. J. Genet. 141: 293-303.

Paik, Y. K. and K. C. Sung, 1969. Behavior of lethals in *Drosophila melanogaster* populations. *Jpn. J. Genet.* **44:** 180-192.

Rim, N. R., T. H. Lee, and B. S. Lee, 1988. Genetic variabilities in a Korean wild population of *Drosophila melanogaster*. *Korean J. Genetics* **10:** 133-146.

Wallace, B., 1966. Distance and allelism of lethals in a stropical population of *Drosophila melanogaster*. *Am. Nat.* **100:** 565-578.

Watanabe, T. K., T. Watanabe, and C. Oshima, 1976. Genetic change in natural populations of *Drosophila melanogaster*. *Evolution* **30:** 109-118.

(Accepted October 25, 1989)

The Genetic Structure of Kimpo Natual Population of *Drosophila melanogaster*

Taek Jun Lee and Nam Woo Kim (Dept. of Biology, Chung-Ang University, Seoul, 156-756, Korea)

Analysis of genetic structure in Kimpo natural population of *Drosophila* was carried out by utilizing the deleterious gene on the second chromosome of *Drosophila melanogaster*. Male flies tested were continuously collected for eight years; in late September 1974 and 1981–1987. The frequency of deleterious gene (lethal plus semilethal) ranged from 27.02% in 1983 to 41.48% in 1987, and the values estimated from the eight years samples are highly significent from each other with a homogenety test ($\chi^2=52.0157$, $d.f.=28$, $P<0.005$). Allelic rates ranged from 1.30% in 1981 to 5.03% in 1974. And the effective population size by using the rate of allelism was estimated average at 3,300 pairs. Elimination rate by homozygous of lethal gene ranged from 0.0004 in 1984 to 0.0019 in 1974, and that is for smaller than mutation rate(0.005) at second chromosome. We suppose that stable frequency (about 20%) lethal genes of *D. melanogaster* in Kimpo natual population are maintained by invade of P-type mutator factor (P element) versus eliminated in heterozygous and homozygous condition of lethal gene.