

한국산 달팽이(*Acusta despecta sieboldiana*)의 지리적 분포에 따른 종내 변이에 관한 연구

이 준 상 · 권 오 길

강원대학교 자연과학대학 생물학과

=Abstract=

Studies on the Intraspecific Variations on Geological Distributions of *Acusta despecta sieboldiana* in Korea

Jun-Sang Lee and Oh-Kil Kwon

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

This study was investigated for the morphological and the genetic analyses of geographic distribution of *Acusta despecta sieboldiana* in Korea.

The morphological similarity of Anhung and Deogjeokdo populations (average taxonomic distance, $D=0.358$) proved to be the highest. Electrophoretic analyses of 11 enzyme systems revealed 2 monomorphic and 11 polymorphic loci(alkaline phosphatase, acid phosphatase, aldehyde oxidase, esterase-1, esterase-2, esterase-3, α -glycerophosphate dehydrogenase, 3-hydroxybutyrate dehydrogenase, lactate dehydrogenase, sorbitol dehydrogenase, xanthine dehydrogenase). Mean of allele per locus (A) and polymorphism (P) were 1.87 and 59.1% respectively and heterozygosity (H_D) was 0.263. Average genetic distance among 10 populations was 0.133. Chuncheon and Ullungdo populations were genetically closer ($D=0.066$) than the others.

Generally, this study shows that the morphological and the genetic variation are not related.

서 론

생체 구성 성분인 단백질의 전기영동상을 이용하여 많은 생물의 계통분류학적 연구가 이루어지고 있다. Kitto, Willson(1966)과 Neaves(1969)는 형태적인 방법으로 이루어진 분류를 재확인 하거나 보완하는 자료로서 전기영동법에 의한 결과를 다양하게 적용시킬 수

있다고 주장하였고 실제로 Baker(1966)은 계통학적으로 유연관계가 가까운 종들 사이에서 단백질의 전기영동상은 대체로 같거나 아주 비슷하다고 하였다. 또한 Cheng(1964)의 연체동물에 대한 혈청 단백질의 연구 결과 각 종은 특이적인 전기영동적 유형을 가지고 있어 이러한 방법으로는 연구 결과는 연체동물에 있어 유용한 분류 정보를 제공받을 수 있다고 하였다. 또한 전기영동법을 이용한 동위효소 및 단백질의 분석은 효과적으로 많은 유전자를 검출할 수 있는 장점으로 자연 집단의 유전적 변이 정도를 측정하는데 널리 이용되고 있으며 종의 분류 및 계통 진화 연구에도 이

본 연구는 한국학술진흥재단의 94년도 신진연구
인력 장려금 지원에 의한 것임.

용되고 있다(Lewontin and Hubby, 1966; Harris, 1966; Selander *et al.*, 1969; Ayala, 1982).

달팽이(*Acusta despecta sieboldiana*)는(Fig. 1) 달팽이과(Bradybaenidae)에 속하는 육산패류로 국내 전 지역에 걸쳐 고루 분포하고 서식지가 산지형이 아닌 도시의 녹지대나 밭가, 시골 마을 주변 등지에서 쉽게 관찰되며 늦봄이나 여름의 우기에 일시적으로 개체수가 급격히 증가하여 밭 작물에 많은 해를 끼치기도 한다. 달팽이(*A. despecta sieboldiana*)는 대부분의 육산패류와 마찬가지로 이동력이 타 생물에 비하여 현저하게 낮고 물이나 바람에 의한 이동이나 다른 운동력이 있는 생물에 의해 이동될 수 있는 가능성이 거의 없음에도 불구하고 전국에 걸쳐 분포 하고 있다. 따라서 본 종은 이동력이 있는 타 생물 보다 생식적 격리가 이루어질 수 있고, 지역적으로 각 집단의 고유한 유전자급원(gene pool)을 지닐 수 있는 가능성이 높아, 동일종내의 생식적 격리에 의한 종내 변이를 연구하는데 아주 유용한 재료가 될 수 있다. 따라서 본 연구는 지리적으로 격리되어 있는 달팽이의 외부형태와 동위효소 연구를 통해 각 개체군의 변이 정도와 형태적, 유전적 유연관계를 알아보고자 하였다.



Fig. 1. Shell of *Acusta despecta sieboldiana*.

재료 및 방법

본 연구를 위하여 국내 11개 지역(경기도 용인군 덕적도, 경기도 의정부시 소요산, 강원도 춘천시, 충청남도 태안군 안흥, 경상북도 울릉군 울릉도, 전라북도

부안군 변산, 전라남도 신안군 홍도, 흑산도 비금도, 진도, 제주도)에서 채집된 개체 중 외부형태 측정을 위하여 436개체, 동위효소 분석을 위해 291개체를 실험 재료로 사용하였다.

1. 외부형태 측정

각 지역에서 채집된 성패 표본은 Lee와 Kwon(1993)의 방법으로 1/20 mm의 vernier caliper를 사용하여 각고(shell height), 각경(shell width), 나층 직경(spire diameter), 나층 높이(spire elevation), 체층 높이(body whorl height), 각구 높이(aperture height), 각구 폭(aperture width), 각고(shell height)와 각경(shell diameter)의 비, 각고(shell height)와 체층 높이(body whorl height)의 비, 각경(shell diameter)과 나층 직경(spire diameter)의 비등의 10개 형질을 측정된 후 SAS(statistical analysis system: 1985, version 6.03) program을 이용하여 주성분 분석을 실행하였고 각 지역 종의 평균형질 값을 토대로 NTSYS(numerical taxonomy and multivariate analysis system: 1992, version 1.70) program을 이용하여 각 지역 집단의 거리 지수(average taxonomic distance)행렬을 구한 다음 UPGMA(unweighted pair group methods using arithmetic averages) 방법으로 각 지역 종의 집단간 집괴분석(cluster analysis)을 실시하여 지역 집단간 외부형태의 유연관계 정도를 알아보았다.

2. Isozyme 검출 및 분석

실험 대상 재료를 48시간 이상 삶겨 소화관을 비운 후 deep freezer(-80℃)에 보관하였으며, 실험에 사용할 시료는 전체 조직과 증류수의 비율을 1:1(W/V)로 하여 4℃에서 glass-homogenizer로 조직을 파쇄 한 후 15,000 rpm(27,000 G.)으로 30분간 저온(4℃)원심분리(Sovall.RC-5C, USA)하여 지방층을 제거한 상등액을 얻어 시료로 사용하였다. 전기영동을 위한 gel은 Laemmli(1970)의 방법에 lauryl sulfate가 첨가되지 않은 4% stacking gel과 12% separating gel의 불연속 polyacrylamide gel을 사용하였고 BIO-RAD(USA)의 Protein II Dual Slab Cell system을 이용하였다. 전기영동 전개는 4℃의 냉장고에서 120 V의 정전압으로 2시간 동안 실시하였고 전개된 gel은 Pasteur *et al.*(1988)의 방법에 따라 해당 기질과 발색제를 처리하여 alkaline phosphatase (AKP), acid phosphatase (ACP), aldehyde oxidase(AO), esterase (EST), α

Table 1. Correlation matrix of ten characters

Characters	H1	S2	S3	S4	B5	H6	W7	H8	B9	S10
Height(H1)	1.000	0.959	0.945	0.422	0.981	0.939	0.943	0.603	-0.209	0.072
Shell diameter(S2)		1.000	0.908	0.354	0.961	0.942	0.952	0.360	-0.115	-0.103
Spire diameter(S3)			1.000	0.380	0.934	0.887	0.884	0.567	-0.174	0.309
Spire elevation(S4)				1.000	0.322	0.306	0.344	0.407	-0.513	0.108
Body whorl height(B5)					1.000	0.957	0.946	0.533	-0.036	0.040
Aperture height(H6)						1.000	0.935	0.451	-0.036	-0.025
Aperture width(W7)							1.000	0.436	-0.116	-0.053
Height/Shell diameter(H8)								1.000	-0.398	0.535
Body whorl height/Height(B9)									1.000	-0.167
Shell diameter/Spire diameter(S10)										1.000

-glycerophosphate dehydrogenase(GPD), glucose-6-phosphate dehydrogenase(G6PD), 3-hydroxybutyrate dehydrogenase(HBDH), lactate dehydrogenase(LDH), malic enzyme(MOD or ME), sorbitol dehydrogenase(SDH), xanthine dehydrogenase(XDH)의 동위효소를 검출하였다.

전기영동 후 얻어진 각 효소 및 단백질의 전기영동상을 이용하여 각 개체별 유전자형을 확인하고 각 효소 및 단백질의 locus를 정하였다. 한가지 효소나 단백질에서 1개 이상의 동위효소가 존재할 경우 gel의 origin으로부터 가장 멀게 이동한 것을 locus-1으로 하고 각 locus내의 유전인자는 상대적으로 이동도가 가장 낮은 대립형질(allele)을 "a"인자로 정하고 그 다음으로 느리게 이동한 것을 "b", "c"순으로 정하였다. 분석이 끝난 gel은 촬영한 후 투명한 cellophane film에 밀착, 건조시킨 후 보관하였다.

각 집단의 개체별 유전자형을 이용하여 유전자 빈도(allele frequency), 유전좌당 평균 대립 인자수(A), 다형형 빈도(%P) 및 이형접합자 빈도(H_D)를 구하여 집단 및 종간의 유전적 변이를 조사하였고, 각 집단의 유전적 근연관계는 유전자 빈도를 토대로 하여 Nei(1972)의 유전적 차이치(D)를 구하고 이 값을 토대로 UPGMA 방법으로 집괴분석(cluster analysis)을 실시하여 종내 지역 집단간의 유전적인 유연관계를 비교하였다.

결 과

1. 외부형태 분석

국내 11개 지역에서 채집된 달팽이(*A. despecta sieboldiana*) 436개체를 대상으로 외부 형질을 계측하여 각 형질에 대한 Pearson 상관계수를 알아본 결과 각고의 형질은 각경, 나층 직경, 나층 높이, 체층 높이, 각구 높이, 각구 폭 등의 형질들과 양의 상관을 보이고 있으며 특히 체층 높이와는 0.98의 높은 상관관계를 나타내었다(Table 1).

계측된 11개 지역 436개체의 주성분 분석 결과 주 성분 1, 2, 3이 90.7%의 누적비율을 나타냈으며 10개의 형질은 각고, 체층 높이, 나층 직경, 각경 등의 순서로 주성분분석 결과의 요인으로 작용하였고(Table 2), 또한 이 형질들은 서로 높은 상관관계를 지닌 형질들이었다(Table 1). 따라서 이러한 형질이 지역 집단간의 외부형태 변이를 조래한 것으로 나타났다. 각 집단의 평균 크기를 보면(Table 3) 진도, 제주도, 흑산도 집단의 개체가 울릉도, 안흥, 덕적도 집단의 개체보다 외형적으로 큰 양상을 보여 남부, 중부, 중북부의 순으로 크기의 감소 경향을 나타내었으며 이러한 외형의 크기 차이는 각 서식지의 환경 차이와 밀접한 관계가 있음을 보여주고 있다.

11개 지역에서 채집된 436개체를 대상으로 10가지 외부 형태형질을 측정된 값을 바탕으로 average taxonomic distance 구한 후(Table 4) UPGMA에 의한 집괴분석을 실시한 결과(Fig. 2) 안흥과 덕적도 집단이

Table 2. Principal components 1, 2 and 3 expressed as correlations between characters and individual components from 11 local species

Characters	PRIN 1	PRIN 2	PRIN 3
Height	* 0.398828	-.032414	-.006381
Shell diameter	* 0.381453	-.191540	-.097298
Spire diameter	* 0.384577	0.030458	0.167304
Spire elevation	0.187141	0.371699	-.505935
Body whorl height	* 0.390946	-.134951	0.084827
Aperture height	0.379189	-.176450	0.029176
Aperture width	* 0.380640	-.156522	-.050810
Height/Shell diameter	0.245740	0.450620	0.239269
Body whorl height/Height	.090050	-.523269	0.498763
Shell diameter/Spire diameter	0.050015	0.521976	0.624411
Proportion	0.621	0.177	0.109
Cumulative	0.621	0.798	0.907

Table 3. Comparison of morphological characters of 11 local populations

Collecting localities	no.	Mean size (mm) ± S.D.			
		Height	Shell diameter	Body whorl height	Spire diameter
Deogjeokdo	38	13.42 ± 1.56	16.18 ± 1.26	11.76 ± 1.44	6.75 ± 0.87
Mt. Soyo	32	15.40 ± 1.94	17.22 ± 1.78	12.62 ± 1.34	7.55 ± 0.78
Chunchon	31	15.91 ± 1.86	17.67 ± 1.72	13.43 ± 1.64	7.64 ± 0.88
Anhung	39	13.22 ± 1.65	15.70 ± 1.78	11.55 ± 1.29	6.56 ± 0.76
Ullungdo	42	10.54 ± 0.82	13.03 ± 0.87	9.62 ± 0.66	5.45 ± 0.51
Pyonsan	20	14.46 ± 1.26	16.58 ± 1.51	12.85 ± 1.31	7.51 ± 0.96
Huksando	37	16.51 ± 2.32	18.60 ± 2.28	14.78 ± 2.12	9.63 ± 1.45
Hongdo	14	16.27 ± 2.23	17.29 ± 2.28	14.60 ± 2.07	8.01 ± 1.10
Pigumdo	63	14.09 ± 2.02	16.39 ± 2.15	12.53 ± 1.89	7.06 ± 1.00
Chindo	70	16.66 ± 1.60	19.46 ± 1.71	14.77 ± 1.44	7.83 ± 0.77
Cheju-Do	50	16.63 ± 2.05	18.61 ± 1.80	14.67 ± 1.70	7.73 ± 0.85

0.358로 가장 가까운 유연관계를 보였으며 그 다음으로 변산과 비금도 집단이 0.384의 값으로 가까운 유연관계를 나타냈다. 전체적인 집괴형태는 흑산도, 홍도, 진도, 제주도를 묶는 남서부 도서 집단과 안흥, 덕적도, 변산, 비금도등 중서부 집단, 그리고 춘천과 소요산을 묶는 중북부 내륙 집단으로 분리되는 양상을 보였다. 울릉도 집단은 위의 선 집단과는 크게 분리되어

형태적으로 유연관계가 먼 집단으로 나타났다.

2. 동위효소 분석

10개 지역 291개체를 대상으로 AKP, ACP, AO, EST, GPD, G6PD, HBDH, LDH, ME, SDH, XDH 등 모두 11가지의 동위효소를 검출하였다. 검출된 11개의 동위효소는 glucose-6-phosphate dehydrogenase와 malic

Table 4. Average taxonomic distance of 11 local populations of *A. despecta sieboldiana*

Localities	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
1. Chuncheon	0.000										
2. Mt.Soyo	0.633	0.000									
3. Anhung	1.307	1.088	0.000								
4. Deogjeokdo	1.087	0.994	0.358	0.000							
5. Ullungdo	2.551	2.228	1.280	1.526	0.000						
6. Pyonsan	1.089	0.993	0.727	0.615	1.784	0.000					
7. Huksando	1.460	1.579	1.907	1.763	2.926	1.217	0.000				
8. Hongdo	1.062	1.287	1.544	1.299	2.612	0.935	0.948	0.000			
9. Pigumdo	1.180	1.018	0.425	0.370	1.521	0.384	1.571	1.899	0.000		
10. Chindo	1.092	1.258	1.459	1.321	2.631	1.137	1.335	1.060	1.197	0.000	
11. Jeju-Do	0.892	1.134	1.464	1.264	2.662	1.040	1.163	0.764	1.173	0.414	0.000

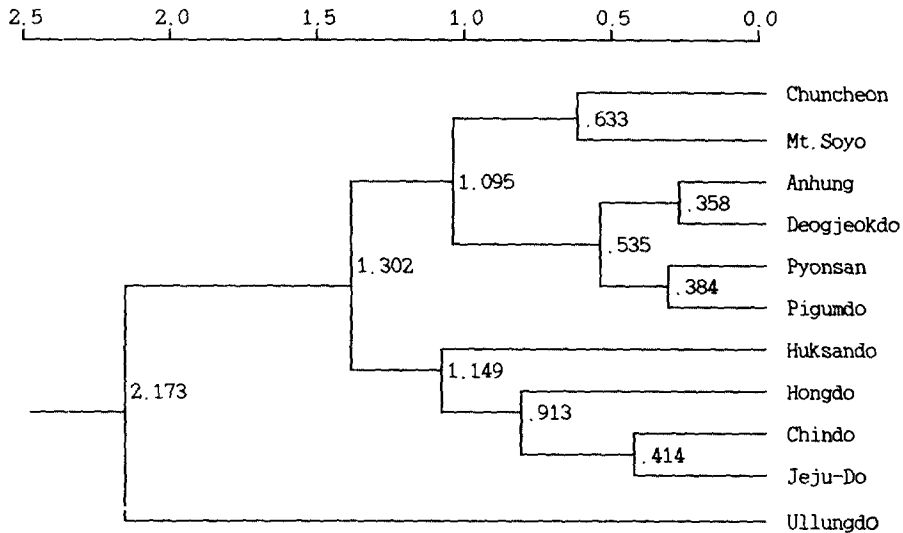


Fig. 2. UPGMA cluster analyses of 11 local populations, based on average taxonomic distance.

enzyme을 제외한 9개의 동위효소가 다형 현상을 나타냈다.

Acid phosphatase와 alkaline phosphatase는 9개 지역 집단에서 단일 locus상에 2개의 대립인자가 나타났으며(Figs. 3, 4), 동형집합자로 구성 되어 있었다. Alde-

hyde oxidase는 단일 locus상에 안흥, 변산, 흑산도, 비급도 집단이 동형집합자로 구성되어 있고 나머지 집단은 2개의 대립인자가 나타났다(Fig. 5). Esterase(EST)는 검출한 동위효소 중에서 가장 다양한 변이를 나타내었다(Fig. 6). 전 집단이 모두 3개의 loci로 분리되었

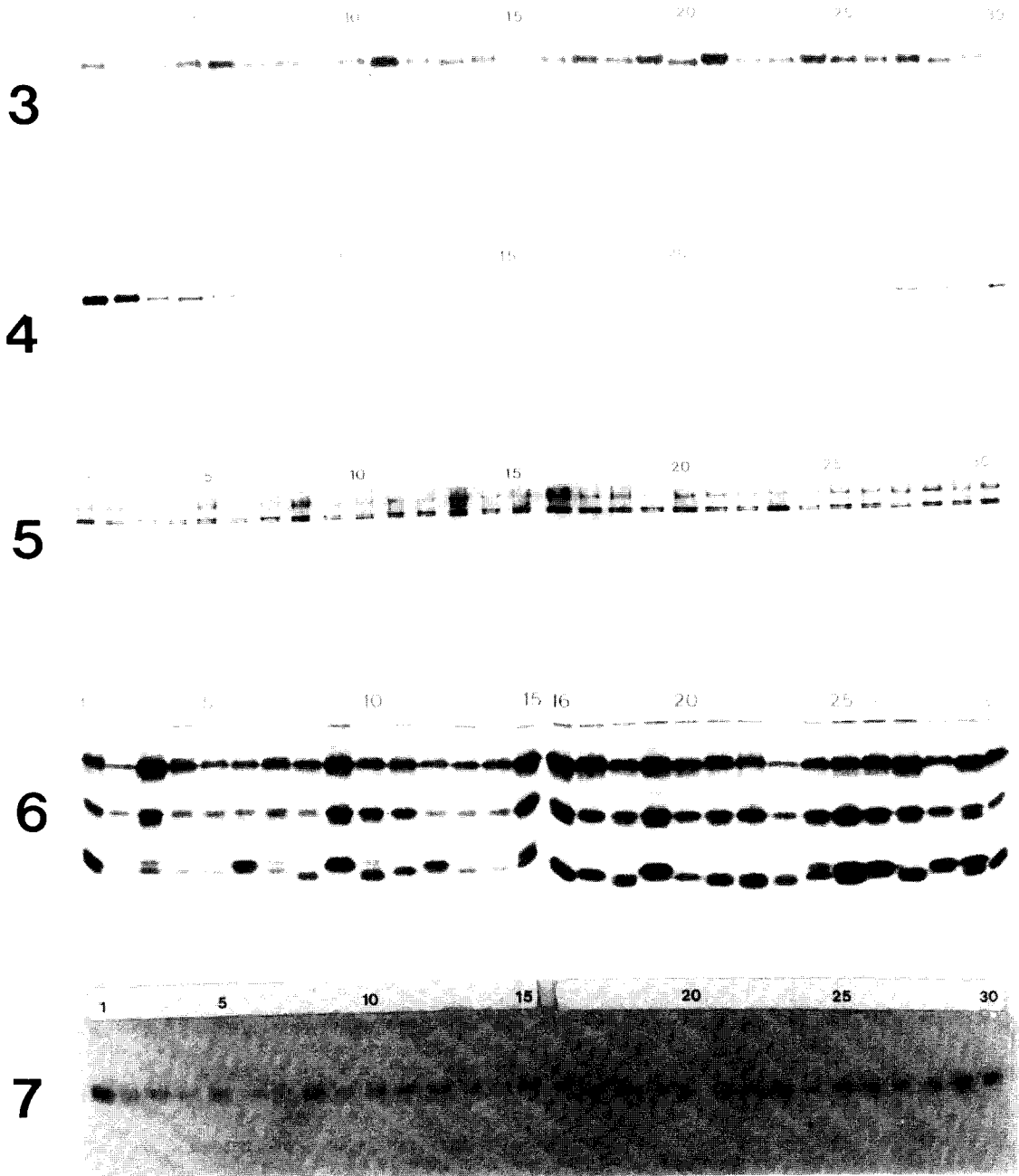


Fig. 3. Zymogram showing ACP of *A. despecta sieboldiana* from Chindo.

Fig. 4. Zymogram showing AKP of *A. despecta sieboldiana* from Pigumdo.

Fig. 5. Zymogram showing AO of *A. despecta sieboldiana* from Ullungdo.

Fig. 6. Zymogram showing EST of *A. despecta sieboldiana* from Anhung.

Fig. 7. Zymogram showing GPD of *A. despecta sieboldiana* from Ullungdo.

Table 5. Allele frequency of *A. despecta sieboldiana* in 10 populations

Locus	allele	Population									
		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
ACP	a	0.93	1.00	0.95	0.97	0.77	0.90	0.93	0.97	0.90	0.80
	b	0.07		0.05	0.03	0.23	0.10	0.07	0.03	0.10	0.20
AKP	a	0.87	1.00	0.85	0.97	0.93	0.90	0.93	0.97	0.90	0.97
	b	0.13		0.15	0.03	0.07	0.10	0.07	0.03	0.10	0.03
AO	a	0.50	0.50	0.52	1.00	0.50	1.00	1.00	1.00	0.95	0.63
	b	0.50	0.50	0.48		0.50				0.05	0.37
EST-1	a	0.85	0.50	0.12	0.13	0.23	0.50	0.08	0.12	0.08	0.48
	b	0.15		0.37	0.18	0.45	0.45	0.45	0.48	0.42	0.17
	c		0.50	0.51	0.47	0.32	0.05	0.34	0.23	0.12	0.35
	d			0.22			0.13	0.17			
	e								0.38		
EST-2	a	0.27	0.50	0.30	0.50	0.15	0.47	0.33	0.48	0.08	0.10
	b	0.73	0.50	0.10	0.03	0.07	0.03	0.35	0.52	0.92	0.22
	c			0.60	0.47	0.78	0.50	0.32			0.68
EST-3	a	0.53	0.52	0.45	0.38	0.50	0.10	0.50	0.07	0.50	0.47
	b	0.47	0.14	0.35	0.62	0.50	0.90		0.80	0.08	0.03
	c		0.34	0.20				0.50	0.13	0.42	0.50
GPD	a	0.42	0.21	0.50	0.44	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.08
	b	0.58	0.79	0.50	0.48	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.37
	c				0.08						0.55
G6PD	a	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00
HBDH	a	1.00	1.00	0.57	0.07	1.00	1.00	0.03	1.00	0.17	0.43
	b			0.43	0.93			0.97		0.83	0.47
	c										0.10
LDH	a	0.88	0.50	0.27	0.50	0.50	0.37	0.22	0.50	0.50	0.50
	b	0.12	0.50	0.73	0.50	0.50	0.63	0.78	0.50	0.50	0.50
ME	a	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00
SDH	a	1.00	0.38	0.70	1.00	1.00	1.00	1.00	0.50	0.50	0.47
	b		0.62	0.30					0.50	0.50	0.53
XDH	a	0.03	0.02	0.12							
	b	0.97	0.98	0.88	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00

1. Deogjeokdo, 2. Mt.Soyo, 3. Chunchon, 4. Anhung, 5. Ullungdo, 6. Pyonsan, 7. Huksando, 8. Pigumdo, 9. Chindo, 10. Cheju-Do.

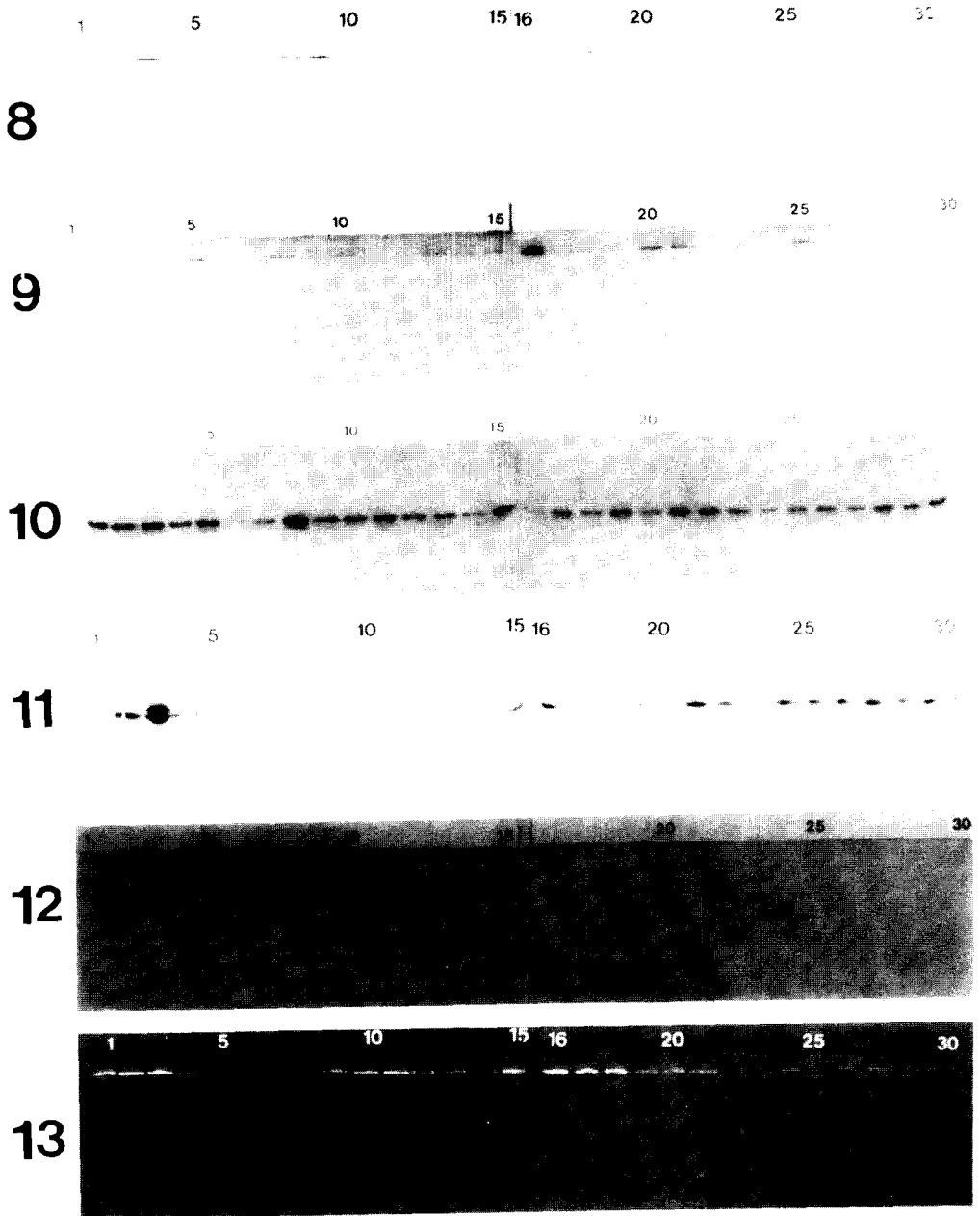


Fig. 8. Zymogram showing G6PD of *A. despecta sieboldiana* from Anhung.
Fig. 9. Zymogram showing ME of *A. despecta sieboldiana* from Deogjeokdo.
Fig. 10. Zymogram showing HBDH of *A. despecta sieboldiana* from Ullungdo.
Fig. 11. Zymogram showing LDH of *A. despecta sieboldiana* from Anhung.
Fig. 12. Zymogram showing SDH of *A. despecta sieboldiana* from Anhung.
Fig. 13. Zymogram showing XDH of *A. despecta sieboldiana* from Deogjeokdo.

으며 EST-1에서의 진도 집단은 모두 5개의 대립인자를 나타내었고 EST-2, 3의 locus에는 대부분 2-3개의 대립인자가 나타났다. α -glycerophosphate dehydrogenase(GPD)는 단일 locus에 2-3개의 대립인자로 구성되어 있었으며(Fig. 7), glucose-6-phosphate dehydrogenase(G6PD)와 malic enzyme(ME)은 전 집단이 모두 단일 locus에 동형접합자로 나타났다(Figs. 8, 9).

3-hydroxybutyrate dehydrogenase(HBDH)는 단일 locus로 구성되어 있으며 춘천, 안흥, 흑산도, 진도, 제주도 집단에서 2-3개의 대립인자가 나타났다(Fig. 10). Lactate dehydrogenase(LDH)는 모두 단일 locus상에 2개의 대립인자로 구성 되어있었고(Fig. 11), sorbitol dehydrogenase(SDH)와 xanthine dehydrogenase(XDH)는 한 개의 locus에서 단일 또는 2개의 대립인자로 나타났다(Figs. 12, 13).

각 지역집단의 대립인자 빈도(Table 5)를 토대로 평균 유전좌당 대립인자수(A), 다형성의 빈도(% P), 이형접합자 빈도(H_D)를 구한 결과(Table 6), 제주도 집단(%P: 69.2, H_D: 0.354)과 춘천 집단(%P: 76.9, H_D: 0.356)이 가장 높은 유전적 변이를 나타냈으며 변산 집단(%P: 53.8, H_D: 0.198)이 가장 낮은 변이 정도를 보였고 달팽이 전 지역집단의 평균 유전좌당 대립인자수는 1.86개, 다형성의 빈도는 59.9% 이형접합자 빈도는 0.263을 나타내었다. 각 지역 집단의 유전적 유연관계를 알아보기 위하여 Nei(1972)의 genetic distance 값을 구하였고(Table 7), 이를 근거로 UPGMA 방법에 의한 집괴분석을 실시하였다(Fig. 14).

Table 6. Means of allele per locus(A), % polymorphism(P) and heterozygosity(HD) of *A. despecta sieboldiana* in ten populations

Localities	A	% P	HD
Deogjeokdo	1.69	53.8	0.212
Mt. Soyo	1.69	53.8	0.236
Chuncheon	2.07	76.9	0.356
Anhung	1.92	53.8	0.231
Ullungdo	1.77	61.5	0.269
Pyonsan	1.69	53.8	0.198
Huksando	1.84	53.8	0.229
Pigumdo	1.84	46.1	0.241
Chindo	2.00	69.2	0.278
Cheju-Do	2.15	69.2	0.354
Mean	1.86 ± 0.157	59.19 ± 9.14	0.263 ± 0.052

달팽이 10개 지역 집단을 대상으로 11개의 동위효소를 검출한 결과 모두 13개의 유전자가 검출되었으며 각 지역 집단종의 대립인자 빈도를 토대로 하여 UPGMA 의한 집괴분석 결과(Fig. 15) 춘천과 울릉도 집단의 유전적 차이치(D=0.066)가 가장 낮아 두집단의 유전적 유사성이 가장 높은 것으로 나타났고, 다음이 안흥과 흑산도 집단(D=0.069), 변산과 비금도 집단(D=0.081) 순으로 유전적 유사성을 보였다. 전체적인

Table 7. Nei's genetic distance(D) between ten populations of *A. despecta sieboldiana*

Localities	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
1. Deogjeokdo	0.000									
2. Mt.Soyo	0.128	0.000								
3. Chuncheon	0.220	0.137	0.000							
4. Anhung	0.295	0.312	0.110	0.000						
5. Ullungdo	0.134	0.183	0.066	0.192	0.000					
6. Pyonsan	0.155	0.226	0.130	0.156	0.077	0.000				
7. Huksando	0.351	0.306	0.117	0.069	0.251	0.245	0.000			
8. Pigumdo	0.166	0.128	0.155	0.209	0.165	0.081	0.263	0.000		
9. Chindo	0.278	0.225	0.190	0.184	0.332	0.328	0.095	0.194	0.000	
10. Cheju-Do	0.257	0.149	0.108	0.196	0.177	0.257	0.176	0.252	0.181	0.000

집괴의 형태는 덕적도, 소요산 집단군과 춘천, 울릉도, 변산, 비금도 집단군, 그리고 안흥, 흑산도, 진도 집단군과 제주도 집단으로 나누어졌다.

고찰

일부 육산패류는 enzyme 수준에서 높은 다형현상을 나타내는 연구 결과가 있었다. 특히 중남미에 널리 분포하는 *Cepaea nemoralis*는 6-phosphogluconate dehydrogenase, malate dehydrogenase, isocitrate dehydrogenase, acid phosphatase, haemocyanin, esterase, leucine aminopeptidase, phosphoglucomutase, phosphoglucose isomerase, tetrazolium oxidase 등의 isozyme에서 다형 현상이 보고되었다(Manwell & Baker, 1968; Oxford, 1973; Johnson, 1976; Caugant *et al.*, 1982).

또한 Manwell과 Baker(1968)는 *C. nemoralis* enzyme loci 중 60%가 다형 현상을 나타냈다고 하였는데, 이는 소규모의 enzyme sample을 기초로 한 것으로 유전학적으로는 부적절한 내용으로 판단되었으나 계속된 연구로 *Cepaea*의 polymorphic loci의 비율은 무척추동물의 평균 값보다 높다는 결과를 얻어냈다.

이러한 높은 heterozygosity는 모든 유패류에서 보통 나타나는 현상은 아니라는 것이 Selander와 Kaufman(1973)에 의해 밝혀졌다.

국내 10개 지역에서 서식하는 *A. despecta sieboldiana*를 대상으로 모두 11개의 동위효소를 검출한 결과 glucose-6-phosphate dehydrogenase(G6PD)와 malic enzyme(MOD or ME)만이 단일 locus 상에 유전적 변이가 없는 monomorphic한 상태로 나타났고 esterase(EST)는 3개의 loci로 분리되는 다형현상을 나타내어 실험에 사용된 10개 지역 *A. despecta sieboldiana*는 모두 높은 유전적인 다형 현상을 보여주고 있다. 각 동위효소에서 나타난 10개 지역집단의 유전적 변이 정도는 가장 낮은 변산 집단($P=53.8\%$, $H_D=0.198$)과 가장 높은 춘천 집단($P=76.9\%$, $H_D=0.356$)의 사이에 있고(Table 6), 전 집단의 평균 다형형의 빈도($P\%$)는 59.96%이고 이형 접합자의 빈도(H_D)는 0.260으로 나타났다.

육산패류의 새로운 서식지 이동은 불가능하다고 볼 수는 없으나 여타 생물집단 보다는 그 가능성이 희박하므로 자연히 이동 가능 지역에서의 유전적인 교류가 일어나게 되어 유전적 변이 정도가 낮아져야 할 것으

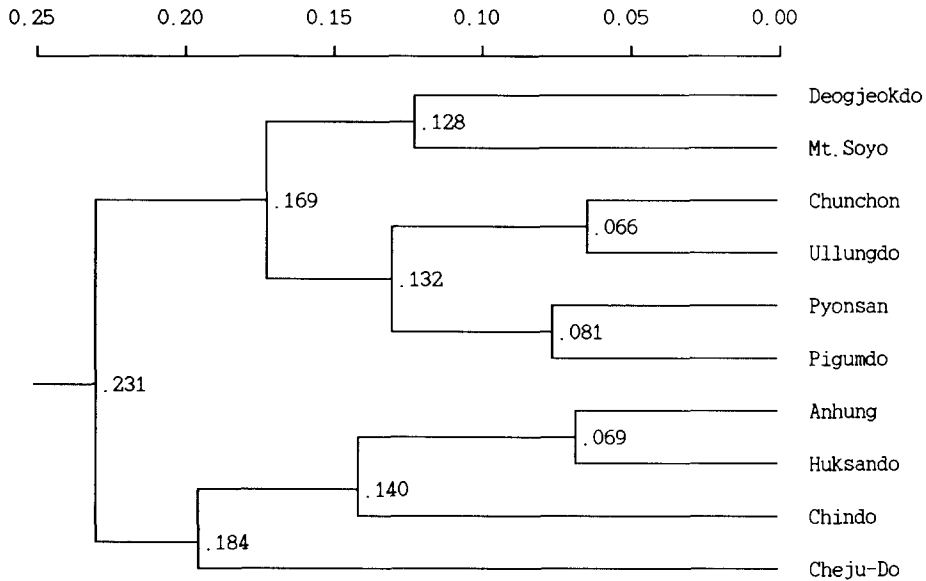


Fig. 14. UPGMA cluster analyses of ten local populations, based on Nei's genetic distance.

로 보이거나 실험 결과로 나타난 다형형의 빈도와 이형 집합자의 빈도 값은 다른 종을 대상으로 실시한 유사한 실험(Kim, 1986; Ayala, 1982; Selander, 1976; Yang, 1982; Hwang Bo *et al.*, 1993)결과 보다 높은 값을 보이고 Kim(1995)보다는 낮은 값을 나타내었다. Hillis 등(1991)은 미국 남부 Florida에 서식하는 *Liguus fasciatus*가 지리적으로 격리되어 있고 외형변이가 심한 종이나 genetic divergence는 매우 낮은 값을 보였으며 이러한 결과의 원인은 *Liguus fasciatus*가 자가수정이 빈번히 일어나며 또한 비교적 최근에 Florida에 정착한 종이기 때문인 것으로 판단하였다. 따라서 이러한 *A. despecta sieboldiana*의 높은 유전적 다형 현상은 이 종의 이동 범위가 넓고, 한 개체가 여러 개체와의 교미 행동, 또는 한정된 지역에 정착한 후 오랜 시간이 경과되었음을 암시한다. 실제로 육산패류가 夏眠(aestivation)상태에서 만나는 집중호우는 종 분산에 많은 영향을 미치며, 특히 서식처가 산지형이 아닌 *A. despecta sieboldiana*는 더욱 이러한 상황에 노출될 가능성이 높다. 또한 Takahashi 등(1992)은 일본의 *A. despecta sieboldiana* 1개체가 교미기간 중 평균 5.5개체와 교미를 하는 다혼성(polygamy)을 보인다 하였다. 따라서 이러한 교미행동이 집단내 유전적 변이를 높일 수 있는 주요한 요인으로 작용될 것으로 생각된다.

이형집합자 빈도에 의한 *A. despecta sieboldiana* 전 집단의 평균 유전적 차이치는 $D=0.133$ 으로 높은 값을 나타내어 지역 집단간 유전적 유연관계가 낮은 것으로 나타났고 각 지역별 외부형태 측정값을 이용한 집괴분석 결과(Fig. 2)는 남서부 도서집단(흑산도, 홍도, 진도, 제주도)과 중북부 집단(안흥, 덕적도, 변산, 비금도, 춘천, 소요산)과 울릉도 집단으로 나누어졌고 유전적 변이 값을 이용한 집괴분석 결과(Fig. 14)는 이와 달리 중부와 남부지역이 분리되는 결과로 나타나 지리적 분포에 따른 종의 외부형태와 유전적인 유연관계는 일치하지 않았다. 이러한 현상은 Chamber(1978, 1980), Hornbach 등(1980), Groue과 Lester(1982), Dillon과 Manzi(1989), Powell(1975) 등의 연구에서도 패류의 외부형태를 근간으로 하여 작성된 자료와 전기영동상의 결과가 일치하지 않음을 보고하였고, 또한 Hillis 등(1991)은 형태적으로 유사한 개체가 유전적으로는 변이가 있어 같은 무리에 속할 수 없는 현상을 보고하였다. 따라서 이러한 결과는 유전형(electrophoretic data)

과 표현형(shell measurement)과의 관계는 유의성이 없음을 보여주고 있고 결국 종은 서식처의 환경요인에 의하여 형태 변이를 일으키지만 유전적 변이는 이와는 관계가 별로 없는 것으로 생각된다.

요 약

국내 11개 지역(경기도 용진군 덕적도, 경기도 의정부시 소요산, 강원도 춘천시, 충청남도 태안군 안흥, 경상북도 울릉군 울릉도, 전라북도 부안군 변산, 전라남도 신안군 홍도, 흑산도 비금도, 진도, 제주도)에서 채집된 달팽이(*A. despecta sieboldiana*)를 대상으로 외부형태 분석과 동위효소를 검출하여 각 지역 집단간의 형태적, 유전적 유연관계와 변이 정도를 연구한 결과는 다음과 같다.

외부형태에 의한 집단간 유연관계는 안흥과 덕적도 집단(average taxonomic distance, $D=0.358$)이 형태적으로 가장 유사한 집단으로 나타났다.

Polyacrylamide gel을 사용하여 11가지의 동위효소를 검출한 결과 AKP, ACP, AO, EST, GPD, HBDH, LDH, SDH, XDH의 동위효소에서 유전적 다형현상이 나타났다.

전 집단의 평균 다형형의 빈도는 59.19%이며 이형 집합자 빈도는 0.263이고 각 집단의 유전적 차이치는 춘천과 울릉도 집단이 0.066(genetic distance)으로 가장 높은 유사성을 보였다.

지리적 분포에 따른 외부형태 변이와 유전적 변이와의 관계는 유의성이 없었다.

참 고 문 헌

- Ayala, F.J. (1982) The genetic structure of species, *In: Perspectives on Evolution.* (ed. by Milkman, R.), pp. 60-82. *Sinauer Assoc. Inc., Sunderland, Massachusetts,*
- Baker, C.M.A. (1966) Species, tissue and individual specificity of low ionic strength extracts of avian muscle and other organs revealed by starch-gel electrophoresis. *Canadian J. Biochem.* **44:** 853-859.
- Caugant, D., Selander, R.K. and Jones, J.S. (1982) Geographic structuring of molecular and morpho-

- logical polymorphism in Pyrenean populations of the snail *Cepaea nemoralis*. *Genetica*, **57**: 177-191.
- Chamber, S.M. (1978) An electrophoretically detected sibling species of *Goniobasis floridensis* (Mesogastropoda: Pleuroceridae). *Malacologia*, **17**(1): 157-162.
- Chamber, S.M. 1980. Genetic divergence between populations of *Goniobasis* (Pleuroceridae) occupying different drainage systems. *Malacologia*, **20**(1): 63-81.
- Cheng, T.C. (1964) Comparative electrophoretic studies on sera of marine and freshwater molluscs. In: Taxonomic Biochemistry and Serology. (ed. by Leone). pp. 59-666. *Ronald Press, New York*.
- Dillon, R.T.Jr. and Manzi, J.J. (1989) Genetics and shell morphology of hard clams (Genus *Mercentaria*) from Laguna Mader, Texas. *Nautilus*, **103**(2): 73-77.
- Foreman, C.W. (1960) Electromigration properties of mammalian hemoglobins. *J. Cell. Comp. Physiol.*, **63**: 1-6.
- Groue, K.J. and Lester, L.J. (1982) A morphological and genetic analysis of geographic variation among oysters in the gulf of Mexico. *Veliger*, **24**(4): 331-335.
- Harris, H. (1966) Enzyme polymorphism in man. *Proc. Roy. Soc. Ser. B.*, **164**: 298-310.
- Hornbach, D.J., Mcleod, M.J., Guttman, S.I. and Seilkop, S.K. (1980) Genetic and morphological variation in the freshwater clam, *Sphaerium* (Bivalvia: Sphaeridae). *J. Moll. Stud.*, **46**: 158-170.
- Hillis, D.M., Dixon, M.T. and Jones, A.L. (1991) Minimal genetic variation in a morphologically diverse species (Florida tree snail, *Liguus fasciatus*). *Heredity*, **82**: 282-286.
- Hwang Bo. H., Lee, J.S. and Cho, D.H. (1993) The isozyme variations of *Euphaedusa fusaniana* in Korea. *Korean J. Malacol.*, **9**(1): 39-45.
- Johnson, M.L. (1968) Application of blood protein electrophoretic studies to problems in mammalian taxonomy. *Syst. Zool.*, **17**: 23-30.
- Johson, M.S. (1976) Allozymes and area effects in *Cepaea nemoralis* on the Western Berkshire Downs. *Heredity*, **36**: 105-121.
- Kim, C.H. (1986) Electrophoretic study of *Semisulcospira gottschei* in Korea. *Korean J. Malacol.*, **2**(1): 30-34.
- Kim, J.J. (1995) Isozyme variations of genus *Semisulcospira* (Pleuroceridae:Gastropoda) in Korea. *Korean J. Malacol.*, **11**(2): 171-179.
- Kitto, G.B. and Wilson, A.C. (1966) Evolution of malate dehydrogenase in birds. *Sci.*, **153**: 1408-1501.
- Laemmli, U.K. (1970) Cleavage of structural proteins during the assembly of the head of Bacteriophage T4. *Nature*, **227**: 680-685.
- Lee, J.S. and Kwon, O.K. (1993) Morphological analyses of 15 species of Bradybaenidae in Korea. *Korean J. Malacol.*, **9**(2): 44-56.
- Lewontin, R.C. and Hubby, J.L. (1966) A molecular approach to the study of genetic heterozygosity in natural populations. II. Amount of variation and degree of heterozygosity in natural populations of *Drosophila pseudoobscura*. *Genetics*, **54**: 595-609.
- ManWell, C. and Baker, C.M.A. (1968) Genetic variation of isocitrate, malate and 6-phosphogluconate dehydrogenase in snails of the genus *Cepaea*. *Comp. Biochem. Physiol.*, **26**: 195-209.
- Nei, M. (1972) Genetic distance between population. *Am. Naturalist*, **160**: 283-292.
- Neaves, W.B. (1969) Adeaminase phenotypes among sexual and parthenogenetic lizard in the genus *Cnemidophorus* (Teiidae). *J. Exp. Zool.*, **171**: 175-184.
- Oxford, G.S. (1973) The genetics of *Cepaea* esterases. *Heredity*, **30**: 127-139.
- Pasteur, N. (1988) Practical isozyme genetics. *Ellis Horwood Limited*, pp. 194-195.
- Powell, J.R. (1975) Protein variation in natural populations of animals. In: *Evolutionary Biology*

- (7th ed.). (ed. by Dobzansky, T., Hecht, M.K and Streere, W.C.) pp. 79-119. *Plenum Publishing, New York*.
- Selander, R.K. (1976) Genetic variation in population. *In: Molecular Evolution.* (ed. by Ayala, F.J.). pp. 21-45. *Sinaur, Inc. Sunderland, Massachusetts.*
- Selander, R.K. and Kaufman, D.W. (1973) Self-fertilization and genetic population structure in a colonizing land snail. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.*, **70**: 1186-1190.
- Selander, R.K., Hunt, W.G. and Yang, S.Y. (1969) Protein polymorphism and genetic heterozygosity in two European subspecies of house mouse. *Evolution*, **23**: 379-390.
- Takahashi, K., Asakura, A. and Kurozumi, T. (1992) Copulation frequency and mating system of the land snail *Acusta despecta sieboldiana* (Piffer). *Jap. J. Malac.*, **51**(4): 323-326.
- Yang, S.Y. (1982) Genetic variation in natural populations of *Rana nigromaculata* in Korea. *Bull. I. B. Inha Univ.*, **4**: 61-67.