

국내 세 지역의 배추좀나방(*Plutella xylostella* (Linné)) 월동집단에서 나타나는 유전변이 분석

Genetic Analysis of Three Overwintering Diamondback Moth, *Plutella xylostella* (Linné), Populations in Korea

김용균* · 박호찬 · 정명섭

Kim, Yonggyun*, HyoChan Park and Myungseob Chung

Abstract - Four polymorphic allozymes were used for genetic analysis of overwintering populations of field diamondback moth, *Plutella xylostella* (Linné). Different allele frequencies were found among three local populations of Andong, Youngchon, and Yangsan in all loci. Two allozyme loci (acid phosphatase and phosphoglucomutase) showed significant deviation from Hardy-Weinberg equilibrium in allele frequencies among these populations. Estimated Nei's genetic distance varied from 0.0151 between Yangsan and Youngchon to 0.0877 between Andong and Youngchon. Compared with the previous genetic distances in this moth, a little higher genetic differentiation among these overwintering populations suggests that there would be a specific genetic bottleneck in each local population during overwintering period.

Key Words - Diamondback moth, Allozyme, Genetic differentiation, Overwintering, Genetic bottleneck

초 록 - 네 가지 다형 동위효소를 이용하여 야외 월동세대의 배추좀나방(*Plutella xylostella* (Linné))의 집단 유전분석이 실시되었다. 세 지역 (안동, 영천, 양산)의 야외집단들은 모든 동위효소 유전좌위에서 서로 다른 대립유전자빈도를 보였다. 특히 두 동위효소(acid phosphatase and phosphoglucomutase)에서 나타나는 유전자 빈도의 불균형은 집단간에 임의교배가 이루어져 있지 않음을 나타냈다. 추정된 집단간 Nei의 유전거리는 0.0151 (양산집단과 영천집단)에서 0.0877 (안동집단과 영천집단)까지 다양했다. 기존의 배추좀나방 야외집단들의 유전거리 추정치에 비해 이러한 월동 초기세대들이 보인 다소 높은 유전분화는 이들 집단이 월동과정중 지역적 환경요인에 따른 상이한 도태압이 작용하여 유전적 병목현상이 초래되었음을 내포한다.

검색어 - 배추좀나방, 동위효소, 유전분화, 월동, 유전적 병목

배추좀나방(*Plutella xylostella* (Linné))은 열대지방에서 시베리아까지 광범위하게 분포하며 십자화과 작물을 가해하는 주요 해충이다(Talekar and Griggs, 1986). 이 종에 대한 최초의 약제저항성 보고 이후 (Ankersmith, 1953), 유기인계(Sudderuddin and Kok,

1978), 카바메이트계(Sun *et al.*, 1978), 피레스제(Liu *et al.*, 1982), 곤충생장조절제(Pering *et al.*, 1988), 비티제(Tabashnik *et al.*, 1990) 등 대부분 상용화되어 있는 살충제에 대해 저항성 발현으로 방제에 큰 어려움을 주고 있다.

*Corresponding author. E-mail: hosanna@andong.ac.kr

경북 안동시 송천동 388번지 안동대학교 자연과학대학 생명자원과학부(School of Bioresource Sciences, College of Natural Sciences, Andong National University, Andong, Republic of Korea)

특히 배추좀나방은 장거리 이동성 해충으로서 특정 지역에서 형성된 저항성 집단은 다른 지역으로 전달될 가능성을 내포하고 있다(Shelton and Wyman, 1992). 그러나 이러한 예상과는 달리 국내 배추좀나방의 약제 감수성은 지역에 따라 심한 변이를 보여 주고 있다(Lee *et al.*, 1993; Kim and Chang, 1996). 심지어 미국의 하와이에 서식하는 배추좀나방 집단의 경우 불과 5km 정도 떨어진 집단간에도 심한 약제 저항성 차이를 보였다(Tabashnik *et al.*, 1987). 약제 저항성은 유전적 현상으로(Geourghiou and Saito, 1983) 이러한 변이는 유전적 변이를 의미하게 된다. 일반적으로 유전적 변이의 가능성은 집단의 규모가 소형에 따른 일종의 표본 추출 효과인 기회적부동(random genetic drift), 이주, 돌연변이 및 도태 등의 변동요인에 기인된다(Falconer, 1981). 이 중 이주는 집단간 유전 분화를 상쇄시키는 반면, 다른 요인들은 집단분화를 유발시키도록 작용하게 된다. 배추좀나방의 경우 잘 발달된 이주능력은 지역간 유전적 분화를 억제해 주는데 중요한 역할을 하게 된다(Caprio and Tabashnik, 1992).

유전적 변이의 다른 가능성으로 국내의 월동 가능성이 매우 높은 이 난대성 해충이 겨울이라는 환경조건은 일종에 유전적 병목으로 작용했을 가능성을 내포하고 있다. 즉, 지역에 따라 균일하지 않은 겨울 환경 조건은 차등성있는 도태압을 주고 이에 따라 생존된 각 지역 개체군들은 집단간 유전적 변이로 나타나게 되며 이는 결국 지역간 약제 감수성 변이에 영향을 주게된다는 가능성을 내포한다.

국내 배추좀나방 집단에 대한 유전적 분석이 동위효소를 이용하여 이뤄졌으며 네 종류의 유전좌위(acid phosphatase, esterase-1, glucose-6-phosphate dehydrogenase, phosphoglucomutase)가 다형으로 보고되었다(Kim *et al.*, 1999). 분석된 야외 두 집단은 약 50 km 정도 떨어져 있었으며, Nei (1978), Weir와 Cockerham (1984)의 두 방법에 기초하여 산출된 유전적 거리는 매우 낮아(0.0215~0.0550) 집단간 유전적 고립을 보이지 않았다. 이 결과는 국내 배추좀나방의 집단간 이동력을 구체적으로 제시하였으나 집단 변동에 대해서는 여러 가지 의문점을 자아냈다. 특히 이러한 집단간 유전적 이동에도 불구하고 야외에서 나타나는 살충제 저항성 변이를 어떻게 설명하느냐는 것이다.

본 연구는 국내 배추좀나방 집단의 보다 폭 넓은 분석과 특히 겨울기간 중의 유전적 병목현상을 토대로 월동 직후의 집단간 변이를 규명하기 위해 이른 봄에 비교적 높은 산맥을 통해 떨어져 있는 안동, 영천, 양산 세 집단을 대상으로 집단내 유전변이

와 집단간 배추좀나방의 이동 능력을 네 가지 다형 동위효소를 이용하여 분석하였다.

재료 및 방법

시험곤충 채집 및 사육

안동, 영천, 양산의 세 지역 배추밭에서 배추좀나방 유충과 성충을 채집하였다(Fig. 1). 각 지역에서 지역내 변이를 얻기 위해 직선거리가 1 km 이상이 되는 세 지점을 택하여 채집했다. 즉, 안동집단은 막곡리, 하리 및 남선지역에서, 영천집단은 화북, 화남 및 상송지역에서, 양산집단은 석계리의 남북 두 지역과 소석리 지역에서 각각 채집되었다. 채집날자는 배추좀나방의 월동세대를 고려하여 연중 초기세대 발생 시점(Kim and Lee, 1991)을 택하여 안동이 1998년 4월 20일, 4월 24일, 5월 1일날 채집한 것이고 영천은 1998년 5월 2일날 채집한 것이고, 양산은 1998년 4월 25일날 채집하였다.

동위효소 분석에 이용된 배추좀나방의 발육태는 성충으로 하였다. 이러한 이유는 동위효소의 경우 발육상태와 기주에 따른 차이를 보일 수 있기 때문에(Hillis and Moritz, 1990) 비섭식시기인 성충으로 고정시켰다. 이에 따라 채집된 유충은 실내에서 배추를 이용하여 성충으로 사육한 후 분석에 이용되었다. 이렇게 얻어진 성충 시료들은 효소 추출 때가

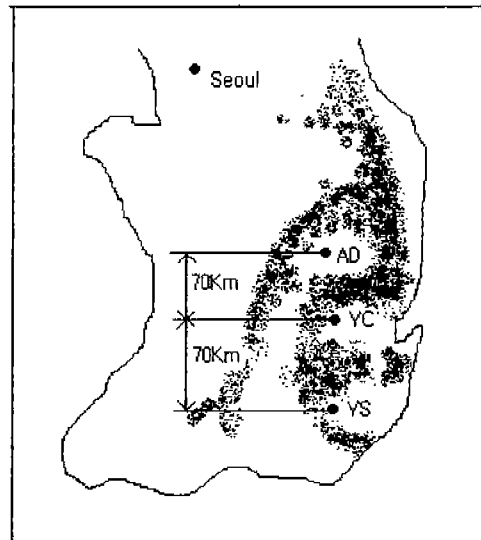


Fig. 1. A map showing geographical features and distances among Andong (AD), Youngchon (YC) and Yangsan (YS) chinese cabbage farms as the sampling sites of *Plutella xylostella*. Each locality comprised of three subsamplings, each of which was separated at least by 1 km.

지 -70°C 에 보관되었다.

전기영동분석

배추좀나방 각 성충을 1.5 ml tube에 넣고 50 μl 추출용액(40% sucrose, 0.1% bromophenol, 0.04% basic fuchsin, 1.54% dithiothreitol, 0.372% EDTA, 0.125 mM Tris-HCl, pH 8.3)를 이용하여 분쇄하였다. 추출된 단백질은 5분간 원심분리(14,500 rpm, 5°C)되었다. 전기영동이 진행될 때까지 분리된 시료는 -70°C 에 보관해 두었으며 분석시에는 해당 후 다시 14,000 rpm에서 1분간 원심분리하여 상등액을 동위 효소 분석용 시료로 이용하였다. 분석된 개체수는 각 지역의 소집단이 각각 20~28마리로서 각 지역집단은 약 80마리가 분석에 이용되었다.

전기영동은 0.05 M Tris-glycine buffer (pH 8.3) system의 10% 비변성 polyacrylamide 젤 (Davis, 1961)에서 300 V 전압 고정상태로 bromophenol blue 염색액이 바닥까지 이동할 때까지 진행시켰다.

분석된 동위효소는 acid phosphatase (*AcpH*), esterase-1 (*Est-1*), glucose-6-phosphate dehydrogenase (*G6pdh*) 및 phosphoglucosmutase (*Pgm*)이며 전기영동 후 각 동위효소의 염색은 Black과 Krafur (1985)와 Hillis와 Moritz (1990) 방법을 이용했다. 염색시 약중 효소가 포함된 *Pgm*의 염색은 agar overlay로 염색액을 조제하였다.

유전자료분석

유전대립형질의 빈도는 각 개체군의 각 유전좌위에서 계산되었다. 각 유전좌위에서 관측된 이형접합자빈도(H_o)가 분석된 전체 개체수의 비율로 산출되었다. 이때 각 집단이 Hardy-Weinberg 균형상태의 조건을 갖는다는 가정하에 기대되는 이형접합자빈도(H_e)는 $1 - \sum P_i^2$ 으로 추정되었다 (Nei, 1978). 여기서 P_i 는 i 번째 대립형질의 동형접합자 빈도이다. 이러한 가정의 타당성을 검증하기 위해 동계교배 계수(F)가 $1 - (H_o/H_e)$ 로 산출되었다 (Wright, 1978). 일종의 유전변이 척도로서 유효대립유전자수(N_e)는 $1/\sum P_i^2$ 으로 산출되었다 (Crow and Kimura, 1970). 집단간 유전적 분화는 Nei (1978)의 유전거리 계산법에 의해 산출되었다.

결 과

배추좀나방을 집단 분석하기 위해 네 가지 서로 다른 동위효소가 유전자표로 이용되기 위해, 분석될 집단의 개체들을 대상으로 기본적 동위효소 성질을

조사하였다 (Table 1). *AcpH*와 *Pgm*은 각각 한 개의 유전좌위를 나타냈고 이들 좌위에서 이형접합자가 두 개의 밴드를 보여 4차구조가 단일단위체로 각각 판명되었다. *Est-1*는 적어도 4개 이상의 복잡한 유전좌위 형태를 보였고 본 분석에 이용된 좌위는 전기영동상에서 음극에 가장 가까운 좌위를 이용하였다. 이 좌위는 이형접합자가 세 개의 밴드를 보여 4

Table 1. Enzyme loci used for genetic analysis of *Plutella xylostella* infesting chinese cabbages in three different field localities of Andong, Youngchon, and Yangsan

Enzymes	E.C.	No. genomes	Subunit structure	Polymorphic (P) ^a / Monomorphic (M)
Acid phosphatase (<i>AcpH</i>)	3.1.3.2	247	monomer	P
Esterase-1 (<i>Est-1</i>)	3.1.1.1	246	dimer	P
Glucose-6-phosphate dehydrogenase (<i>G6pdh</i>)	1.1.1.49	241	dimer	P
Phosphoglucosmutase (<i>Pgm</i>)	2.7.5.1	244	monomer	P

^a Criterion for polymorphism of a locus is a frequency of the most frequent allele of <95%.

Table 2. Allele frequencies for four polymorphic loci of *Plutella xylostella* in three different localities

Locus	Allele ^a	Rm ^b	Allele frequencies		
			Andong	Youngchon	Yangsan
<i>AcpH</i>	1	0.14	0.1437	0.0416	0.0963
	2	0.17	0.5125	0.4226	0.4156
	3	0.19	0.3437	0.5357	0.4879
			(80) ^c	(84)	(83)
<i>Est-1</i>	1	0.13	0.0361	0.0679	0.0792
	2	0.14	0.0602	0.1481	0.0975
	3	0.15	0.1265	0.1913	0.1646
	4	0.16	0.1084	0.1790	0.1280
	5	0.17	0.2590	0.1604	0.2439
	6	0.18	0.3554	0.1666	0.2378
	7	0.20	0.0542	0.0864	0.0487
			(83)	(81)	(82)
<i>G6pdh</i>	1	0.07	0.0961	0.0250	0.0361
	2	0.08	0.5769	0.6500	0.6265
	3	0.10	0.3269	0.3250	0.3373
			(78)	(80)	(83)
<i>Pgm</i>	1	0.21	0.2437	0.0370	0.0361
	2	0.24	0.2500	0.1851	0.0361
	3	0.26	0.4125	0.7160	0.6626
	4	0.27	0.0937	0.0617	0.0000
			(80)	(81)	(83)

^a Alleles are numbered according to their migrating distance away from the origin.

^b Rm represents relative mobility measured by the migrating distance of an allele divided by the migrating distance of the tracking dye from anode.

^c The number in the parenthesis indicates the sample size analyzed in each location and allozyme.

Table 3. Observed (H_o) and expected (H_e) heterozygosities, effective numbers of alleles (N_e), and inbreeding coefficient (F) for four polymorphic loci of *Plutella xylostella* in three different localities. Chi-square (X^2) test of inbreeding coefficient under a null hypothesis of Hardy-Weinberg population followed the method of Li and Horvitz (1953)

Locus	No. Genome	H_o	H_e	N_e	F	X^2	Df	P
Andong population								
<i>Acph</i>	80	0.4750	0.5983	2.49	0.2061	6.80	3	0.0786
<i>Est-1</i>	83	0.6144	0.7705	4.37	0.2026	20.44	21	0.4936
<i>G6pdh</i>	78	0.6923	0.5508	2.23	-0.2569	10.30	3	0.0162
<i>Pgm</i>	80	0.6625	0.6989	3.32	0.0521	0.65	6	0.9955
<i>Mean</i>		0.6111	0.6546	3.10	0.0510			
Youngchon population								
<i>Acph</i>	84	0.3095	0.5325	2.14	0.4188	29.47	3	0.0000
<i>Est-1</i>	81	0.9012	0.8432	6.40	-0.0688	2.30	21	1.0000
<i>G6pdh</i>	80	0.6000	0.4712	1.89	-0.2733	11.95	3	0.0076
<i>Pgm</i>	81	0.4074	0.4475	1.81	0.0896	1.95	6	0.9242
<i>Mean</i>		0.5545	0.5736	3.06	0.0416			
Yangsan population								
<i>Acph</i>	83	0.2168	0.5795	2.38	0.6259	65.03	3	0.0000
<i>Est-1</i>	82	0.7926	0.8217	5.63	0.0354	0.62	21	1.0000
<i>G6pdh</i>	83	0.4939	0.4922	1.97	-0.0035	0.00	3	1.0000
<i>Pgm</i>	83	0.3855	0.4687	1.88	0.1775	7.85	6	0.2493
<i>Mean</i>		0.4722	0.5905	2.97	0.2088			
All populations								
<i>Acph</i>	247	0.3338	0.5701	2.34	0.4169	85.86	3	0.0000
<i>Est-1</i>	246	0.7694	0.8118	5.47	0.0564	4.70	21	0.9999
<i>G6pdh</i>	241	0.5954	0.5047	2.03	-0.1779	22.88	3	0.0000
<i>Pgm</i>	244	0.4851	0.5384	2.34	0.1064	8.29	6	0.2176
<i>Mean</i>		0.5459	0.6062	3.04	0.1005			

차구조가 이중단위체로 판명되었다. *G6pdh*는 한 개의 유전좌위를 나타냈고, 이 좌위도 *Est-1*과 같이 4차구조가 이중단위체로 판명되었다. 이상의 4개 등위효소는 모두 복대립유전자를 가졌으며 이 중 최대 빈도의 대립유전자가 각 유전좌위에서 95% 이내의 빈도를 보여 모두 다형으로 판명되었다.

각 유전좌위에서 대립유전자의 빈도가 산출되었다(Table 2). 대립유전자는 빈도면에서 주 대립유전자와 희귀 대립유전자로 구분한다. 분석된 모든 유전좌위에서 주 대립유전자는 *Acph*를 제외하고 세 집단 모두 동일했다. *Acph*는 모든 집단에서 첫 번째 대립유전자가 희귀 대립유전자로 공통이나, 주 대립유전자에서는 안동집단이 두 번째인 반면 영천과 양산은 세 번째 대립유전자이었다. *Est-1*은 7개의 복대립유전자로 구성되는데 모든 집단에서 1번과 7번 대립유전자가 희귀 대립유전자로 나타났으나 주 대립유전자는 집단간 상이했다. 특히 영천에서 주류를 이루는 대립유전자는 다른 두 집단보다 빈도가 균일했다. *G6pdh*는 3개의 복대립유전자로 구성되는데, 세 집단 모두 동일한 주 대립유전자와 희귀 대립유전자 양상을 보였다. *Pgm*은 4개의 복대립유전자로 구성되는데 3번째 대립유전자가 모든 집단에서 주 대립유전자이었으나 희귀 대립유전자의 양상

은 달랐다. 특히 양산집단은 4번째 대립유전자를 보유하지 못했다.

측정된 각 집단의 대립유전자 빈도는 Hardy-Weinberg 이상집단의 가정하에 산출된 이형접합자 빈도를 토대로 집단 내 또는 집단 간 개체들의 교잡 양상을 분석하였다(Table 3). 이러한 분석에 중요한 점정값이 동계교배 계수(F)이다. 이론적으로 이 수치는 -1에서 +1사이의 값을 가지며 0에 근접하게 된다. 그러나 표본집단내에서 이상집단과 달리 유전자 변동요인이 작용할 때 관측된 이형접합자 빈도(H_o)가 기대된 이형접합자 빈도(H_e)와 차이가 나타나 이 값은 0과 다른 수치를 갖게 된다. 이 값이 통계적으로 0과 상이한 지를 보여주는 통계량인 빈도분석법(X^2)으로 추정되었다. 서로 다른 등위효소는 이러한 점정량에서 매우 상이하게 나타났다. 즉, 모든 집단에서 *Est-1*과 *Pgm*은 분석된 집단들이 Hardy-Weinberg의 이상집단과 동일하다고 나타났으나 *Acph*와 *G6pdh*에서는 안동집단을 제외하고 모두 집단내 임의 교배에 위배된다고 나타났다(Table 3). 유전변이의 또 다른 측정치인 유효 대립유전자 수 (N_e)는 모든 집단에서 비교적 낮은 평균 3.04개를 나타냈다.

상이한 집단간 대립유전자 빈도 양상과 이상집단

Table 4. Nei's unbiased estimates of genetic identity (above the diagonal) and genetic distance (below the diagonal) among three geographical populations of *Plutella xylostella*

	Andong	Youngchon	Yangsan
Andong	—	0.9160	0.9439
Youngchon	0.0877	—	0.9850
Yangsan	0.0577	0.0151	—

과 상이한 교미형태를 보인다는 동계교배 계수의 수치를 이용하여 집단간 유전적 분화를 Nei (1978)의 유전자 거리 측정법으로 분석하였다(Table 4). 특히 이 방법은 집단내 보다는 집단간의 유전적 분화를 측정하는 것으로 양산과 영천이 가장 유전적 거리가 가깝고, 안동은 영천과 양산 모두와 더 큰 유전적 분화가 있음을 나타냈다.

고 찰

본 연구는 포장에서 발생하는 배추좀나방의 살충제 저항성변이 원인을 살펴보기 위해 실시되었다. 이러한 원인으로 배추좀나방의 집단간 유전자 이동 상황과 지역적 선발효과를 비교하게 되었다. 분석에 이용된 네 가지의 동위효소는 배추좀나방 집단들에 있어서 다형을 보였다(Table 1). 이러한 다형 동위효소를 집단 유전지표로 세 지역의 배추좀나방의 성충을 대상으로 유전 분화를 측정하게 되었다. 곤충의 집단연구에 있어서 동위효소가 이용되어 왔다(Loxdale and Lushai, 1998). 동위효소 유전지표를 이용한 집단동태 분석법은 집단간 차이가 나타나는 다형좌위를 확보하는 것이 우선이다(Black and Krafur, 1985; Hillis and Moritz, 1990). 이러한 다형 동위효소들의 집단간 각 대립유전자빈도를 산출하여 이를 집단분석원리를 적용하여 분석하는 데 있다. 즉, 이 원리는 대립유전자들의 집단간 중립설(Kimura, 1968)에 기초하여 이들 유전자들의 집단간 변이는 중립설에 어긋난 유전적 변동요인이 가미된다는 견지에서 설명되어진다. 즉, 집단간 대립유전자 빈도가 크게 차이가 나면 집단간 유전자의 교류가 적음을 의미하며 이때 본 연구에서 추구하는 지역적 살충제 저항성 변이는 바로 이러한 저항성 유전자의 집단간 이동이 적음에 기인된다고 설명되어지게 된다. 역으로 집단간 대립유전자 빈도의 차이가 적으면 도태나 기회적부동(random genetic drift) 또는 동계교배에 기인된 지역적 변이 형성력을 상쇄 시키기에 충분한 집단간 유전적 이동이 진행됨을 의미하게 된다. 이 동위효소를 이용한 유전자 지표는 DNA 유전자 지표에 비해 유전적 변이의 해상도

에 있어서는 떨어지지만, 분석비용이 저렴하고 비교적 시료의 추출과 분석 방법 및 자료 통계 처리 등이 간편하여 널리 이용되고 있다(Loxdale and Lushai, 1998). 예를 들어, 옥수수잎진딧물(*Rhopalosiphum maidis* (Fitch))의 경우 미국의 Illinois집단과 중남부지역 집단간에 몇몇 유전좌위에서 차이를 보여 이들 집단이 유전자 교환이 일어나지 않음을 밝혔다(Steiner et al., 1985). 또 밤나방의 일종인 *Spodoptera exempta* (Walker)는 4,000 km 떨어진 집단간에 6개 유전좌위에서 같은 변이를 일으켜 두 집단은 상호 교잡함을 증명하였다(Den Boer, 1978). 비슷한 결론이 미국과 동북부 멕시코의 *Heliothis virescens* (F.) 두 집단간에도 나타났다(Sluss and Graham, 1979). Pashley (1986)는 11개의 다형을 보이는 동위효소를 이용하여 *Spodoptera frugiperda* (J. E. Smith)의 집단들이 기주에 따라 유전적 변이를 보인다고 증명하였다.

네 가지 다형 동위효소를 이용한 배추좀나방의 집단간 분석에서 각 동위효소에서 상이한 대립유전자 빈도를 보였으며, 특히 *AcpH*나 *G6pdh*는 집단내와 집단간에 뚜렷한 비임의교배가 있음을 나타냈다(Tables 2, 3). 상이한 대립유전자의 존재는 동일하지 않은 환경조건에서 각 대립유전자에 적용되는 도태압이 다르다는 점에서 설명되어진다(Powell, 1971; McDonald and Ayala, 1974). 또 뚜렷한 비임의교배는 이들 집단내 또는 간에 유전분화를 나타내고 있다고 여겨진다. 일반적으로 비임의교배 효과를 Wright (1951)는 F_{IS} , F_{ST} 및 F_{IT} 로 세분하여 설명하였다. F_{IS} 는 소집단내에서 비임의교배로 인하여 나타나는 이형접합자빈도의 저하를 의미한다. F_{ST} 는 소집단간에 교미 고립에 의해 나타나는 이형접합자빈도 감소를 측정하는 수치이다. F_{IT} 는 이상의 두 동계교배를 포함한 값으로 이들은 $(1 - F_{IT}) = (1 - F_{IS})(1 - F_{ST})$ 의 관계를 갖는다. 본 연구에서는 이중 소집단간 분화에 관심을 갖게 됨으로 F_{ST} 에 상응한 집단간 유전분화를 Nei (1978)의 불편추정치 방법으로 측정하게 되었다.

조사된 배추좀나방의 집단간 유전분화는 지역간 상이하였다(Table 4). 즉, 배추좀나방 집단분화는 영천과 양산이 0.0151로 매우 낮았으나 안동과 영천은 0.0877로 타지역의 기존 연구 수치에 비해 높은 경향을 나타냈다. 기존에 실시된 본 연구와 유사한 결과들을 살펴보면, 미국의 하와이 배추좀나방의 경우 지역간 유전변이 정도가 0.028~0.038이었고(Caprio and Tabashnik, 1992), 국내의 배추좀나방의 경우 0.022~0.055이었다(Kim et al., 1999). 또 미토콘드리아 DNA로 분석된 국내집단의 유전거리는

0.003~0.014로 역시 매우 낮은 유전변이를 나타냈다(Kim *et al.*, 2000). 본 연구의 기타 연구와의 뚜렷한 차이점은 월동직후(4월 말~5월 초)의 야외세대를 대상으로 집단간 유전분화를 조사했다는 점이다. 이때 지역간 차이가 크게 나타나는 유전분화는 겨울기간 중의 지역간 상이한 환경조건이 월동세대의 생존력에 차등적으로 작용했다고 사려된다.

높은 이동력을 보유하고 있는 배추좀나방이 집단간 유전적 분화를 억제할 수 있으면서도 어떻게 지역간 살충제 저항성 변이를 보유할 수 있는 지가 이 해충의 집단분석에 주요 관심이다(Caprio and Tabashnik, 1992; Kim *et al.*, 1999). 야외조건에서 나타나는 배추좀나방의 살충제 저항성 변이는(Tabashnik *et al.*, 1987; Lee *et al.*, 1993) 실제 이동이 낮아지면서 지역적 환경 차이에 따른 상이한 도태압이 적용되는 조건 즉 겨울이라는 월동조건이 배추좀나방 집단들에 적용된다고 볼 수 있다. 이러한 조건에서 비로소 유전적 병목현상이 일어날 수 있으며 이에 따라 살충제 처리 변이성이 가미되어 살충제 저항성의 변이를 유발했다는 의미가 된다. 지형면에서 볼 때 안동과 영천이 영천과 양산에 비해 훨씬 더 높은 산맥으로 차단되어 있다는 것을 발견할 수 있다(Fig. 1). 그래서 배추좀나방의 이동을 본다면 영천과 양산 사이가 이동이 쉽다는 것을 알 수 있다. 그리고 지난 10년간 기상자료를 평균하면 안동은 경북 북부에 있으면서 1월 평균기온이 -4.3°C 인 반면, 영천은 -1.8°C 그리고 양산은 2.2°C 으로(AFFIS, <http://weather.affis.or.kr/cl/>) 지역간 온도변화가 위도상으로 나타났다. 배추좀나방에 대한 내한성 연구에 따르면 체내빙결점이 유충은 -14.3°C 이고 용은 -19.2°C 로 보고되었으나(Hayakawa *et al.*, 1988), 비록 동결온도는 아니지만 0°C 에서 노출기간이 길어질수록 생존율이 저하됨을 보고했다(Honda, 1992). 물론 이러한 유전병목 이후 배추좀나방 집단들은 다시 집단 크기의 성장과 돌연변이에 의해 유전변이를 증가시키고(Nei *et al.*, 1975), 배추좀나방 고유의 이동력에 의해 집단간 유전변이를 좁혀가게 될 수 있다.

본 연구는 높은 이동성으로 유전분화가 연중 상쇄되는 배추좀나방의 경우 우리 나라와 같은 온대성 지역에서 부닥치게 될 겨울이라는 환경적 제약에 따라 지역간 유전분화의 발생 소지가 있음을 내포하고 있다. 이러한 가설을 보다 확고히 증명하기 위해 이 해충의 연중 집단의 유전변이와 월동 전후 집단들의 유전변이를 상호 비교하는 연구가 진행되고 있다.

사 사

본 연구를 수행함에 있어 배추좀나방의 채집과 사육에 실질적 도움을 준 강성영군에게 감사드립니다. 이 연구는 부분적으로 농림부에서 시행하는 농림수산특정연구사업에 의해 지원되었다.

Literature Cited

- Ankersmith, G.P. 1953. DDT-resistance in *Plutella maculipennis* (Curt.) (Lep.) in Java. Bull. Entomol. Res. 44: 421-425.
- Black, W.C. and E.S. Krafur. 1985. Electrophoresis analysis of genetic variability in the house fly (*Musca domestica* L.). Biochem. Genet. 23: 193-203.
- Caprio, M.A. and B. Tabashnik. 1992. Allozymes used to estimate gene flow among populations of diamondback moth (Lepidoptera: Plutellidae) in Hawaii. Environ. Entomol. 21: 808-816.
- Crow, J.F. and M. Kimura. 1970. An introduction to population genetics theory. Harper and Row, New York.
- Davis, B.J. 1961. Dis. electrophoresis. Ann. N.Y. Acad. Sci. 121: 404-327
- Den Boer, M.H. 1978. Isoenzymes and migration in the African armyworm, *Spodoptera exempta* (Lepidoptera: Noctuidae). J. Zool. 185: 539-553.
- Falconer, D.S. 1981. Introduction to quantitative genetics, 2nd ed. Longman, New York.
- Georghiou, G.P. and T. Saito. 1983. Pest resistance to pesticides. Plenum Press, New York.
- Hayakawa, H., H. Tsutsui and C. Goto. 1988. A survey of overwintering of the diamondback moth, *Plutella xylostella* Linn., in the Tokachi district of Hokkaido. Ann. Rept. Plant Prot. North Japan 39: 227-228.
- Hillis, D.M. and C. Moritz. 1990. Molecular systematics. pp. 588. Sinauer Associates, MA.
- Honda, K.I. 1992. Hibernation and migration of diamondback moth in northern Japan. pp. 43-50. In Management of diamondback moth and other crucifer pests: proceedings of the second international workshop. [ed. by] N.S. Talekar. Asian Vegetable Research and Development Center. Shanhua, Taiwan.
- Kim, I., J.S. Bae, K.H. Choi, B.R. Jin, K.R. Lee and H.D. Sohn. 2000. Haplotype diversity and gene flow of the diamondback moth, *Plutella xylostella* (L.) (Lepidoptera: Yponomeutidae), in Korea. Korean J. Appl. Entomol. 39: 43-52.
- Kim, M.H. and S.C. Lee. 1991. Bionomics of diamond-back moth, *Plutella xylostella* (Lepidoptera: Plutellidae) in southern region of Korea. Korean J. Appl. Entomol. 30: 169-173.
- Kim, Y. and D. Chang. 1996. Role of general esterases in delta-methrin resistant mechanism of diamondback moth, *Plutella xylostella* (L.). Korean J. Appl. Entomol. 35: 74-79.
- Kim, Y., K. Kim and N. Kim. 1999. Genetic difference of two field populations of *Plutella xylostella* (Linné) (Lepidoptera: Yponomeutidae) measured with four polymorphic allozymes. J. Asia-Pacific. Entomol. 2: 1-5.
- Kimura, M. 1968. Genetic variability maintained in a finite population due to mutational production of neutral and nearly neutral isoalleles. Gent. Res. 11: 247-269.
- Lee, S.C., Y.S. Cho and D.I. Kim. 1993. Comparative study of toxicological methods and field resistance to insecticides in diamondback moth (Lepidoptera: Plutellidae). Korean J. Appl.

- Entomol. 32: 323~329.
- Liu, M.Y., Y.J. Tzeng and C.N. Sun. 1982. Insecticide resistance in the diamondback moth. *J. Econ. Entomol.* 75: 153~155.
- Loxdale, H.D. and G. Lushai. 1998. Molecular markers in entomology. *Bull. Entomol. Res.* 88: 577~600.
- McDonald, J.F. and F.J. Ayala. 1974. Genetic response to environmental heterogeneity. *Nature* 250: 572~574.
- Nei, M., T. Maruyama and R. Chakraborty. 1975. The bottleneck effect and genetic variability in populations. *Evolution* 29: 1~10.
- Nei, M. 1978. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics* 89: 583~590.
- Pashley, D.P. 1986. Host associated genetic differentiation in fall armyworm (Lepidoptera: Noctuidae): A sibling species complex? *Ann. Entomol. Soc. Am.* 79: 898~904.
- Pering, F.S., M.C. Yao, C.F. Hung and C.N. Sun. 1988. Teflubenzuron resistance in diamondback moth. *J. Econ. Entomol.* 8: 1277~1282.
- Powell, J.R. 1971. Genetic polymorphisms in varied environments. *Science* 174: 1035~1036.
- Sluss, T.P. and H.M. Graham. 1979. Allozyme variation in natural populations of *Heliothis virescens*. *Ann. Entomol. Soc. Am.* 72: 317~322.
- Shelton, A.M. and J.A. Wyman. 1992. Insecticide resistance of diamondback moth in North America. pp. 447~454. *In Management of diamondback moth and other crucifer pests: proceedings of the second international workshop*. ed. by N.S. Talekar. Asian Vegetable Research and Development Center, Shanhua, Taiwan.
- Steiner, W.W.M., D.J. Voegtlin and M.E. Irwin. 1985. Genetic differentiation and its bearing on migration in North American populations of the corn leaf aphid. *Rhopalosiphum maidis* (Fitch) (Homoptera: Aphididae). *Ann. Entomol. Soc. Am.* 78: 518~525.
- Sudderruddin, K.I. and P.F. Kok. 1978. Insecticide resistance in *Plutella xylostella*. 1. Collected from the Cameron highlands of Malaysia. *FAO Plant Prot. Bull.* 26: 53~57.
- Sun, C.N., H. Chi and H.T. Feng. 1978. Diamondback moth resistance to diazinon and methomyl in Taiwan. *J. Econ. Entomol.* 71: 551~554.
- Tabashnik, B.E., N.L. Cushing, N. Fison and M.W. Johnson. 1990. Field development of resistance to *Bacillus thuringiensis* in diamondback moth (Lepidoptera: Plutellidae). *J. Econ. Entomol.* 83: 1671~1676.
- Tabashnik, B.E., N.L. Cushing and M.W. Johnson. 1987. Diamondback moth (Lepidoptera: Plutellidae) resistance to insecticides in Hawaii: intransland variation and cross-resistance. *J. Econ. Entomol.* 80: 1091~1099.
- Talekal, N.S. and T.D. Griggs. 1986. Diamondback moth management proc. 1st International workshop, Tainan, Taiwan. 11-15, March 1985. AVRDC, shanhua, Taiwan.
- Weir, B.S. and C.C. Cockerham. 1984. Estimating F-statistics for the analysis of population structure. *Evolution* 38: 1358-1370.
- Wright, S. 1951. The genetical structure of populations. *Annu. Eugen.* 15: 323~354.
- Wright, S. 1978. *Evolution and the genetics of populations*. Vol. 4: Variability within and among natural populations. University of Chicago Press, Chicago.

(Received for publication 29 June 2000; accepted 4 July 2001)