

B2

미토콘드리아 DNA의 COI 유전자를 이용한 늦반딧불이  
*Pyrocoelia rufa* (딱정벌레목: 반딧불이과)의 유전적 지역 특이성

이상철 · 배진식 · 김익수 · 진병래 · 김종길<sup>1</sup> · 김근영<sup>1</sup> · 김삼은<sup>1</sup> ·

Hirobumi Suzuki<sup>2</sup> · 이상몽<sup>3</sup> · 손홍대

동아대학교 생명자원과학부, <sup>1</sup>농업과학기술원 잠사곤충부,

<sup>2</sup>Department of Natural History, Tokyo Metropolitan University,

<sup>3</sup>밀양대학교 잠사곤충생물학과

늦반딧불이 (*Pyrocoelia rufa*)의 미토콘드리아 DNA중 COI 유전자 일부 (403 bp)의 염기서열을 이용하여 집단의 유전구조를 파악하기 위하여 본 연구를 수행하였다. 국내 13개 지역과 일본의 대마도로부터 채집한 총 107 늦반딧불이 개체에 대해 COI 유전자를 분석한 결과, 20개의 haplotype을 얻었으며 이들의 염기분화율은 0.2%~5.5%였다. PAUP, PHYLIP 및 networks 분석 결과, 조사 지역 내의 늦반딧불이는 제주도를 제외한 전 지역에서 발견된 14개의 haplotype을 포함하는 Clade A와 제주도 지역에서만 발견된 6개의 haplotype을 포함하는 Clade B의 두 가지 그룹으로 나누어 졌으며, 이들 두 그룹은 최소 3.7%의 염기분화율을 나타내었다. 계층적 유전분석 결과에서는 통계적으로 매우 유의한 정도의 유전적 거리를 나타내며 네 개의 지리적 그룹으로 나누어 졌다. 용인, 보령, 춘천 및 고흥을 포함하는 그룹 I과 남해, 부산, 청송 및 평창을 포함하는 그룹 II 사이에는 “백두대간”의 지리적 장벽에 의해 구분되어진 것으로 보인다. 그룹 III는 그룹 I, II와 분리된 제주도의 북제주와 서귀포를 포함하였다. 또 그룹 IV는 그룹 I, II, III과 분리된 거제도과 대마도 지역을 포함하였다. 이들 그룹 III과 IV는 “섬”이라는 지리적 격리에 의해 각 그룹 사이에 유전자 이동이 제한된 결과인 것으로 추측된다.