

## 한국산 부산입술대고둥(*Euphaedusa fusaniana*)의 아이소자임 변이

황 보 학 · 이 준 상 · 조 등 현

강원대학교 생물학과

= Abstract =

### The Isozyme Variations of *Euphaedusa fusaniana* in Korea

Hark Hwang Bo, Jun-Sang Lee and Dong-Hyun Cho

Department of Biology, Kangweon National University Chuncheon 200-701, Korea

Electrophoretic variations in isozymes encoded by 16 loci were studied to estimate genetic variation and to assess phyletic relationships, and biogeographic pattern of distribution of the *Euphaedusa fusaniana* collected from Sehwa, Aeweol, Samchuck, Tongdosa, Gemundo, and Yösu areas in Korea was discussed with respect to the isozyme variation. The 180 specimens were examined. Means of allele per locus(A) and polymorphism(P) were 1.528 and 45.5%, respectively and heterozygosity ( $H_b$ ) was 0.205. Samchuck population showed lower mean value of allele per locus(A=1.46). Higher polymorphism(P=57.14%) was observed among Tongdosa population. Aeweol population showed slightly lower genetic variation ( $H_b$ =0.15) than others. Average genetic similarities(S) among the six populations was 0.716. Aeweol and Samchuck populations were genetically closer(S=0.903) than others. However the S value between Yösu and Samchuck populations was low(S=0.562). Average genetic distance(D) among the 6 populations were 0.267. Both Aeweol and Samchuck populations have closer genetic distance (D=0.067). Genetic distance pattern was similar to genetic similarity pattern.

### 서 론

생물은 여러 형태의 유전적 변이를 지니고 있으며 이러한 변이의 대부분은 유전자의 지배를 받는다. 유전적 변이는 오랜 기간의 진화 과정을 거쳐 이루어진

다형 현상과 진화를 설명하는데 있어 학자들 사이에 논쟁의 대상이 되고 있다(Powell, 1971; Johnson, 1976; Soule, 1976). 생물집단은 특유한 유전적 다형(genetic polymorphism)과 유전자 빈도(gene frequency)를 지니고 있으며 이는 생물계 내의 집단유전, 생물계통 분화, 계통분류, 진화 등을 이해 하는데 중요하다(Avise, 1974, 1976).

이 연구는 한국산 부산입술대고둥의 동위효소를 분석하여 자연 집단 내의 유전적 변이 정도를 파악하고, 각 자연집단 간의 유전적 근연 관계를 알아 보고 이

Received December 12, 1992

\*이 논문은 1991년도 교육부 학술연구 조성비에 의하여 연구되었음



Fig. 1. The specimen: *Euphaedusa fusaniana*.

종의 유전, 진화학적인 속성을 파악하려고 시도 하였다.

### 실험재료 및 방법

실험에 사용된 부산입술대고둥(*Euphaedusa fusaniana*)은 1991년 10월 제주도지역, 1992년 1월 삼척 지역, 1992년 7월 부산 통도사지역, 1992년 9월 여수, 거문도지역에서 채집(Fig. 2)하여 산채로 실험 실내로 운반, 동정(Kwon, 1990)하여 실험에 사용하였다.

채집된 재료는  $-70^{\circ}\text{C}$ 의 냉동기에 보관하였고,  $4^{\circ}\text{C}$ 에서 glass-homogenizer로 파쇄한 후 27,000 g로 30분간 저온 원심 분리(Sovall, USA)하여 상층액을 시료로 사용하였다.

동위효소는 준비된 시료를 4%와 12%의 불연속 polyacrylamide gel을 이용하여 120 V의 정전압 하에서 2시간 30분간 전개시킨 후 해당 동위효소를 검출하였다. 검출한 동위효소로는 acid phosphatase(ACP), alkaline phosphatase(AKP), aldehyde oxidase(AO), esterase(EST), glucose-6-phosphate dehydrogenase(G6PD), 3-hydroxybutyrate dehydrogenase(HBDH), lactate dehydrogenase(LDH), malate dehydrogenase(MDH), malic enzyme(ME)이고, 발색을 위한 완충액으로는 acetate B(ACP), phosphate G

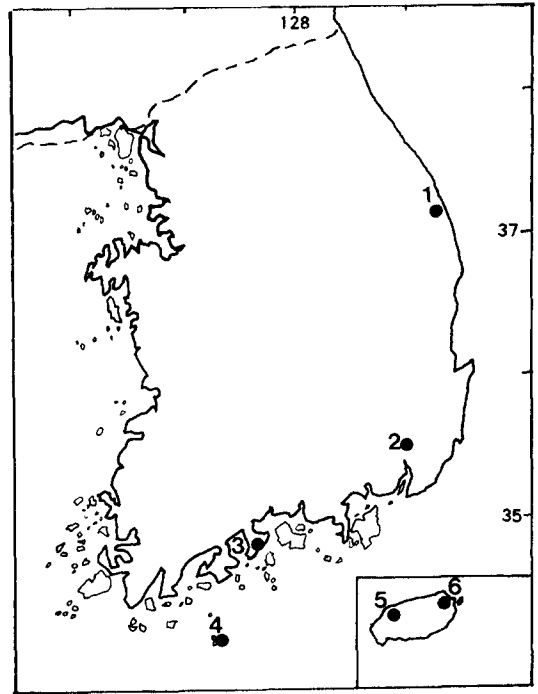


Fig. 2. Collecting localities.

- |            |             |
|------------|-------------|
| 1. Samchuk | 2. Tongdosa |
| 3. Yösu    | 4. Gemun-do |
| 5. Aewol   | 6. Sehwa    |

(EST), Tris A(AO, G6PD, HBDH, LDH, MDH, ME)와 Tris D(ACP)를 사용 하였다(Pasteur, 1988).

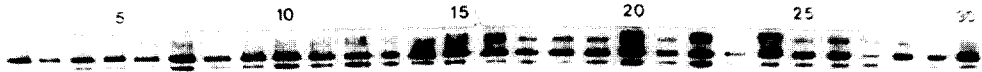
발색 후 gel상에 나타난 각 동위효소의 대립인자로부터 유전자 빈도를 산출하였고, 각 집단 대립형질의 빈도를 토대로 genetic similarity(Roger, 1972)와 genetic distance(Nei, 1972)를 구하였다. 또한 Roger's genetic similarity coefficient 를 근거로 UPGMA를 이용한 집괴분석을 실시하여 각 집단의 유연관계를 분석하였다.

### 결과 및 고찰

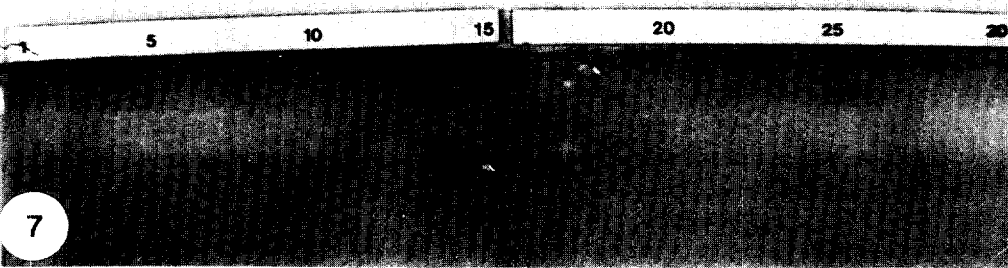
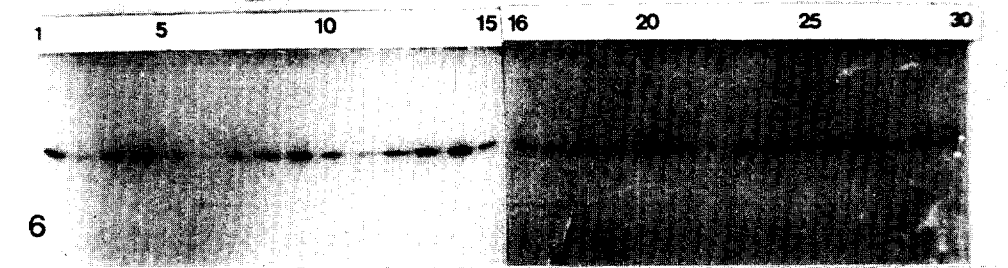
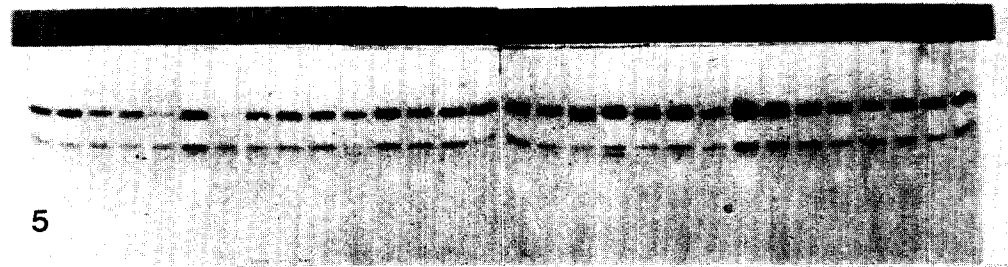
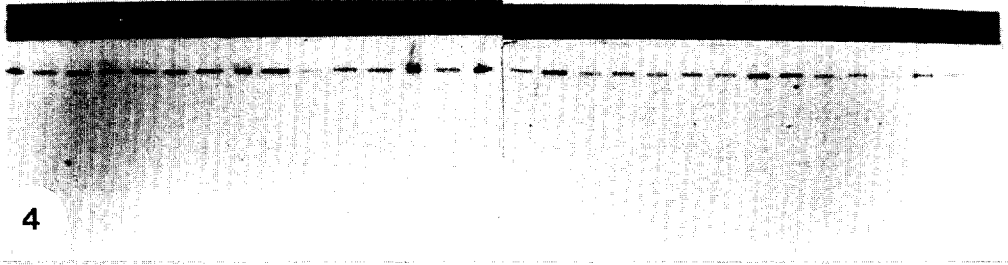
부산입술대고둥(*Euphaedusa fusaniana*)의 6개 자연집단에서 얻은 9종류의 동위효소로부터 16개의 유전자에 해당하는 밴드를 확인 하였다(Fig. 3~11).

이 결과를 토대로 유전자 빈도를 조사한 결과 검출

한국산 부산입술대고둥(*Euphaedusa fusaniana*)의 아이소자임 변이



3



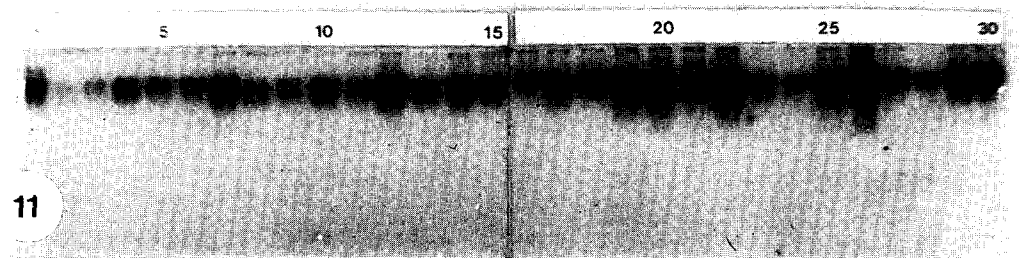
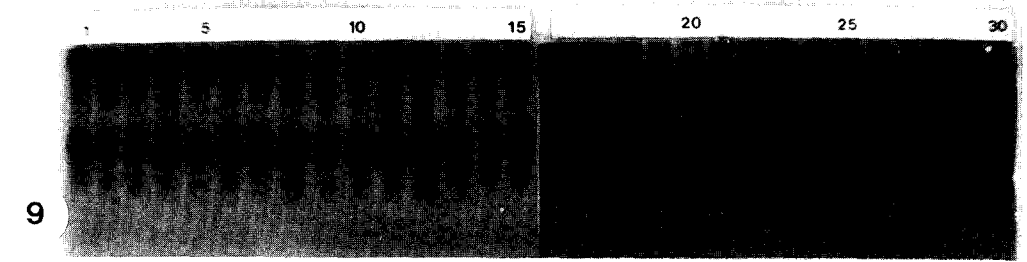
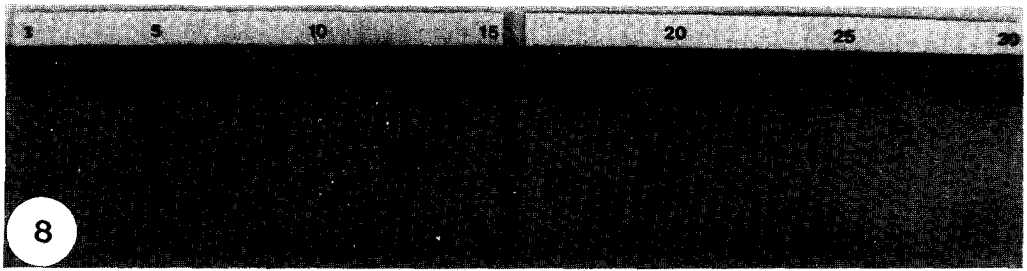


Fig. 3. Zymogram of acid phosphatase patterns (Gemun-do).  
Fig. 4. Zymogram of alkaline phosphatase patterns (Samchuck).  
Fig. 5. Zymogram of aldehyde oxidase patterns (Gemun-do).  
Fig. 6. Zymogram of esterase patterns (Sehwa).  
Fig. 7. Zymogram of glucose-6-phosphate dehydrogenase patterns (Tongdosa).  
Fig. 8. Zymogram of 3-hydroxybutyrate dehydrogenase patterns (Aewol).  
Fig. 9. Zymogram of lactate dehydrogenase patterns (Gemun-do).  
Fig. 10. Zymogram of malate dehydrogenase patterns (Yösu).  
Fig. 11. Zymogram of malic enzyme patterns (Samchuck).

Table 1. Allele frequency of *Euphaedusa fusaniana* in six populations

Locality Locus	Sehwa	Aeweol	Samchuck	Tongdosa	Gemun-do	Yösu
ACP-1	a 1.00	a 0.97 b 0.03	a 1.00	a 0.08 b 0.92	a 1.00	a 0.18 b 0.82
ACP-2	a 1.00	a 1.00	a 1.00	ND*	ND*	ND*
AKP	a 0.57 b 0.43	a 0.57 b 0.43	a 0.60 b 0.40	a 0.77 v 0.23	a 0.51 b 0.49	a 0.28 b 0.72
AO-1	a 1.00	a 0.03 b 0.97	a 0.12 b 0.88	a 0.50 b 0.50	a 0.50 b 0.50	a 0.50 a 0.50
AO-2	a 0.18 b 0.82	a 1.00	a 1.00	a 1.00	ND*	a 0.57 b 0.43
EST-1	a 0.50 b 0.50	a 0.50 b 0.50	a 0.50 b 0.50	a 1.00	a 0.50 b 0.50	a 1.00
EST-2	a 0.50 b 0.50	a 0.47 b 0.53	a 0.58 b 0.42	a 0.63 b 0.37	a 1.00	a 1.00
EST-3	a 0.43 b 0.57	a 0.24 b 0.76	a 0.30 b 0.70	a 0.28 b 0.72	a 0.38 b 0.62	a 0.32 b 0.68
EST-4	ND*	ND*	ND*	a 1.00	a 0.95 b 0.05	a 0.47 b 0.53
EST-5	ND*	ND*	ND*	ND*	a 0.42 b 0.58	a 0.75 b 0.25
G6PD	a 1.00	a 1.00	a 1.00	a 1.00	a 1.00	a 1.00
HBDH-1	a 0.70 b 0.30	a 0.97 b 0.03	a 1.00	a 0.60 b 0.40	a 1.00	a 0.53 b 0.47
HBDH-2	a 1.00	a 1.00	ND*	a 1.00	a 0.50 b 0.50	a 1.00
LDH	a 1.00	a 1.00	a 1.00	a 0.90 b 0.10	a 1.00	a 1.00
MDH	a 1.00	a 1.00	a 1.00	a 1.00	a 1.00	a 1.00
ME	a 0.55 b 0.45	a 0.02 b 0.98	a 0.05 b 0.95	a 0.50 b 0.50	ND*	a 1.00

ND\*: not-detected

된 유전자 중 ACP-2, G6PD 및 MDH 3개의 유전자는 변이가 없었다. 12개의 polymorphic loci중에서 AO-2, EST-1, HBDH-2, LDH는 낮은 유전자 변이를 나타내었으며 AKP-1, EST-2, EST-3,

ME-2는 비교적 높은 유전자 변이를 보이며 대부분 2개의 대립인자를 가지고 있었다(Table 1).

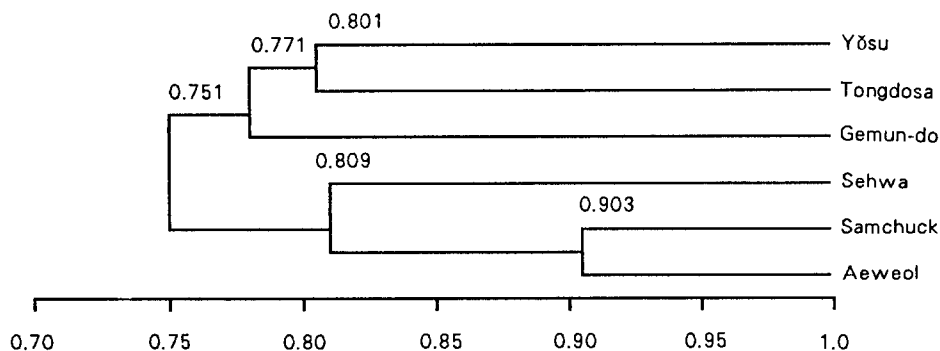
또한 이들의 유전적 변이정도를 집단별로 조사하기 위하여 유전자당 평균 대립인자 수( $\bar{A}$ ), 다형성의 빈도

**Table 2.** Mean of allele per locus (A), polymorphism(P) and heterozygosity( $H_D$ ) of *Euphaedusa fusaniana*

Locality	Sehwa	Aeweol	Samchuck	Tongdosa	Gemun-do	Yösu
A	1.5	1.57	1.46	1.57	1.54	1.53
P(%)	50.0	28.6	38.4	57.1	46.2	53.3
$H_D$	0.23	0.15	0.17	0.22	0.23	0.23

**Table 3.** Roger's coefficients of genetic similarity(S)(above diagonal) and Nei's genetic distance(D)(below diagonal) of the *Euphaedusa fusaniana*

	Sehwa	Aeweol	Samchuck	Tongdosa	Gemun-do	Yösu
Sehwa		0.864	0.754	0.674	0.694	0.656
Aeweol	0.101		0.903	0.692	0.664	0.607
Samchuck	0.204	0.067		0.691	0.724	0.562
Tongdosa	0.338	0.327	0.304		0.706	0.801
Gemun-do	0.258	0.440	0.037	0.266		0.740
Yösu	0.283	0.375	0.412	0.111	0.206	



**Fig. 12.** Dendrogram in six populations of the *Euphaedusa fusaniana* based on Roger's genetic similarity coefficients.

(P) 및 이형집합자빈도( $H_D$ ) 값을 구한 결과는 Table 2과 같다.

6개 지역에서 채집한 부산입술대고둥의 유전적 변이 정도는 유전자당 평균대립인자의 값은 1.53이며 이 중 삼척집단의 유전자당 평균 대립인자 수는 1.46으로 가장 낮게 나타났다. 평균 다형성의 빈도는 0.455로 land snail의 0.437(Selander, 1976)과 유사 하였고, 꽃체다슬기의 0.44(Kim and You, 1986)와도 유사

한 값을 나타내었으며 어류 0.31(Ayala, 1982), 척추동물 0.30(Selander, 1976) 보다는 높은 값이었다. 직접 관찰된 평균 이형집합자빈도 0.205는 land snail의 0.150(Selander, 1976)에 비해 높은 값을 나타내었고 한국산 참개구리의 0.04(Yang, 1983)에 비해 약 3배 가량 높음을 보여 주었다.

각 집단의 유전적 근연치(Roger, 1972)는 6개 지역간 평균  $S=0.716(0.562\sim 0.903)$ 으로 집단간 유전

적 차이를 보이고 있다(Table 3). 애월과 삼척집단은 0.903으로 가장 가까운 값을 보이며, 다음은 애월과 세화 집단으로 0.864값을 나타내었다. 가장 먼 근연치를 보이는 것은 삼척과 여수집단으로 0.562를 나타내었다.

또한 genetic distance(Nei, 1973)는 애월과 삼척 집단이 0.067의 가장 낮은 값을 나타내 이 두 지역 집단이 유전적인 유사성이 높음을 보여 주고 있었고, 대부분 Roger의 genetic similarity값과 일치하는 결과를 보여주고 있다.

부산입술대고둥의 각 지역 집단간 근연관계를 Roger's genetic similarity coefficient를 근거로 UPGMA에 의한 집괴분석을 실시한 결과 크게 두 군으로 나누어 졌고, 제주도지역을 제외하고는 지리적 유연관계가 보이지 않았다(Fig. 12).

위와 같은 결과는 부산입술대고둥의 지역간 이동성이 거의 없이, 주로 한 곳에서 군집 생활을 하는 습성 때문인 것으로 추측된다.

## 요 약

한국산 부산입술대고둥의 지역 집단간에 있어 유전적 변이, 종내 유연관계를 밝히기 위하여 애월, 세화, 삼척, 통도사, 거문도 및 여수 지역에서 채집한 총 180개체를 대상으로 전기영동을 실시하였고 여기서 나타난 16개의 유전자를 분석 하였다.

각 집단의 유전적 변이 정도를 조사한 결과 전 집단의 평균 대립인자 수( $\bar{A}$ )는 1.528이고, 평균 다형성의 빈도( $\bar{P}$ )는 45.5%이며, 평균이형접합자( $\bar{H}_D$ )는 0.205로 나타났다. 이중 삼척집단의 대립인자 수는 1.46으로 가장 낮고, 애월집단의 다형성의 빈도는 28.58%, 통도사의 집단은 57.14%로 가장 높았다. 또한 애월집단의 이형접합자빈도는 0.15로 가장 낮은 빈도를 나타냈다.

각 집단간 유전적 유연관계를 분석한 결과 6개 집단간의 평균 유전적 근연치는  $S=0.716$ 이었고, 애월과 삼척집단은 0.903으로 가장 가까운 유전적 유연관계를 4보여주고 있다. 여수집단과 삼척집단의 유전적 유연관계는 0.562로 가장 낮은 값을 나타냈다.

Nei의 공식에 따라 각 집단의 유전적 차이치( $\bar{D}$ )를 계산한 결과 평균  $\bar{D}$ 값은 0.267이며, 이중 애월과 삼척집단이 0.067로 가장 가깝게 나타났고 이는 Roger

에 의한 유전적 근연관계와 유사한 양상을 보였다.

## 참 고 문 헌

- Avise, J.C. (1974) Systematic value of electrophoretic data. *Syst. Zool.*, **23**: 465-481
- Avise, J.C. (1976) Genetic differentiation during speciation. *In: Molecular evolution.* (ed. by Ayala, F.J.), pp. 106-122, *Sinauer Assoc. Inc. Sunderland, Mass.*
- Ayala, F.J. (1982) Genetic structure of species, *In: Perspectives on evolution.* (ed. by Milkman, R.), pp. 60-82, *Sinauer Assoc. Inc. Sunderland, Mass.*
- Johnson, G.B. (1976) Genetic polymorphism and enzyme function. *In: Molecular evolution.* (ed. by Ayala, F.J.), pp. 46-59, *Sinauer Assoc. Inc. Sunderland, Mass.*
- Kim, C.H. and You, J.B. (1986) An electrophoretic study on embryo developmental stage of the Korean *S. gottschei*. *Res. Rev. Chung Buk Natl' Univ.* **32**: 231-238
- Kwon, O.K. (1990) Illustrated encyclopedia of fauna & flora of Korea. Vol. 32, Mollusca(I). pp. 338-339, *Min. of Education, Seoul.*
- Nei, M. (1972) Genetic distance between population. *Am. Nat.* **160**: 283-292.
- Nei, M. (1973) Analysis of gene diversity in subdivided populations. *Proc. Natl'. Acad. Sci. USA*, **70**: 3321-3323.
- Pasteur, N. (1988) Practical isozyme genetics. pp. 1-215, *Ellis Horwood Limited, England.*
- Powell, J.R. (1971) Genetic polymorphism in varied environments. *Sicence* **174**: 1035-1036.
- Roger, J.S. (1972) Measure of genetic similarity and genetic distance. *Univ. Texas Publ.* **7213**: 145-153.
- Selander, R.K. (1976) Genetic variation in natural population. *In: Molecular evolution.* (ed. by Ayala, F.J.), pp. 21-45, *Sinauer Assoc. Inc. Sunderland, Mass.*
- Soule, M. (1976) Allozyme variation: Its determinants in space and time. *In: Molecular evolution.* (ed. by Ayala, F.J.), pp. 60-70, *Sinauer Assoc. Inc. Sunderland, Mass.*
- Yang, S.Y. (1983) Genetic variation in natural population of *Rana nigromaculata* in Korea. *Bull. Inst. Basic Sci. Inha Univ.* pp. 61-67.