미토콘드리아 DNA 염기서열을 이용한 한국 및 일본에 서식하는 *Hotaria* 속 반딧불이 종간의 유전적 분화

배진식, 김익수, 진병래, 김종길[1], 김근영[1], 김삼은[1],
Hirobumi Suzuki[2], 이상몽[3], 손흥대
동아대학교 생명자원과학부, [1]농업과학기술원 잠사곤충부,
[2]Department of Natural History, Graduate School of Science,
Tokyo Metropolitan University, [3]밀양대학교 잠사곤충생물학과

본 연구는 국내에 서식하는 운문산반딧불이 (*Hotaria unmunsana*), 파파리반딧불이 (*Hotaria papariensis*) 및 일본의 *Hotaria tsushimana*와 *Hotaria parvula* 등 4종의 *Hotaria* 속 반딧불이 종간의 유전적 분화 및 계통분류학적 관련을 파악하고자 하였다. 이를 위하여 mtDNA의 COI 유전자 일부 (403bp)의 염기서열을 분석하였으며 아울러 이들과 동일 아과 (Luciollinae)에 속해있는 국내의 대표적인 반딧불이 종인 애반딧불이 (*Luciola lateralis*)와 일본의 대표적인 반딧불이 종인 겐지반딧불이 (*Luciola cruciata*)의 동일 부위 염기서열을 계통분류학적 분석시 outgroup으로 사용하였다. 4종 간의 COI 유전자의 염기서열과 COI 유전자의 아미노산 분화정도를 비교한 결과, 운문산반딧불이, 파파리반딧불이 그리고 *H. tsushimana*의 3종과 *H. parvula* 사이에서는 10.2-11.9% (41-48bp)의 다소 큰 염기서열 차이를 나타내어 *H. parvula*와 다른 세종 간에 기존의 분류학적 위치를 확인하였으나 운문산반딧불이, 파파리반딧불이 그리고 *H. tsushimana*의 3종 사이에서는 4.2-5.7% (17-23bp)의 낮은 염기서열 차이를 나타내었으며 이는 본 연구에서 분석한 동일 종 내의 염기서열 분화 결과 중 운문산반딧불이가 4.2% (17bp), *H. tsushimana*가 5.5% (22bp)인 것과 별 차이가 없었다. COI 유전자의 아미노산 분화에 있어서는 이 세 종이 모두 동일하게 나타났으며 이들과 *H. parvula* 사이에는 2.2% (3aa)의 분화율이 존재하였다. 이러한 결과는 PAUP과 PHYLIP에 의한 계통분류학적 분석 결과에서도 나타나 운문산반딧불이, 파파리반딧불이 그리고 *H. tsushimana*의 3종의 반딧불이는 강력한 계통그룹을 형성하였으며 *H. parvula*는 이들로부터 분리되어 유전적으로 이질적임을 나타내었다. 본 연구에서의 이러한 결과로 미루어 운문산반딧불이, 파파리반딧불이 그리고 *H. tsushimana*의 3종은 동일 종일 가능성이 매우 높은 것으로 나타나 이 부분에 대한 종합적인 분류학적 검토가 요망되는 실정이다.