

단백질 분석을 기초로한 *Cordyceps*속 동충하초의 분류

성재모* · 이현경 · 유영진 · 최영상 · 김상희 · 김용욱 · 성기호

강원대학교 자원생물환경학부 균학실험실

Classification of *Cordyceps* Species Based on Protein Banding Pattern

Jae-Mo Sung*, Hyun-Kyung Lee, Young-Jin Yoo, Young-Sang Choi,
Sang-Hee Kim, Yong-Ook, Kim and Gi-Ho Sung

Department of Biological Environment, Mycology Lab., Kangwon National University,
Chuncheon 200-701, Korea

ABSTRACT: In order to find relationship within and between entomopathogenic species, analysis of protein band pattern in mycelia of 25 isolates was conducted by UPGMA. The results allowed differentiation of three groups on 85% similarity coefficient. Similarity coefficient within *C. militaris* was 0.787-1.000, *C. kyushuensis* was 0.958-1.000 and *C. pruinosa* was 0.993-1.000. C 210 and C298 isolates which had somewhat immersed perithecia, comparable to other *C. militaris* isolates, had 91% similarity. C108, C225-1 and C228 isolates pathogenic on Lepidopterous larvae had 89% similarity. Closely related species to *C. militaris* were *C. kyushuensis* and *C. pruinosa*. And similarity between *C. pruinosa* and *C. kyushuensis* was 88%. Similarity between *C. bifusispora* formed conidia on media and *Paecilomyces tenuipes* was 89%. *C. scarabaeicola* pathogenic specifically on adult Scarabaeidae had 82% similarity with above two species. C118 identified as *C. militaris* showed different protein banding patterns.

KEYWORDS: *Cordyceps bifusispora*, *C. kyushuensis*, *Cordyceps militaris*, *C. pruinosa*, *Paecilomyces tenuipes*, Entomopathogenic species, Protein banding pattern, Similarity coefficient

곤충을 침입하여 기주를 치사에 이르게 하고 죽은 기주의 충체위에 자실체를 형성하는 동충하초는 균의 분류학상 거의 모든 균강에 걸쳐 분포하나 대부분의 곤충기생성 동충하초는 접합균강(Zygomycetes)의 Entomophthorales목, 자낭균강(Ascomycetes)의 Clavicipitales목, Laboulbeniales목, 불완전균강(Deuteromycetes)의 Moniliales목에 포함된다(Tanada, 1993).

동충하초는 AD 800년경 서양서에 최초로 기록된 이래 현재까지 전 세계적으로 800여종이 보고되고 있다(Arora, 1991; Kobayasi, 1982, 1983; Mains, 1937, 1940; Petch, 1931, 1939, 1941; Samson, 1988). 동충하초균의 분류에 있어서 어려운 점은 동일종의 기주를 침입하는 균의 종류와 균

종의 생육단계별로 침입하는 균의 종류가 다양한 점이 장애가 되고있다. 균의 종류에 따라서는 침입하는 기주의 종류가 다양한 다범성인 것과 기주 특이적인 침입양상을 보여주는 것도 있다. 동충하초균의 분류는 전통적으로 형태적 유사성에 기초하여 이루어져 왔는데 최근에는 형태적 분류의 한계를 보완하는 자료로서 soluble protein 분석 및 동위효소 분석법 등이 이용되고 있다. 한국에서는 Lee 등(1991)에 의하여 isozyme pattern을 이용한 영지, 치마버섯 및 동충하초의 계통분류가 이루어진 바 있으며 Sung 등(1995)에 의하여 soluble protein pattern 분석을 기초로한 동충하초의 계통분류가 이루어진 바 있다. 본 연구에서는 국내에서 채집되어 분리된 동충하초중 지리적 기원과 기주가 다른 자낭균류의 *Cordyceps militaris* 동충하초 18균주와 형태적으로 유사한 *C. kyusyunsis* 2균주, *C.*

*Corresponding author

scarabaeicola 1균주, *C. pruinosa* 2균주, *C. bifusispira* 1균주와 불완전균류의 대표적인 동충하초인 *Paecilomyces tenuipes* 1균주를 공시시료로 단백질 분석을 이용하여 종내 또는 종간의 근연관계를 구명하고자 실험을 실시하였다.

재료 및 방법

공시균주

Soluble protein pattern 분석을 위한 공시균주는 *C. militaris* 18균주, *C. kyushuensis* 2균주, *C. scarabaeicola* 1균주, *C. pruinosa* 2균주, *Paecilomyces tenuipes* 1균주 등 총 25개균주를 사용하였다(Table 1).

Total soluble protein pattern 분석

시료준비 단백질 분석을 위한 시료는 PDA배지에서 증식 배양된 공시균주를 PS배지(potato 200

g, sucrose 20 g, water 1000 mL)에 접종한 후 $20 \pm 1^\circ\text{C}$ 의 항온기에서 약 20일간 정치배양하여 얻어진 균사체를 증류수로 여러차례 세척한 후 -70°C 냉동고에서 동결시켰다. 동결시킨 균사체는 24시간 동안 동결건조한 후 이를 액체질소로 마쇄하여 균사체 powder를 공시시료로 사용하였다. Protein추출은 0.1 g의 균사체 powder를 1 mL의 추출용액(Tris 1.54 mg, Ascorbic acid 1.76 mg, EDTA 2.93 mg, MgCl_2 10.1 mg, PVP 50 mg, dH_2O 10 mL)에 5시간 가량 침지시킨 후 15,000 rpm에서 20분간 2회 원심분리하여 얻어진 상등액을 전기영동의 시료로 이용하였다.

전기영동 및 염색 전기영동은 1D SDS-PAGE Gel(200×160×1 mm with 15 wells)을 이용하였으며, Separating gel은 7~14% gradient gel로 조제하고, stacking gel은 5%로 조제하였다. Running buffer는 Tris-glycine buffer를 사용하며, 40 μg 의 protein과 homogeneity buffer 30 μL

Table 1. Entomopathogenic isolates used for protein analysis

Sample #	Code	Date	Origin	Scientific name	Host
1	C210	93/7/ 9	Mt. Youngmun	<i>Cordyceps militaris</i>	Pupae
2	C257	93/8/20	Galchon	<i>C. militaris</i>	Pupae
3	C273	93/8/27	Mt. Chilgab	<i>C. militaris</i>	Pupae
4	C298	94/7/ 3	Mt. Odae	<i>C. militaris</i>	Pupae
5	C326	94/7/14	Mt. Chiak	<i>C. militaris</i>	Pupae
6	C275	93/9/ 4	KNU Forest	<i>C. militaris</i>	Pupae
7	C115-1	91/7/25	Mt. Seolak	<i>C. militaris</i>	Pupae
8	C118	91/9/ 1	Chugok	<i>C. militaris</i>	Pupae
9	C108	91/7/25	Mt. Seolak	<i>C. militaris</i>	Larvae
10	C225-1	93/8/14	Mt. Chiak	<i>C. militaris</i>	Larvae
11	C197	93/6/25	KNU Forest	<i>C. militaris</i>	Larvae
12	C228	93/8/14	Mt. Chiak	<i>C. militaris</i>	Larvae
13	C232	93/8/14	Mt. Chiak	<i>C. militaris</i>	Pupae
14	C234	93/8/14	Mt. Chiak	<i>C. militaris</i>	Pupae
15	C236	93/8/14	Mt. Chiak	<i>C. militaris</i>	Pupae
16	C237	93/8/14	Mt. Chiak	<i>C. militaris</i>	Pupae
17	C239	93/8/14	Mt. Chiak	<i>C. militaris</i>	Pupae
18	C241	93/8/14	Mt. Chiak	<i>C. militaris</i>	Pupae
19	C126	91/9/17	KNU Campus	<i>C. kyushuensis</i>	Larvae
20	C127	91/9/17	KNU Campus	<i>C. kyushuensis</i>	Larvae
21	C402	94/8/31	KNU Forest	<i>C. bifusispora</i>	Pupae
22	C107	91/7/25	Galchon	<i>C. pruinosa</i>	Pupae
23	C231	93/8/14	Mt. Chiak	<i>C. pruinosa</i>	Pupae
24	C252	93/8/20	Galchon	<i>C. pruinosa</i>	Pupae
25	C145	92/7/14	Mt. Chiak	<i>Paecilomyces tenuipes</i>	Pupae

(SDS 1.6 g, Urea 6 g, 1 M Tris-HCl/pH 7.6 5 mL, β -mercaptoethanol 1 mL, Benzamidine 0.016 g, dH₂O 100 mL)를 혼합 후 100°C에서 5분간 증탕시켜 tracking dye 10 μ L(SDS 1.6 g, Urea 6 g, 1 M Tris-HCl/pH 7.6 5 mL, β -mercaptoethanol 1 mL, Sucrose 60 g, Bromophenol blue 20 mg, dH₂O 100 mL)를 넣어 gel에 loading한 다음 stacking gel에서 40 mA로 separating gel에서는 50 mA로 약 5시간 동안 전기영동시켰다. 전기영동은 Bio-Rad Protean IIxi Slab Cell장치를 이용하여 실시하였다. 전기영동 후의 염색은 Coomassie brilliant Blue를 사용하였는데 Fixing buffer(9% Acetic acid, 30% Methanol)에서 20분간 고정시켜서 Coomassie brilliant Blue 염색액(2.5% Coomassie brilliant Blue, 30% Methanol, 7% Acetic acid)에 1시간 동안 염색 후 Destaining buffer(7% Acetic acid, 30% Methanol)를 3~4차례 갈아주면서 발색하였다.

동위호소 분석

시료준비 동위호소 분석을 위한 시료준비는 PDA배지에서 증식 배양된 공시균주를 PS배지(potato 200 g, sucrose 20 g, water 1000 mL)에 접종한 후 20 \pm 1°C의 항온기에서 약 20일간 정치 배양하였다. 배양하여 얻어진 균사체는 1차 증류수로 여러차례 세척한 후 다시 증류수에 5시간 가량 침지시켜 배지성분 등의 불순물을 제거한 후 filter paper로 균사체의 수분을 가능한 제거해 주고 소량의 PVP(Molecular Weight 40,000)를 첨가하여 액체질소를 사용, 마쇄하였다. 마쇄된 시료는 micro tube에 넣어 4°C, 15,000 rpm에서 15분간 2회 원심분리하여 상등액을 시료로 사용하였다.

등전점 전기영동 및 염색 전기영동 gel은 6% polyacrylamide gel을 이용하였으며 carrier pharmalyte(Pharmacia-LKB)는 pH 4~6.5를 1.2 mL 첨가하였다. 전기영동은 Bio-Phoresis Horizontal Electrophoresis Cell(Bio-Rad Co.)을 사용하여 전기영동하였다. 전기영동의 전력은 prefocusing에서 100 V로 30분간 실시 후 각각 20 μ L의 sample을 loading하였다. 이어 120 V에서 30분간 전기영동 후 stripe를 제거하고 200 V로 한시간 전

기영동한 후 최종 voltage가 600 V가 될 때까지 약 4시간가량 전기영동하였다. 전기영동후의 염색은 Malate dehydrogenase(MDH; 0.2 M Tris-HCl (pH 8.0) 100 mL, L-Malic acid 0.45 g, 1 M MgCl₂ 1 mL, MTT(0.25 g/100 mL dH₂O) 2 mL, PMS(0.2 g/dH₂O 100 mL) 1 mL)과 acid phosphatase(ACP; 3% β -naphthylphosphate(3 g/50% Acetone 100 mL) 3 mL, sodium acetate buffer(pH 4.5) 100 mL, Back K salt 0.01 g, 1 M MgCl₂ 1 mL)를 이용하여 37°C(darkroom) 항온기에서 발색하였다.

Data 분석 발색 후 band pattern의 data분석은 전기영동상에서 확인된 band별 binominal matrix code(0 또는 1)를 작성하고 이를 자료로 하여 Dices(1973)의 공식에 따라서 산출된 유사도 지수를 기준으로 종내 또는 종간 균주의 유사도를 구하였다. 이를 UPGMA(Unweighted Pair-Group Method using Arithmetic means; Ludwig, J. A & Reynolds, 1988) 방법을 이용하여 clustering하고 phenogram을 작성하였다. 이때 사용된 computer program은 Rohlf 등(1990)의 NTSYS-PC 수리분류 분석용 IBM personal computer 프로그램(Numerical Taxonomy System using Multi-variate Statistical Programs)을 이용하였다.

결 과

Total soluble protein pattern 분석

공시균주로 이용한 동충하초 균주의 수용성 단백질을 분석한 결과 곤충에 병원성을 갖는 동충하초의 단백질은 전체적으로 분자량이 30~95 Kd 범위로 이 부분에서 균주간 단백질의 다형화 양상을 분석자료로 이용하였다(Fig. 1). 수용성 단백질의 다형화 현상을 분석한 결과 공시균주로 이용한 18개 *C. militaris* 균주에서 거의 유사한 band pattern을 볼 수 있었으나, 치약산에서 채집된 인시류의 토와속 유충을 기주로한 C225-1균주와 C228균주는 분자량이 29 Kd인 특이적인 band를 보였다. *C. militaris* 균주로 동정된 균주중에서 다소 자낭각이 매생한 형태에 가까운 C210과 C298균주는 수용성 단백질 분석에서도 두 균주간 유사한 band pattern을 보였으며 *C. militaris* 균주 중 퇴화한 것으

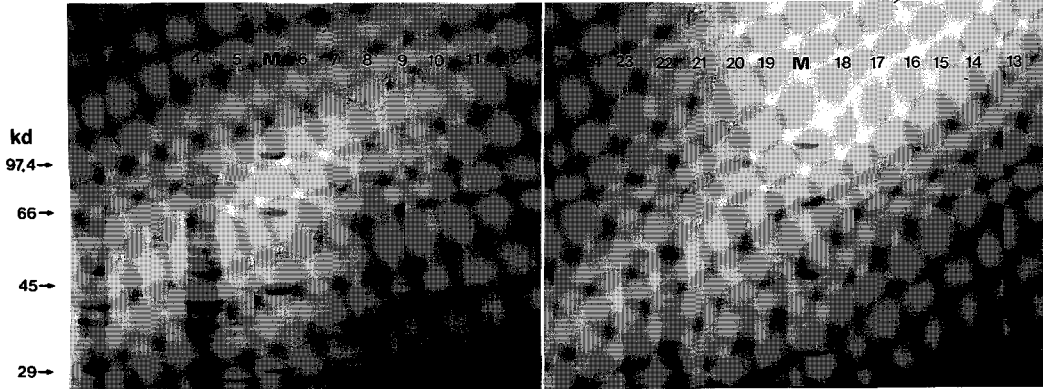


Fig. 1. Soluble protein profiles obtained from representative isolates of entomopathogenic species by 7~14% gradient SDS-PAGE.

로 추정되고 배지상에서 균사의 성장과 더불어 다수의 분생포자를 형성하는 C275균주 역시도 다른 *C. militaris* 균주와 유사한 band pattern을 보였다. *C. militaris*로 동정하였던 C118 균주의 경우는 다른 *C. militaris* 균주와는 다소 상이한 band pattern을 보였다.

동위효소 분석

ACP 동위효소 분석 ACP 동위효소 분석 결과 *C. militaris* 균주중 상당히 특이적인 band pattern을 보여준 균주는 C118균주이며, *C. bifusispora*로 동정한 C402균주는 *C. militaris*균주와 유사한 band pattern을 보였다. *C. militaris*균주중 유충을 기주로한 C197과 C228균주는 다른 균주와는 다소 상이한 band pattern을 보였으며 퐁텡이를 기주로한 *C. scarabaeicola*와 불완전균류의 대표적인 동충하초인 *Paecilomyces tenuipes* 등은 전체적으로 상당히 다른 band pattern을 보여주었다(Fig. 2).

MDH 동위효소 분석 MDH 동위효소 분석결과에서도 *C. militaris* 균주중 상당히 특이적인 band pattern을 보여준 균주는 C118균주이며 *C. militaris* 균주중 치약산에서 채집된 C326, C225-1, C228, C232, C234, C236, C237, C239, C241균주에 있어서는 거의 유사한 band pattern을 볼 수 있었다(Fig. 3).

동충하초의 종내 또는 종간의 근연관계를 구명하기 위해 실시한 수용성 단백질 분석과 동위효소 분

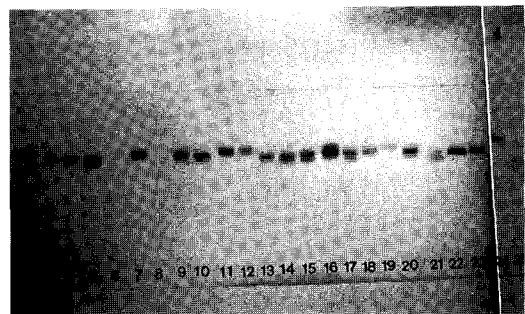


Fig. 2. Acid phosphatase isozyme profiles obtained from representative isolates of entomopathogenic species after IEF.

석 자료를 기초로 binomial matrix(code 0 또는 1)를 작성하고 이를 이용하여 Dice의 공식에 따라 산출된 각 균주간의 유사도(Table 2)를 토대로 UPGMA법을 이용하여 Dendrogram을 작성한 결

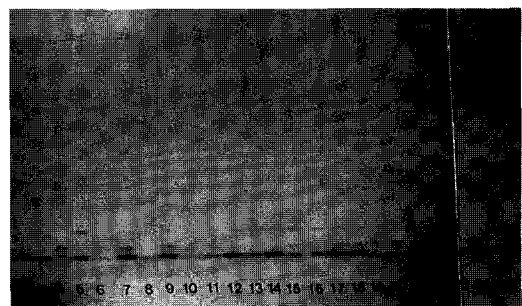


Fig. 3. Malate dehydrogenase isozyme profiles obtained from representative isolates of entomopathogenic species after IEF.

Table 2. Similarity matrix based on soluble polypeptide and isozyme analysis

	C1	C2	C3	C4	C5	C6	C7	C8	C9	C10	C11	C12	C13	C14	C15	C16	C17	C18	C19	C20	C21	C22	C23	C24	C25	
C1	1.000																									
C2	0.853	1.000																								
C3	0.870	0.912	1.000																							
C4	0.912	0.816	0.835	1.000																						
C5	0.844	0.887	0.870	1.879	1.000																					
C6	0.816	0.879	0.862	1.797	0.887	1.000																				
C7	0.887	0.879	0.879	0.835	0.887	0.896	1.000																			
C8	0.787	0.816	0.816	0.806	0.787	0.835	0.835	1.000																		
C9	0.896	0.853	0.870	0.844	0.862	0.816	0.887	0.879	1.000																	
C10	0.870	0.825	0.862	0.816	0.835	0.806	0.825	0.797	0.870	1.000																
C11	0.896	0.904	0.816	0.825	0.879	0.853	0.887	0.825	0.896	0.835	1.000															
C12	0.904	0.879	0.879	0.835	0.887	0.862	0.896	0.835	0.904	0.912	0.904	1.000														
C13	0.844	0.853	0.816	0.879	0.862	0.870	0.835	0.825	0.844	0.835	0.896	0.835	1.000													
C14	0.844	0.887	0.853	0.879	0.896	0.904	0.853	0.844	0.862	0.853	0.879	0.870	0.958	1.000												
C15	0.853	0.896	0.879	0.853	0.920	0.896	0.879	0.835	0.887	0.862	0.904	0.896	0.920	0.965	1.000											
C16	0.835	0.912	0.825	0.835	0.887	0.879	0.879	0.816	0.853	0.844	0.920	0.879	0.887	0.904	0.896	1.000										
C17	0.825	0.887	0.816	0.862	0.912	0.870	0.853	0.806	0.825	0.853	0.896	0.870	0.896	0.928	0.920	0.965	1.000									
C18	0.853	0.912	0.862	0.853	0.920	0.912	0.896	0.816	0.835	0.825	0.904	0.896	0.887	0.920	0.928	0.928	0.985	1.000								
C19	0.862	0.853	0.816	0.844	0.835	0.870	0.825	0.862	0.853	0.879	0.870	0.879	0.879	0.853	0.904	0.879	0.870	1.000								
C20	0.825	0.835	0.797	0.862	0.879	0.853	0.835	0.825	0.825	0.835	0.879	0.853	0.912	0.896	0.870	0.904	0.912	0.887	0.958	1.000						
C21	0.777	0.825	0.746	0.797	0.870	0.862	0.806	0.756	0.777	0.724	0.870	0.787	0.835	0.853	0.844	0.862	0.870	0.896	0.835	0.853	1.000					
C22	0.870	0.825	0.862	0.835	0.835	0.896	0.879	0.853	0.853	0.844	0.870	0.844	0.887	0.887	0.879	0.862	0.870	0.896	0.887	0.887	0.862	1.000				
C23	0.862	0.816	0.853	0.825	0.844	0.887	0.870	0.844	0.862	0.835	0.879	0.835	0.879	0.887	0.853	0.862	0.887	0.879	0.879	0.870	0.870	0.993	1.000			
C24	0.787	0.887	0.816	0.787	0.844	0.887	0.816	0.806	0.806	0.777	0.862	0.816	0.862	0.879	0.870	0.887	0.879	0.904	0.862	0.862	0.870	0.870	0.862	1.000		
C25	0.735	0.825	0.767	0.756	0.853	0.862	0.806	0.797	0.797	0.724	0.835	0.767	0.816	0.835	0.844	0.862	0.853	0.879	0.835	0.835	0.896	0.844	0.853	0.870	1.000	

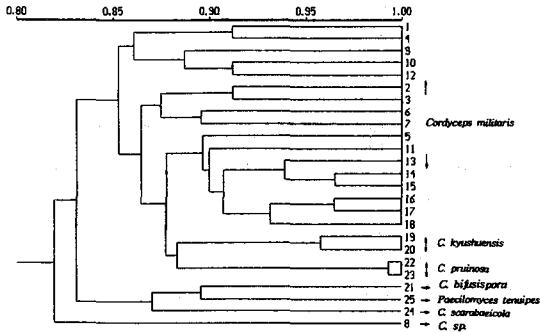


Fig. 4. Dendrogram illustrating the relationship within and between isolates of entomopathogenic species.

과(Fig. 4) *C. militaris* 종내의 유사도는 0.787~1.000범위로 나타났으며 *C. kyushuensis*는 0.958~1.000으로 상당히 높은 유사성을 보였다. *C. pruinosa* 역시 종내의 유사성이 0.993~1.000의 높은 수준을 보였다. *C. militaris* 종내에서는 형태적으로 다른 *C. militaris* 균주와는 달리 다소 매생한 형태의 자낭각을 형성한 C210균주와 C298균주가 단백질분석에서도 약 91%의 상동성을 보이며 clustering되었다. 또한 유충을 기주로 자실체를 형성하는 균주들(C108, C225-1, C228)에 있어서도 약 89%의 높은 상동성을 보이며 clustering되었다. *C. militaris* 그룹과 가장 가까운 근연관계를 보인 그룹은 박각시 나방의 유충을 기주로하는 *C. kyushuensis*와 인시목의 번데기를 기주로 자실체를 형성하는 *C. pruinosa*로 *C. militaris* 그룹과는 약 87%의 유사성을 보였으며 *C. pruinosa*와 *C. kyushuensis*간에는 88%의 상동성을 보였다. 인시목의 번데기를 기주로 자실체를 형성하며 평판배지 상에서 분생포자를 형성하는 *C. bifusispora*는 불완전 균인 *Paecilomyces tenuipes*와 약 89%의 상동성을 보였으며 풍뎡이 성충만을 특이적으로 침입하는 *C. scarabaeicola*는 이 두종과 약 82%의 상동성을 보였다. *C. militaris*로 동정한 C118의 경우는 단백질 분석에서도 band pattern이 *C. militaris* 그룹과는 상당히 다른 양상을 보였다.

고 찰

현재까지 동충하초의 분류는 형태적 특징을 기초

로한 분류였다. 형태적 분류에서 제기될 수 있는 오류를 극복하고 좀더 체계적인 종내 또는 종간의 근연관계를 구명하기 위하여 동충하초의 수용성 단백질과 동위효소 분석을 통한 계통분류를 실시한 결과 곤충에 병원성을 갖는 동충하초의 전 공시균주에서 70% 이상의 상동성을 보였다. *C. militaris*의 종내 유사도는 0.787~1.000으로 78% 이상이며 *C. militaris*의 종내의 기주에 따른 군집화는 유충을 기주로한 C108, C225-1, C228균주가 89% 이상의 높은 상동성을 보이며 clustering되어 침입기주에 따른 종내 근연관계의 구명 또한 이루어질 수 있지 않을까 생각된다. 지리적 분포에 따른 유사성을 보면 치악산에서 채집된 C232, C234, C236, C237, C239, C241균주들에서 약 90% 이상의 높은 상동성을 보였다. 배지상에서 분생포자를 형성하며 자실체 역시 다른 *C. militaris* 균주와 다소 다른 사슴뿔 모양의 자실체를 형성하는 C275균주의 경우는 *C. militaris* 균주가 퇴화한 것으로 추정되는 것으로 단백질 분석에서는 C115-1균주와 89%의 높은 상동성을 보여 기본적인 성질은 *C. militaris*와 유사한 것으로 나타났다. *C. militaris*와 가장 가까운 근연관계를 보인 종으로는 자실체의 형태 역시 유사한 *C. kyushuensis*로 나타났다. *C. kyushuensis*는 *C. pruinosa*와 88%의 상동성을 보였다. 인시목의 번데기를 기주로 총생의 자실체를 형성하는 *C. bifusispora*는 *Paecilomyces tenuipes*와 87%의 상동성을 보였으며, 풍뎡이 성충을 특이적으로 침입하는 *C. scarabaeicola*의 경우는 상기 두종과 81%의 유사성을 보였다. *C. militaris*로 동정한 C118 균주는 전 균주와 가장 먼 유연관계를 보여 형태적 분류에 오류가 있었던 것으로 추정된다. 본 단백질 분석을 기초로 형태적 특징과 관련하여 공시균주의 근연관계를 구명할 수 있었는데 동충하초의 기주 특이성과 관련한 보다 체계적인 분류체계의 확립 및 지리적 격리에 따른 근연관계의 구명을 위해서는 보다 다양한 종류의 동위효소 분석 및 DNA분석이 이루어진다면 이를 적극적으로 보완할 수 있으리라 사료된다.

적 요

동충하초 균주의 종내 또는 종내의 근연관계를

구명하고자 단백질 분석을 실시한 결과 25개 공시 균주는 85%의 유사도범위에서 세계의 그룹으로 분류되었다. *C. militaris* 종내의 유사도는 0.787~1.000 범위로 나타났으며 *C. kyushuensis*는 0.958~1.000으로 상당히 높은 유사성을 보였다. *C. pruinosa*역시 종내의 유사성이 0.993~1.000의 높은 수준을 보였다. *C. miliatris*종내에서는 형태적으로 다른 *C. militaris*균주와는 달리 다소 매생한 형태의 자낭각을 형성한 C210균주와 C298균주가 단백질분석에서도 약 91%의 상동성을 보이며 clustering되었다. 또한 유충을 기주로 자실체를 형성하는 균주들(C108, C225-1, C228)에 있어서도 약 89%의 높은 상동성을 보이며 clustering되었다. *C. militaris*그룹과 가장 가까운 근연관계를 보인 그룹은 박각시 나방의 유충을 기주로 하는 *C. kyushuensis*와 인시목의 번데기를 기주로 자실체를 형성하는 *C. pruinosa*로 *C. militaris*그룹과는 약 87%의 상동성을 보였으며 *C. pruinosa*와 *C. kyushuensis*간에는 88%의 상동성을 보였다. 인시목의 번데기를 기주로 자실체를 형성하며 평판배지 상에서 분생포자를 형성하는 *C. bifusispora*는 불완전 균인 *Paecilomyces tenuipes*와 89%의 상동성을 보였으며 풍령이 성충만을 특이적으로 침입하는 *C. scarabaeicola*는 이 두종과 약 82%의 상동성을 보였다. *C. militaris*로 동정한 C118의 경우는 단백질 분석에서도 밴드양상이 *C. militaris*그룹과는 상당히 다른 양상을 보였다.

감사의 글

본 논문은 1995~1997년에 걸쳐 한국과학재단 핵심연구과제 연구비 지원에 의해 수행된 연구 결과로 한국과학재단에 감사를 드립니다.

참고문헌

- Arora, D. K., Ajello, L. and Mukerji, K. G. 1991. Hand book of applied mycology. *Marcel Dekker, Inc.* 2: 547-663.
- Bollag, D. M. and Edelstein, S. J. 1991. Protein methods. Wiley-Liss, Inc. 230 pp.
- Burgess, T., Malajczuk, N. and Dell, B. 1995. Variation in *Pisolithus* based on basidiom and basidiospore morphology, culture characteristics and analysis of polypeptides using 1D SDS-PAGE. *Mycol. Res.* 99(1): 1-13.
- Chang, L. O., Srb, A. M. and Steward, F. C. 1962. Electrophoretic separations of the soluble proteins of *Nurospora*. *Nature.* 193: 756-759.
- Kobayasi, Y. 1982. Keys to the taxa of the genera *Cordyceps* and *Torrubiella*. *Trans. Mycol. Soc. Japan* 23: 329-364.
- Kobayasi, Y. and Shimizu, D. 1983. Iconography of vegetable wasps and plant worms. Hoikusha Publishing Company Ltd. Osaka, p. 280.
- Lee, J. W., Lee, K. H. 1991. Classification of Isolates of *Ganoderma lucidum*, *Schizophyllum commune* and *Cordyceps* spp. by electrophoretic patterns of Isozyme. *Kor. J. Mycol.* 19(2): 101-108.
- Mains, E. B. 1937. A new species of *Cordyceps* with notes concerning other species. *Mycologia* 29: 674-677.
- Mains, E. B. 1940. *Cordyceps* species from British Honduras. *Mycologia* 32: 16-21.
- Mains, E. B. 1957. Information concerning species of *Cordyceps* and *Ophionectria* in the Lloyd Herbarium. *Lloydia* 20(4): 210-227.
- Mains, E. B. 1958. North American entomogenous species of *Cordyceps*. *Mycologia* 50: 169-222.
- Mass, E. M. et al. 1990. Comparison of soluble proteins of *Gaeumannomyces graminis* var. *tritici* and *Phialophora* spp. by polyacrylamide gel electrophoresis. *Mycol. Res.* 94(1): 78-82.
- Petch, T. 1931a. Notes on entomogenous fungi. *Trans. Br. Mycol. Soc.* 16: 55-75.
- Petch, T. 1931b. Notes on entomogenous fungi. *Trans. Br. Mycol. Soc.* 16: 209-245.
- Petch, T. 1939. Notes on entomogenous fungi. *Trans. Br. Mycol. Soc.* 23: 127-148.
- Petch, T. 1941. Notes on entomogenous fungi. *Trans. Br. Mycol. Soc.* : 250-265.
- Rohlf, F. J. 1990. NTSYS-pc. Numerical taxonomy and multivariate analysis system. State Univ. of New York, Stony Brook.
- Samson, R. A., Evans, H. C. and Latge, J. P. 1988. Atlas of Entomopathogenic Fungi. Springer. Heidelberg. p. 189.
- Sung, J. M., Lee, H. K. and Yang, K. J. 1995. Classification of *Cordyceps* spp. by morphological characteristics and protein banding pattern. *Kor. J. Mycol.* 23(1): 92-104.
- Tanada, Y. and Kaya, H. 1993. Fungal Infection. pp. 318-366. In; Insect Pathology. Academic press.