

세계 14지역 계통에 대한 초파리 미토콘드리아 DNA의 다형현상

김 봉 기

동경도립대학 이학부 생물학과

*Drosophila melanogaster*의 세계14지역 계통으로부터 mitochondrial DNA (mtDNA)를 추출하여, 제한 효소에 의하여 mtDNA종내 변이를 조사하였다.

그 결과, site variation(HpaII와 HaeIII 및 ScaI효소)과 length variation(최대 550bp)이 나타났다. 또한 6종류(M1, M2, M3, M4, M6 및 M7)의 mtDNA genotype이 검출되었으며, 종내 평균 염기 치환율은 1.88%로써 낮은 지역분화(low divergence)를 나타내었다. 그러나 일본의 Ogasawara계통의 M5 type은 본 연구에서는 검출되지 않았다. 이처럼 지역 계통간의 낮은 지역 분화는 세계 14지역 계통의 *D. melanogaster*가 최근에 소수의 개체로부터 확산되었기 때문에 집단전체에 아직 충분한 mtDNA변이가 축적되지 않았거나 혹은 지리적 격리가 충분함에도 불구하고 지역 계통간에 빈번한 migration이 일어났기 때문에 mtDNA의 지역분화가 방해되지 않은 것으로 추정된다.

KEY WORDS: *Drosophila melanogaster*, Mitochondrial DNA, Low divergence, Migration.

최근에 mitochondrial DNA(mtDNA)분석의 장점을 이용하여 분자 진화를 연구하고 있으며 (Ferris *et al.*, 1981; Powell, 1983; Solignac *et al.*, 1986), 제한 효소의 인식에 의한 mtDNA염기의 유효성과 mtDNA가 모성유전하기 때문에 mtDNA는 종내와 종간의 계통관계를 추정하는데 유용한 도구로써 평가되고 있다. 그러나, mtDNA의 유전에 부계의 관여 여부에 대하여서는 아직도 불확실하여 최근에는 핵분석의 결과와 병행하여 종의 유연관계를 추정하고 있다.

고등동물의 mtDNA연구결과 근연종간과 종내의 변이가 높은 율로써 나타나, 단일 copy 핵 DNA보다 mtDNA가 확실히 더 빠른 율로써 진화한다는 것을 시사하고 있다(Brown and Simpson, 1981; Avise and Lansman, 1983). 종간에서의 돌연변이의 빠른 축적에도 불구하고 개체내의 mtDNA의 변이는 낮게 혹은 전혀 검출되지 않는다. 종간과 종내변이 정도는 유전적 다형성을 나타내는 돌연변이율과 분화를 감소시키는 germ cell내에서의 염기치환의 결실과 고정에 의하여 좌우된다. 그러나, 이 결실 혹은 고정은 높

은 빈도로 일어나는 length variation의 원인이며 (Harrison *et al.*, 1985; Densmore *et al.*, 1985), 이 length variation은 종간에서 독립적으로 일어난다고 생각된다. *Drosophila* mtDNA에서의 뚜렷한 특징은 A+T(adenine and thymine)-rich region이 존재하고 있는 것인데, 이것은 *D. melanogaster* mtDNA를 열변성한 결과에 의하여 처음으로 관찰되었다(Bultmann and Laird, 1973). *Drosophila*에서의 length variation은 거의가 A+T-rich region에 의한 것이며 (Shah and Langley, 1979; Solignac *et al.*, 1986), 개체에서의 작은 length variation도 보고되었다(Mounolou *et al.*, 1984).

Cho 등(1988)과 Kim과 Choo(1988)는 한국과 일본의 *D. melanogaster* 지역 계통에 대한 mtDNA의 종내 변이를 조사한 결과, A+T-rich region에 의한 370bp의 length variation과 HpaII(일본집단에서만), HaeIII와 ScaI에서 site variation이 나타났으며, 종내 평균 염기 치환율이 각각 0.34%와 2.2%로 나타나 거의 지역분화가 없다고 보고하였다. 그러나, 이 분석

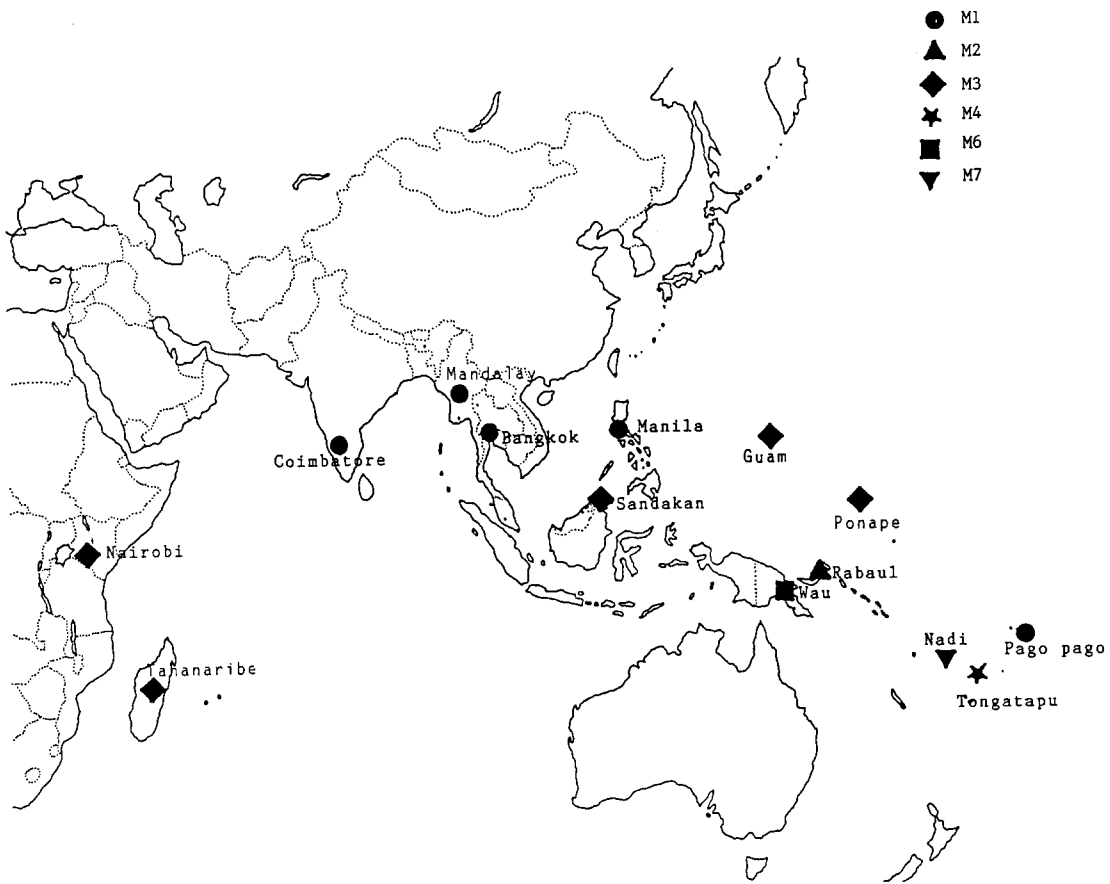


Fig. 1. Geographic distribution and estimated composite genotype of mtDNA in *D. melanogaster*.

이 한국과 일본에 국한되어 있어 *D. melanogaster*의 종내 변이율이 낮다고 결론 내릴 수 없으며, 또한 현재까지 세계집단의 mtDNA변이에 대하여 보고된 바 없어 *D. melanogaster*의 세계집단의 유래에 대한 것도 알 수가 없다.

본 연구에서는 세계 14지역 계통의 mtDNA변이를 조사하여, mtDNA genotype의 지리적 구조 분석과 세계집단의 유래에 대하여 조사하였다.

재료 및 방법

*D. melanogaster*는 일본 문부성 과학 연구비 보조금 해외 학술조사(대표: Kitagawa Osamu교수)에 의하여 1979-1982년까지 채집하여 18°C사

육실에서 계통유지되어 온 14 strains; Pago pigo(Am. Samoa), Tongatapu(Tonga), Nadi(Fiji), Wau(Papua New Guinea), Ponape(Caroline Is.), Guam(U.S.A.), Tananarive(Madagascar), Sandakan(Malaysia), Nairobi(Kenya), Bangkok(Thailand), Coimbatore(India), Manila(Philippine), Rabaul(New Guinea), mandalay(Burma)의 isofemale line을 본 실험의 재료로 사용하였다(Fig. 1). mtDNA추출은 SDS-Phenol법에 의하여 추출하였으며(Kim and Choo, 1988), 제한효소는 4염기 인식효소로 HpaII (CCGG)와 HaeIII (GGCC), 6염기 인식효소로 PvuII (CAGCTG), XhoI (CTCGAG), SacI (GAGCTC), EcoRI (GAATTC), HindIII (AAGCTT), ScaI (AGTACT), XbaI (TCTAGA), PstI (CTGCAG)

Table 1. Site type and genotype in geographic strains of *D. melanogaster*.

	HpaII	HaeIII	PvuII	XhoI	SacI	EcoRI	HindIII	ScaI	XbaI	PstI	BglII	Genotype
World												
Pago pago	a	a1	a	a	a	a	a	b1	a	a	a	M1
Bangkok	a	a1	a	a	a	a	a	b1	a	a	a	M1
Coimbatore	a	a1	a	a	a	a	a	b1	a	a	a	M1
Manila	a	a1	a	a	a	a	a	b1	a	a	a	M1
Mandalay	a	a1	a	a	a	a	a	b1	a	a	a	M1
Rabaul	a	a2	a	a	a	a	a	b1	a	a	a	M2
Ponape	a	a1	a	a	a	a	a**	b2	a	a	a	M3
Guam	a	a1	a	a	a	a	a	b2	a	a	a	M3
Tananarive	a	a1	a	a	a	a	a*	b2	a	a	a	M3
Sandakan	a	a1	a	a	a	a	a**	b2	a	a	a	M3
Nairobi	a	a1	a	a	a	a	a	b2	a	a	a	M3
Tongatapu	a	a2	a	a	a	a	a*	b2	a	a	a	M4
Wau	a	a3	a	a	a	a	a	b1	a	a	a	M6
Nadi	a	a3	a	a	a	a	a	b1	a	a	a	M7

Length variation: maximum 550bp(*; 5.53Kbp, **; 5.63Kbp, the other; 5.08Kbp)

과 BglII (AGATCT) 등 총 11종류를 사용하였으며, 전기 영동은 0.7-1% agarose gel을 사용하였다. 영동 후 EtBr로 1시간 염색하여 단파장의 UV조사에 의하여 사진촬영(Polaroid 667 film)하였다. mtDNA genotype간의 염기치환율은 11종류의 제한효소에 의한 restriction map(Choo *et al.*, 1988)을 비교하여 Nei와 Li(1979)의 식에 의하여 계산하였으며, cluster분석은 Sneath와 Sokal(1973)의 unweighted pair-group method(UPGMA)에 의하여 분석하였다.

결 과

*D. melanogaster*의 세계 14지역 계통의 mtDNA를 11종류의 제한효소를 사용하여 종내변이를 조사한 결과, site variation과 length variation이 나타났다. Site variation은 11종류의 제한효소 중 HpaII, HaeIII와 ScaI에서 나타났다(Table 1). HpaII에서 a와 b type이 검출되었는데, a type은 9.9kbp, 3.7Kbp, 3.2Kbp와 1Kbp의 4 fragments를, b type은 site의 소실에 의하여 9.9Kbp, 3.7Kbp와 3.2Kbp의 3 fragments가 16.8Kbp의 하나의 fragment로 나타난 것으로 Nadi계통에서 검출되었다. HaeIII에서 a1, a2와 a3 type이 검출되었다. a1 type은 9.0Kbp,

6.2Kbp와 3.7Kbp의 3 fragments를 나타내고 Pago pago, Ponape, Guam, Tananarive, Sandakan, Nairobi, Bangkok, Coimbatore, Manila와 Mandalay의 계통에서 검출되었다. a2 type은 하나의 site획득에 의하여 a1 type의 6.2Kbp의 fragment가 5.4Kbp와 0.8Kbp로 나누어졌으며, Tongatapu와 Rabaul계통에서 나타났다. a3 type은 하나의 site소실에 의하여 a1 type의 9.0Kbp와 6.2Kbp가 15.2Kbp의 fragment로 나타나 Nadi와 Wau계통에서 검출되었다. ScaI에서는 b1과 b2 type이 검출되었다. b1 type이 9.4Kbp, 7.9Kbp와 1.6Kbp의 3 fragments를 나타내어 Pago pago, Nadi, Wau, Bangkok, Coimbatore, Manila, Rabaul과 Mandalay계통에서 검출되었다. b2 type은 하나의 site소실에 의하여 b1 type의 7.9Kbp와 1.6Kbp가 9.5Kbp의 fragment로 나타나 Tongatapu, ponape, Guam, Tananarive, Sandakan과 Nairobi계통에서 검출되었다.

*D. melanogaster*의 mtDNA를 HindIII로 절단하면 4 fragments가 나타나는데, 2번째 fragment가 A+T-rich region을 포함하고 있다는 것은 앞의 논문에서 보고하였다(Choo *et al.*, 1988; Kim and Choo, 1988). 2번째 HindIII fragment의 분자량을 *D. melanogaster*의 세계 14지역 계통에서 분석한 결과, Tongatapu와 Tananarive계통이

Table 2. Estimates of nucleotide divergence and shared sites between mtDNA types in *D. melanogaster*.

Composite morph	M1	M2	M3	M4	M6	M7
M1	(8 24)	0.0041	0.0027	0.0069	0.0191	0.0563
M2	7 24	(7 24)	0.0069	0.0028	0.0141	0.0482
M3	8 23	7 23	(8 23)	0.0042	0.0222	0.0601
M4	7 23	7 23	7 23	(7 23)	0.0171	0.0520
M6	5 24	5 24	5 23	5 23	(6 24)	0.0223
M7	2 24	2 24	2 23	2 23	3 24	(4 24)

Average substitution rate: 0.0188.

5.53Kbp, Ponape와 Sandakan계통이 5.63Kbp, 4계통을 제외한 나머지 계통은 5.08Kbp의 fragment를 갖고 있었다. 따라서, 최대 550bp의 length variation이 검출되었으며, 이 length variation이 mtDNA genome내의 A+T-rich region에 의하여 나타나는 것에 대하여서는 앞의 논문(Choo *et al.*, 1988; Kim and Choo, 1988)에서 보고하였다.

11종류의 제한효소의 site type에 의하여 세계 14지역 계통의 genotype을 조사한 결과, 6종류의 mtDNA genotype이 검출되었다. M1 type이 Pago pago, Bangkok, Coimbatore, Manila와 Mandalay, M2 type이 Rabaul, M3 type이 Ponape, Guam, Tananarive, Sandakan과 Nairobi, M4 type이 Tongatapu, M6 type이 Wau, M7 type이 Nadi계통에서 나타났다. 그러나, 일본의 Ogasawara계통에서 검출된 M5 type은 본 실험에서는 검출되지 않았다. 각 genotype과 지리적 분포와의 관계를 Fig. 1에 나타내었다. 분석결과 검출된 6종류의 genotype간에서는 뚜렷한 지역적 분화의 경향은 볼 수 없었다.

제한효소 절단 인식부위의 차이로부터 mtDNA genotype간의 공유하는 site수와 Nei와 Li(1979)에 의하여 추정된 염기치환율은 Table 2에 나타내었다. 6종류의 mtDNA genotype간에서는 염기치환율이 0.27%와 6.01%사이이었다. 또한 *D. melanogaster*의 세계 14지역 계통의 종내 평균 염기치환율은 1.88%로써, 낮은 지역분화를 나타내었다. 염기치환율을 Sneath와 Sokal (1973)의 UPGMA법에 의하여 cluster분석한 결

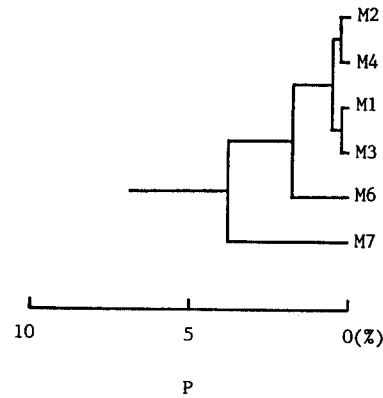


Fig. 2. The dendrogram of *D. melanogaster* derived by the UPGMA method from the nucleotide divergence matrix.

과를 Fig. 2에 나타내었다. 그 결과 M1, M2, M3와 M4가 하나의 cluster를 형성하였으며, M6과 M7은 이 cluster로부터 떨어져 약간의 분화를 나타내었다.

고찰

포유류의 근연종간에서 보인 것처럼 mtDNA의 염기치환율이 시간의 흐름과 비례한다면 동일종이라도 지리적으로 격리된 계통간에서는 mtDNA분화가 생기리라고 기대된다. 그러나, 세계 14지역 계통에 대하여 mtDNA genotype의 지리적 분포를 조사한 결과, genotype간의 뚜렷한 지역적 분화는 보이지 않고 종내 평균 염기치환율도 낮게 나타났다. 또한 세계적으로 빈도가

높은 type이 고정되어 있기 때문에 mtDNA변이만으로 볼 때 세계의 *D. melanogaster* 집단은 하나의 큰 집단이라고 생각된다. 이와 같이 지역계통간의 분화가 검출되지 않은 이유로서 생각할 수 있는 것은 다음의 3가지를 들 수 있다. 첫째, 분석한 제한효소 인식 부위의 수가 적기 때문에 다른 mtDNA type을 구별할 수 있는 능력이 부족하였다. 즉, 더 많은 종류의 제한효소를 사용하였다면 인식 site의 차에 의하여 서로 다른 type으로 분류될 수 있는 복수의 mtDNA type을 하나의 type으로 하였기 때문에 다형의 정도를 과소평가하고 있다. 둘째, 집단 자체가 비교적 근년에 소수의 개체로부터 확산하였기 때문에 집단 전체에 충분한 양의 mtDNA변이가 축적되어 있지 않다. 즉, 지역적 분화가 나타나는 시간(혹은 세대수)이 부족하다. 셋째, 지리적 거리가 충분함에도 불구하고 지역 계통간에서 빈번한 이주가 일어나고 있다.

mtDNA type을 분류할 때 사용한 인식 site수는 4염기 인식 효소에서는 평균 6.7 sites, 6염기 인식 효소에서는 평균 23.7 sites이었다. 따라서 관찰한 염기수는 169bp정도로 *D. melanogaster* mtDNA genome의 9%에도 해당되지 않는다. 좀 더 많은 수의 제한효소를 사용하거나 혹은 염기 배열 그 자체를 결정하면 이 연구에서 검출된 mtDNA type이 좀 더 세분화되지 않을까 예상된다. 그러나, 사용한 11종류의 제한효소 중 3종류의 제한효소의 인식부위에서 다형이 검출되어 세계 14지역에서 mtDNA type수가 6종류나 검출되었다. 따라서 단형적으로 평가되었다고는 볼 수 없어, 첫번째 이유에 의한 것이라고는 볼 수 없다.

지역 계통간에서 mtDNA변이의 정도에 차가 없다는 현상은 쥐(Avise *et al.*, 1979), 사람(Brown, 1980), 개구리(Spolsky and Uzzell, 1984), 물고기(Wilson *et al.*, 1985) 및 새(Tegelström, 1987)에서 보고되어 있다. 사람의 경우에 집단전체의 평균 염기치환율이 0.36%로써 낮아 개체간에서 mtDNA분화가 진행되고 있지 않다는 것을 나타내고 있다. 이 결과에 대하여 Brown(1980)은 두번째 이유에 의하여 이와 같은 결과가 나타났다고 해석하고 있다. 이것에 비하

여 지역 계통간의 차가 현저하게 나타난 쥐(*Geomys pinetis*)의 예에서는 개체간의 평균 염기치환율이 1.8%로써 사람의 그것에 비하여 약 5배로써 높게 나타났다. 본 연구에서는 *D. melanogaster* 세계 집단의 평균 염기치환율이 1.88%로써 쥐의 결과와 비슷하나 M7을 제외하면 쥐의 결과보다 훨씬 낮아 두번째의 가능성도 부정할 수 없다. 사람, 쥐와 *Drosophila*에서 1세대 길이가 틀리기 때문에 이 값으로부터 종의 분화시간(bottleneck을 통과한 후로부터 현재까지의 시간)을 논하는 것이 불가능하나, 지역 계통간에서의 mtDNA분화를 검출하는 것의 지표는 될 수 있다고 생각된다.

*D. melanogaster*는 인가에 서식하고 있어, 인간 생활에 밀착된 생태적 환경을 고려하여 보면, *D. melanogaster*가 사람의 이동과 같이 각 지역간으로 운반되는 기회가 비교적 많다고 생각된다. 따라서 세번째 이유에 의하여 *D. melanogaster*의 세계 14지역 계통에서 낮은 분화가 생겼을 가능성이 가장 크다고 생각된다.

mtDNA는 부등교차와 gene recombination이 일어나지 않기 때문에 mtDNA의 변이가 생기는 기구로써는 오직 돌연변이 뿐이라고 알려져 있다. gene recombination이 일어나지 않은 것에 대하여는 일본 집단의 mtDNA종내변이를 조사하여 Kim과 Choo(1988)가 보고하였다. 본 연구에서 세계 14지역 계통의 mtDNA종내변이를 조사한 결과, HpaII에서 2종류, HaeIII에서 3종류, ScaI에서 2종류가 검출되어 12종류의 다형이 예상되나 Table 1과 같이 6종류밖에 검출되지 않아 mtDNA는 gene recombination이 일어나지 않는 완전한 모성 유전을 하고 있다는 것이 재확인 되었다.

*Drosophila*의 mtDNA genome에 A+T-rich region이 존재하고 있다는 것이 열변성에 의하여 처음으로 확인된 후(Bultmann and Laird, 1973), 부분적인 열변성에 의한 전자 현미경 관찰로 인하여 *Drosophila* 39종에 A+T-rich region이 존재하고 있다는 것이 밝혀져(Fauron and Wolstenholme, 1976), 이 A+T-rich region은 현재 초파리에만 존재하는 것으로 알려져 있다.

전 genome의 length variation이 아닌 경우, *Drosophila*의 length variation은 거의가 이 A+T-rich region에 의한 것이다(Shah and Langley, 1979; Solignac *et al.*, 1986). 그러나 A+T-rich region을 절단하는 적당한 제한 효소가 없어 이 영역을 분석하지 못하였는데 Solignac *et al.* (1987)이 *Drosophila melanogaster* subgroup 8종의 A+T-rich region을 HpaI과 AccI의 제한 효소를 사용하여 조사한 결과 470bp sequence가 일정하게 반복되어 A+T-rich region이 협조진화(concerted evolution : 하나의 다중 유전자속에 속하는 유전자는 같은 종내에서는 같은 양상으로 변하는 것)하고 있다고 추정하고 있으나, *D. melanogaster*에서는 470bp sequence가 검출되지 않았다고 보고하고 있다.

Choo 등 (1988)과 Kim과 Choo (1988)는 한국 집단과 일본 집단의 mtDNA종내변이를 조사한 결과 A+T-rich region에 의하여 370bp의 length variation이 나타났다고 보고하였다. 세계 14지역 계통간에서도 A+T-rich region에 의하여 최대 550bp의 length variation이 나타나 지금까지 보고된 결과와 일치하고 있다. A+T-rich region내에는 복제 개시점이 존재하고 있기 때문에 mtDNA복제 기구와 length variation과의 관계에 대한 연구가 중요하다고 생각된다.

이상으로 *D. melanogaster*의 세계 14지역 계통의 mtDNA종내 변이율은 1.88%로써 뚜렷한 지역분화는 볼 수 없었다. 이러한 결과는 세계 14지역 계통의 *D. melanogaster*가 최근 소수의 개체로부터 확산되었기 때문에 집단 전체에 아직 충분한 mtDNA변이가 축적되지 않았을 가능성도 있으나, 이 초파리는 cosmopolitan 및 인가성의 초파리으로써 인간에 의한 빈번한 이주 때문에 mtDNA의 지역분화가 방해되지 않았나 추정된다.

인용문헌

- Avise, J. C., C. Giblin-Davidson, J. Laerm, J. C. Patton, and R. A. Lansman, 1979. Mitochondrial DNA clones and matrilineal phylogeny within and among geographic population of the pocket gopher, *Geomys pinetis*. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.* **76**:6694-6698.
- Avise, J. C. and R. A. Lansman, 1983. Polymorphism of mitochondrial DNA in populations of higher animals. In: Evolution of genes and proteins (Nei M. and R. K. Koehn, ed.), pp. 147-167. Sunderland, Massachusetts: Sinauer.
- Brow, W. M., 1980. Polymorphism in mitochondrial DNA of humans as revealed by restriction endonuclease analysis. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.* **77**:3605-3609.
- Brown, G. G. and M. V. Simpson, 1981. Intra- and interspecific variation of the mitochondrial genome in *Rattus norvegicus* and *Rattus rattus*: restriction enzyme analysis of variant mitochondrial DNA molecules and their evolutionary relationships. *Genetics* **97**:125-143.
- Bultmann, H. and C. D. Laird, 1973. Mitochondrial DNA from *Drosophila melanogaster*. *Biochim. Biophys. Acta.* **299**:196-209.
- Choo, J. K., J. K. Choi, and B. K. Kim, 1988. Studies on intraspecific variation of mitochondrial DNA in Korean natural populations of *Drosophila melanogaster*. *Kor. J. Genet.* **10**:7-16.
- Densmore, L. D., J. W. Wright, and W. M. Brown, 1985. Length variation and heteroplasmy are frequent in mitochondrial DNA from parthenogenetic and bisexual lizards (Genus *Cnemidophorus*). *Genetics* **110**:689-707.
- Fauron, C. M. R. and D. R. Wolstenholme, 1976. Structural heterogeneity of mitochondrial DNA molecules within the genus *Drosophila*. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.* **73**:3623-3627.
- Ferris, S. D., A. C. Wilson, and W. M. Brown, 1981. Evolutionary tree for apes and humans based on cleavage maps of mitochondrial DNA. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.* **78**:2432-2436.
- Harrison, R. G., D. M. Rand, and W. C. Wheeler, 1985. Mitochondrial DNA size variation within individual crickets. *Science* **228**:1446-1448.
- Kim, B. K. and J. K. Choo, 1988. Polymorphism in mitochondrial DNA of *Drosophila* as revealed by restriction endonucleases. *J. Genet. Engin.*, Chungang Univ. (in press).
- Mounolou, J. C., M. Monnerot, and M. Solignac, 1984. Génétique mitochondriale de la *Drosophile*. In: 4ème Ecole Franco-Africaine de biologie moléculaire. (Ben Hamida, F., ed.) Agence de Coopération Culturelle et Technique, Paris, p. 183.
- Nei, M. and W. H. Li, 1979. Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.* **76**:5269-5273.

Avise, J. C., C. Giblin-Davidson, J. Laerm, J. C. Patton, and R. A. Lansman, 1979. Mitochondrial DNA clones and matrilineal phylogeny within and among geographic population of the pocket gopher,

- Powell, J. R., 1983. Interspecific cytoplasmic gene flow in the absence of nuclear gene flow: evidence from *Drosophila*. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* **80**:492-495.
- Shah, D. M. and C. H. Langley, 1979. Electron microscope heteroduplex study of *Drosophila* mitochondrial DNAs: evolution of A+T rich region. *Plasmid* **2**:69-78.
- Sneath, P. H. A. and R. R. Sokal, 1973. Numerical taxonomy. WH Freeman, San Francisco.
- Solignac, M., M. Monnerot, and J. C. Mounolou, 1986. Mitochondrial DNA evolution in *melanogaster* species subgroup of *Drosophila*. *J. Mol. Evol.* **23**:31-40.
- Solignac, M., M. Monnerot, and J. C. Mounolou, 1987. Concerted evolution of sequence repeats in *Drosophila* mitochondrial DNA. *J. Mol. Evol.* **24**:53-60.
- Spolsky, C. and T. Uzzell, 1984. Natural interspecies transfer of mitochondrial DNA in amphibians. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.* **81**:5802-5805.
- Tegelström, H., 1987. Genetic variability in mitochondrial DNA in a regional population of the Great Tit (*Parus major*). *Bioche. Genet.* **25**:95-110.
- Wilson, A. C., R. L. Cann, S. M. Carr, M. George, U. B. Gyllensten, K. M. Helm-Bychowski, R. G., Higuchi, S. R. Palumbi, E. M. Prager, R. D. Sage, and M. Stoneking, 1985. Mitochondrial DNA and two perspectives on evolutionary genetics. *Biol. J. Linn. Soc.* **26**:375-400.

(Accepted June 30, 1988).

**Mitochondrial DNA polymorphism in Fourteen Geographical Strains of
*Drosophila melanogaster***

Bong Ki Kim (Department of Biology, Faculty of Science, Tokyo Metropolitan University,
Tokyo 158, Japan)

Restriction endonucleases were used to search for intraspecific variation at 32 cleavage sites in mitochondrial DNA(mtDNA) purified from fourteen strains of *Drosophila melanogaster* belonging to different localities of the world.

mtDNA of *D. melanogaster* was displayed site variation(HpaII, HaeIII and Scal endonucleases) and length variation(maximum 550bp). Six genotypes, M1, M2, M3, M4, M6 and M7, could be distinguished based on the site types with a low average of intraspecific substitution rate (1.88%), but M5 type of Ogasawara strain in Japan was not detected in this study.

A possible explanation for the low divergence was that mtDNA variation of fourteen strains in *D. melanogaster* could not be accumulated sufficiently owing to recent divergence of few individuals, and that sequence divergence was prevented by frequent migration in spite of the geographical isolation.