

Mitochondrial Cytochrome *b* 유전자에 의한 올빼미과 (Family Strigidae)의  
분자계통

류 시 현 · 박 희 천\*  
(경북대학교 자연과학대학 생물학과)

요 약

Mitochondrial cytochrome *b* 유전자를 이용하여 한국에서 채집된 5종을 포함한 올빼미과 (Strigidae)의 12속 31종의 계통분석을 하였다. Maximum likelihood 분석과, Kimura two-parameter와 *p*-distance를 이용하여 유전적 근연 관계를 측정하였다. 본 연구에 이용된 959개의 염기서열 가운데, 459개의 서열에서 변이를 확인하였고, 398개의 서열은 계통학적 정보를 가졌다. 올빼미과는 Clade I (*Aegolius*), Clade II (*Athene*, *Micrathene*, *Glaucidium*, *Surnia*), 그리고 Clade III (*Bubo*, *Nyctea*, *Pulsatrix*, *Strix*, *Otus*, *Ptilopsis*, *Ninox*) 등 세 개의 그룹으로 나뉘어졌다. 또한 *Otus*속은 지리적으로 다른 두 개의 그룹으로 분리되는 것이 확인되었다.

Key words: genus *Otus*, Korea, mitochondrial cytochrome *b*, phylogenetic analysis, Strigidae

서 론

올빼미목 (Strigiformes)은 Tytonidae와 Strigidae 두 과로 나누고 있는데, 그 가운데 true owls로 불리는 올빼미과 (Strigidae)에는 전 세계적으로 24속 195종이 기록되어 있다 (König et al., 1999). 올빼미류는 남극대륙을 제외한 전 대륙에 서식하며, 산지에서 습지에 이르기까지 다양한 서식지에 분포한다. 지금까지 우리나라에는 8속 11종의 올빼미과 종들이 보고되었다 (한국동물분류학회, 1997).

올빼미과 조류의 분류 체계는 오랫동안 논쟁의 대상이 되고 있으며 (Ford, 1967; Cracraft, 1981;

\* To whom correspondence should be addressed

Tel: 82-53-950-5351, Fax: 82-53-953-3066, E-mail: heecheon@knu.ac.kr

Sibley et al., 1988; Rebholz et al., 1993; Bleiweiss et al., 1994), 올빼미과의 계통관계를 밝히기 위해 두 개골 연구 (Ford, 1967), allozyme (Randi et al., 1991), 핵형분석 (Rebholz et al., 1993), 그리고 DNA-DNA hybridization (Sibley and Ahlquist, 1990) 등의 다양한 분석 방법이 시도되었다. 최근에는 미토콘드리아 DNA의 염기서열 분석을 통하여 계통적 유연관계를 밝히려는 시도가 계속되고 있다 (Dunham, 1996; Mindell et al., 1997; Wink and Heidrich, 1999).

지금까지 올빼미과의 분자계통적 연구에서는 주로 동남아시아, 유럽과 아메리카 대륙에 서식하는 종들을 대상으로 이루어졌으며, 한국을 포함한 동북아시아에 서식하는 종들의 유전정보는 전혀 알려져 있지 않았다. 그러므로 본 연구에서는 한국과 동북아시아에 서식하는 올빼미 *Bubo bubo* (수리부엉이), *Otus sunia* (소쩍새), *O. semitorques* (큰소쩍새), *Ninox scutulata* (솔부엉이), *Strix aluco* (올빼미) 등의 mitochondrial cytochrome *b* (mtDNA *cyt b*) 유전자의 부분염기서열을 최초로 분석하여 한국산 올빼미류 5종의 분류학적 위치를 확인하고 올빼미과내에서의 계통유연관계를 재검토해보고자 하였다.

## 재료 및 방법

### 1. 재료

한국에서 채집된 *Bubo bubo* (수리부엉이), *Otus sunia* (소쩍새), *O. semitorques* (큰소쩍새), *Ninox scutulata* (솔부엉이), *Strix aluco* (올빼미)에서 mtDNA *cyt b* 유전자를 sequencing 하였다. 조직 표본은 경북대학교 생물학과에 냉동 보관된 표본을 이용하였다.

### 2. 미토콘드리아 DNA (mtDNA) 추출 및 염기서열 결정

Total DNA는 5종의 올빼미류 근육조직에서 DNeasy tissue kit (QIAGEN)를 이용하여 추출하였다. mtDNA *cyt b* 유전자를 증폭해내기 위하여 다음의 primer sets를 사용하였다; mt A (L-14995; 5'-CTCCCAGCCCCATCCAACATCTCAGCATGATGAAACTTCG-3'), mt F(H-16065; 5'-CTAAGAAGGGTGGAGTCTTCAGTTTTTGGTTTACAAGAC-3') (Desjardins and Morais, 1990). PCR은 2  $\mu$ l의 10 $\times$  reaction buffer, 20 mM MgCl<sub>2</sub>, 1 unit의 Taq DNA polymerase, 2  $\mu$ l의 10 mM dNTPs, 1  $\mu$ l의 양방향 primer와 genomic DNA를 넣고 total volume을 20  $\mu$ l로 맞추었다. PCR 반응 조건은 94°C에서 denaturation 1분, 52°C에서 annealing 1분, 72°C에서 extension 1분으로 하여 총 35회 반복하였다. 각 PCR 반응물 2  $\mu$ l를 1% agarose gel에서 전기영동한 후 ethidium bromide로 염색하여 band의 유무와 농도를 확인한 후, PCR 반응물을 QIAquick PCR Purification kit (QIAGEN)로 정제하고, automatic DNA sequencer (ABI 310 model, Perkin Elmer)에서 direct sequencing을 하였다.

### 3. 계통분석

계통 분석을 위한 염기서열은 본 실험 결과와 Genbank에서 얻었으며, *Gallus gallus* (닭)를 outgroup으로 선정하였다. 실험에 사용한 종의 학명과 GenBank accession numbers는 Table 1과 같다.

Cyt *b* 서열은 CLUSTAL X (Thompson et al., 1997; version 1.81, 2000)를 이용하여 alignment하였고, 염기조성에 대한 분석은 MEGA 2.1 (Kumar et al., 2001) 프로그램을 이용하였다. 계통분석은 PAUP\* 4.0b10 (Swofford, 2002) 프로그램을 이용하여 수행하였다. 각 분류군 간의 유전적 거리 (genetic distance)는 Kimura two-parameter (Kimura, 1980)와 uncorrected model (*p*-distance)로 분석하였고, Maximum

**Table 1.** Species names and Genbank accession numbers of the family Strigidae and outgroup used in this study.

Species	Common names	Genbank numbers
<i>Aegolius funereus</i>	Tengmalm's owl	AJ004353
<i>Aegolius acadicus</i>	Northern Saw-whet owl	U89172
<i>Athene noctua</i>	Little owl	AJ003948
<i>Bubo africanus</i>	Spotted eagle owl	AJ003952
<i>Bubo ascalaphus</i>	Pharaoh eagle owl	AJ003953
<i>Bubo bengalensis</i>	Rock eagle owl	AJ003954
<i>Bubo magellanicus</i>	Magellan Horned owl	AJ003971
<i>Bubo nipalensis</i>	Forest eagle owl	AJ003972
<i>Bubo virginianus</i>	Great horned owl	AJ003974
* <i>Bubo bubo</i>	Eurasian Eagle owl	AY422976
<i>Glaucidium gnoma</i>	Mountain pygmy owl	AJ003994
<i>Glaucidium hardyi</i>	Amazonian pygmy owl	AJ003997
<i>Glaucidium nanum</i>	Austral pygmy owl	AJ003999
<i>Micrathene whitneyi</i>	Elf owl	U89170
<i>Nyctea scandiaca</i>	Snowy owl	AJ004011
<i>Otus bakkamoena</i>	Indian scops owl	AJ004020
<i>Otus lempiji</i>	Sunda scops owl	AJ004027
<i>Otus longicornis</i>	Luzon scops owl	AJ004031
<i>Otus petersoni</i>	Cinnamon screech owl	AJ004034
<i>Otus roboratus</i>	Peruvian screech owl	AJ004035
<i>Otus sanctaecatarinae</i>	Long-tufted screech owl	AJ004036
<i>Otus scops</i>	Common scops owl	AJ004038
<i>Otus atricapillus</i>	Black-capped screech owl	AJ004013
* <i>Otus sunia</i>	Oriental scops owl	AY422979
* <i>Otus semitorques</i>	Japanese scops owl	AY422980
<i>Ptilopsis leucotis</i>	Northern white-faced scops owl	AJ004030
<i>Pulsatrix perspicillata</i>	Spectacled owl	AJ004044
<i>Strix rufipes</i>	Rufous-legged owl	AJ004061
* <i>Strix aluco</i>	Tawny owl	AY422982
<i>Surnia ulula</i>	Northern hawk owl	AJ004069
* <i>Ninox scutulata</i>	Brown Hawk owl	AY422981
Outgroup		
<i>Gallus gallus</i>	Chicken	NC001323

\*Species newly sequenced in this study.

-likelihood (ML) tree는 transition (Ts)/transversion (Tv) = 2로 하고 HKY 85 variant를 사용하여 얻었다. ML tree에서는 quartet puzzling (1000 steps)을 적용하였다.

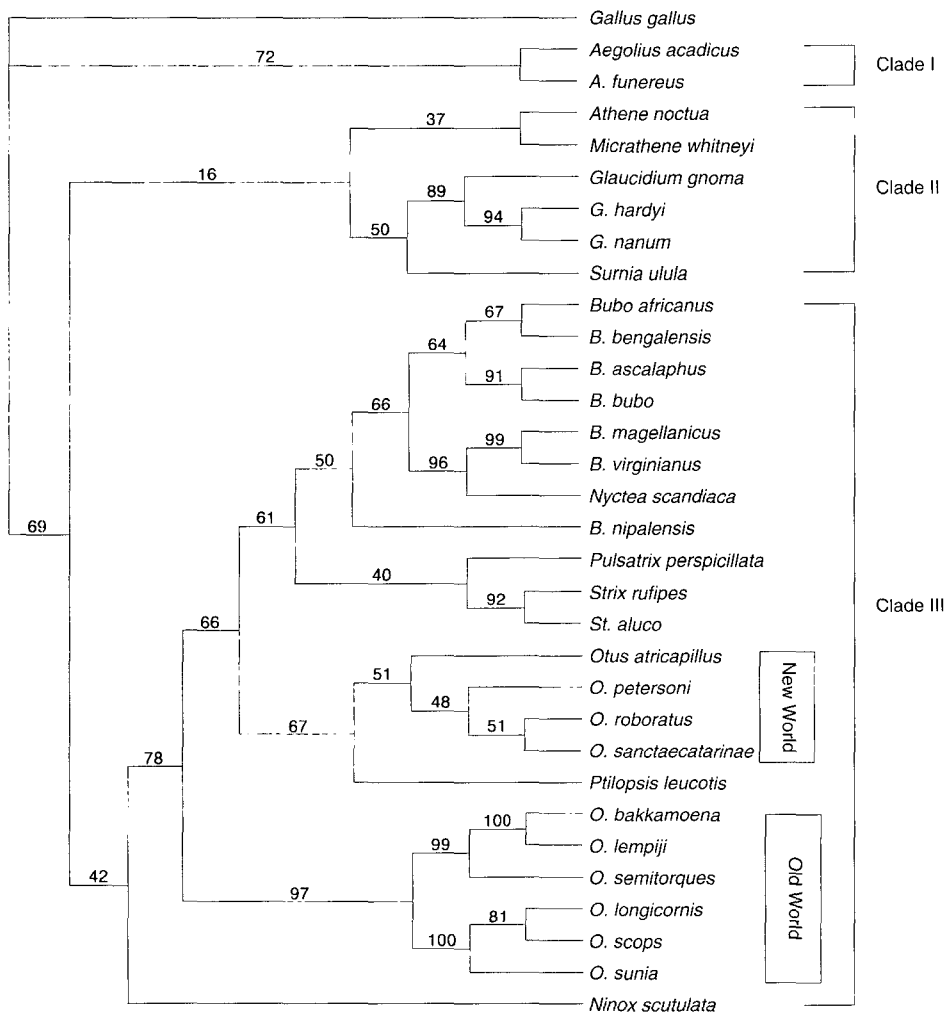
**Table 2.** Genetic distance between 32 taxa based on 959 nucleotides of the mitochondrial cytochrome *b* gene (Above diagonal, percentage sequence divergence (*p*-distance) and below diagonal, Kimura two-parameter distance (%)).

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32
1. <i>Gallus gallus</i>	-	18.4	18.5	19.7	18.9	19.1	19.2	19.1	17.9	19.4	19.8	18.8	19.3	18.7	17.2	19.4	17.8	18.0	18.4	17.1	19.2	18.9	18.0	17.9	17.6	19.3	18.4	18.3	18.4	19.7	19.5	18.9
2. <i>Aegolius acadicus</i>	21.1	-	12.9	18.7	17.9	18.7	18.5	18.4	17.2	17.9	19.2	17.2	16.6	15.4	17.0	19.0	17.5	17.8	19.0	18.8	19.2	18.1	17.7	18.7	18.9	20.0	16.9	17.9	18.5	17.6	19.0	19.1
3. <i>A. funereus</i>	21.2	14.4	-	18.4	17.2	17.5	18.2	18.0	18.4	17.3	18.4	18.2	16.7	16.0	17.2	17.9	18.4	17.8	18.9	18.0	20.4	19.2	18.2	18.5	19.2	20.0	16.1	17.9	17.2	17.9	19.9	19.3
4. <i>Athene noctua</i>	22.9	21.8	21.3	-	18.4	18.1	18.2	16.8	18.1	17.2	18.6	16.6	15.9	16.2	15.3	17.3	17.7	16.5	18.2	17.0	18.8	17.6	18.1	18.0	16.9	18.1	17.2	17.5	17.6	17.9	17.3	16.6
5. <i>Bubo africanus</i>	21.8	20.7	19.7	21.3	-	7.6	7.5	8.7	10.3	8.2	8.2	18.4	17.3	16.6	15.5	9.9	11.8	14.8	15.6	13.9	14.3	13.6	13.1	14.9	14.1	15.1	12.5	11.4	12.1	14.0	17.9	15.9
6. <i>B. ascalaphus</i>	22.1	21.7	20.1	20.9	8.2	-	9.0	9.4	11.4	9.6	3.3	18.6	17.2	15.6	15.0	10.6	12.0	14.2	14.5	14.6	15.1	13.6	13.7	14.6	13.8	15.6	12.9	12.3	12.1	13.5	18.2	16.2
7. <i>B. bengalensis</i>	22.4	21.5	21.1	21.1	8.0	9.8	-	9.4	11.4	9.0	8.9	18.0	16.9	16.5	16.0	10.7	13.0	14.3	14.3	13.9	15.0	13.2	14.7	13.8	14.2	14.5	13.1	12.0	11.6	12.4	18.4	15.6
8. <i>B. magellanicus</i>	22.2	21.3	20.7	19.1	9.4	10.3	10.2	-	11.3	1.5	9.3	17.6	16.7	16.1	15.3	8.9	13.4	14.1	15.4	14.7	15.2	14.0	14.0	14.3	13.8	15.6	12.8	12.9	13.5	13.2	19.1	16.0
9. <i>B. nipalensis</i>	20.6	19.7	21.3	20.9	11.3	12.6	12.6	12.5	-	10.8	11.4	18.2	18.0	16.3	14.5	12.8	13.3	14.6	15.5	14.4	14.6	13.8	13.6	14.3	14.3	16.4	12.3	10.9	12.4	13.1	18.5	15.7
10. <i>B. virginianus</i>	22.6	20.7	19.8	19.6	8.8	10.5	9.7	1.5	11.9	-	9.5	17.2	16.2	15.8	15.9	8.2	12.7	14.3	15.1	14.6	15.0	13.8	13.8	14.2	13.9	15.7	12.5	12.0	13.0	12.7	18.6	16.1
11. <i>B. bubo</i>	23.2	22.5	21.3	21.6	8.9	3.4	9.7	10.1	12.7	10.4	-	18.4	17.4	16.1	15.3	11.3	11.8	14.3	14.6	14.6	14.8	13.4	13.7	14.6	13.3	15.4	13.1	12.4	11.9	13.3	18.3	15.9
12. <i>Glauclidium gnoma</i>	21.7	19.7	21.1	19.0	21.3	21.7	20.8	20.3	21.2	19.7	21.4	-	9.9	9.2	16.6	18.3	17.2	19.3	18.7	18.0	18.7	17.3	18.1	17.7	17.5	19.1	16.9	17.4	17.5	18.6	15.8	17.5
13. <i>G. hardyi</i>	22.4	19.0	19.0	18.0	19.8	19.7	19.3	19.0	20.7	18.3	20.0	10.9	-	6.5	16.4	16.8	16.4	18.7	19.3	17.6	17.9	17.0	17.7	18.1	17.8	17.9	16.1	16.9	15.5	18.3	14.0	16.6
14. <i>G. nanum</i>	21.5	17.4	18.2	18.4	18.9	17.6	18.7	18.3	18.5	17.8	18.2	10.1	6.9	-	15.0	16.1	15.9	17.0	18.5	16.8	17.3	16.0	16.3	17.1	16.6	17.7	15.3	16.5	15.9	17.3	14.7	16.6
15. <i>Micrathene whitneyi</i>	19.6	19.4	19.7	17.3	17.5	16.9	18.2	17.2	16.2	17.9	17.3	18.9	18.6	16.8	-	15.7	15.4	15.9	17.0	15.0	16.6	15.2	15.1	15.6	15.1	16.9	14.0	14.9	13.8	15.6	16.9	14.9
16. <i>Nyctea scandiaca</i>	22.6	22.1	20.7	19.7	10.9	11.8	11.7	9.6	14.4	8.9	12.6	21.2	19.1	18.2	17.9	-	14.0	15.4	16.5	15.9	15.5	15.0	15.6	15.6	14.8	15.7	13.9	13.1	12.8	12.4	18.3	16.6
17. <i>Otus atricapillus</i>	20.5	20.1	21.2	20.4	13.0	13.2	14.5	15.0	15.0	14.1	13.0	19.7	18.6	17.9	17.3	15.7	-	14.3	14.8	14.1	8.8	6.4	8.0	14.7	13.8	15.1	12.7	12.2	12.7	13.7	17.0	15.2
18. <i>O. bakkamoena</i>	20.7	20.5	20.5	18.8	16.6	15.9	16.0	15.8	16.4	16.0	16.0	22.4	21.6	19.3	17.9	17.5	16.0	-	5.7	10.7	14.7	14.0	15.9	10.2	10.1	10.3	14.4	14.0	14.0	14.8	17.7	15.3
19. <i>O. lempiji</i>	21.1	22.0	21.9	21.0	17.7	16.3	16.0	17.4	17.6	17.1	16.4	21.7	22.4	21.4	19.4	18.9	16.7	6.0	-	11.2	16.3	15.7	16.6	11.2	10.2	11.0	15.2	14.6	14.9	14.9	19.4	16.8
20. <i>O. longicornis</i>	19.4	21.7	20.7	19.4	15.5	16.4	15.5	16.6	16.1	16.4	16.4	20.7	20.1	19.0	16.8	18.0	15.7	11.7	12.2	-	15.3	14.0	15.0	7.5	7.1	11.9	15.6	13.3	14.0	14.1	19.6	15.2
21. <i>O. petersoni</i>	22.3	22.4	24.2	21.9	16.3	17.4	17.2	17.4	16.6	17.1	16.9	21.8	20.6	19.8	18.9	17.8	9.6	16.5	18.6	17.3	-	9.0	10.3	15.4	14.9	16.3	15.7	13.5	14.4	15.6	18.0	16.6
22. <i>O. roboratus</i>	21.8	20.9	22.3	20.2	15.4	15.3	14.8	15.8	15.5	15.5	15.0	19.7	19.3	18.0	17.1	17.0	6.7	15.6	17.8	15.7	9.9	-	7.5	14.2	13.7	15.6	14.1	12.4	12.5	13.8	17.4	14.8
23. <i>O. sanctaecatarinae</i>	20.7	20.4	21.0	20.9	14.7	15.4	16.8	15.8	15.2	15.5	15.4	20.9	20.4	18.5	17.0	18.0	8.6	18.0	19.0	16.8	11.4	8.1	-	15.2	15.0	16.1	13.7	13.0	13.6	14.6	18.4	15.1
24. <i>O. scops</i>	20.5	21.6	21.3	20.7	16.8	16.4	15.4	16.0	16.0	15.9	16.4	20.3	20.7	19.4	17.6	17.7	16.5	11.1	12.2	8.1	17.5	15.9	17.2	-	6.8	11.7	15.4	12.9	14.0	14.0	19.2	15.5
25. <i>O. sunia</i>	20.0	21.9	22.3	19.2	15.7	15.3	15.9	15.4	16.0	15.5	14.7	20.0	20.3	18.8	16.9	16.6	15.3	11.0	11.1	7.6	16.8	15.2	16.9	7.2	-	10.8	15.2	13.7	14.6	13.7	19.1	15.1
26. <i>O. semitorques</i>	22.5	23.4	23.5	20.9	17.1	17.6	16.2	17.7	18.8	17.8	17.4	22.2	20.5	20.3	19.3	17.8	17.0	11.3	12.2	18.6	17.7	18.3	12.9	11.8	-	13.9	15.3	14.1	15.2	18.8	15.6	
27. <i>Pulsatrix leucotis</i>	21.2	19.3	18.2	19.7	13.9	14.3	14.7	14.3	13.7	13.8	14.6	19.4	18.3	17.2	15.6	15.7	14.2	16.1	17.1	14.0	13.9	12.7	12.3	13.8	13.7	15.0	-	12.0	11.9	13.4	16.8	15.4
28. <i>Pulsatrix perspicillata</i>	21.0	20.6	20.5	20.1	12.6	13.7	13.4	14.4	11.9	13.3	13.9	19.9	19.3	18.7	16.8	14.6	13.5	15.6	16.4	14.7	15.1	13.7	14.5	14.1	15.2	17.2	13.2	-	11.2	12.2	18.7	15.5
29. <i>Strix rufipes</i>	21.2	21.7	20.2	13.7	13.5	12.9	15.3	13.9	14.7	13.3	20.0	17.5	18.0	15.3	14.4	14.2	15.6	16.8	15.6	16.4	14.0	15.3	15.6	16.4	15.8	13.2	12.3	-	10.8	16.0	14.0	
30. <i>St. aluco</i>	23.0	20.2	20.6	20.7	15.9	15.3	13.8	14.8	14.7	14.1	15.0	21.6	21.2	19.9	17.7	13.8	15.5	16.6	16.7	15.8	18.0	15.6	16.7	15.7	15.3	17.1	15.1	13.5	11.9	-	18.8	15.2
31. <i>Surnia ulula</i>	22.7	22.2	23.5	20.1	20.7	21.1	21.4	22.3	21.6	21.8	21.3	18.1	15.7	16.6	19.3	21.3	19.5	20.3	22.6	22.9	20.8	20.0	21.4	22.3	22.2	21.8	19.2	21.7	18.2	22.0	-	16.9
32. <i>Ninox scutulata</i>	21.8	22.2	22.5	18.9	18.1	18.5	17.7	18.2	17.8	18.4	18.1	20.0	18.8	18.9	16.7	18.9	17.2	17.3	19.2	17.1	19.1	16.7	17.0	17.5	17.0	17.7	17.2	17.5	15.7	17.2	19.4	-

### 결과 및 고찰

한국산 올빼미류 5종과 Genbank에서 얻은 26종의 올빼미과 조류를 포함하여 모두 12속 31종의 mtDNA cyt *b* 염기서열을 이용하여 계통분석을 실시하였다.

올빼미과 31종의 mtDNA cyt *b* 염기서열을 alignment 결과 잘 정렬된 959개의 염기서열을 선택하여 계통분석에 이용하였다. 전체 959개의 염기서열 가운데 500개의 서열은 모든 분류군에서 동일하였고, 459개의 서열에서 변이가 확인되었다. 459개의 변이가 있는 서열 가운데 398개의 서열이 계통학적 정보를 가졌다. 염기서열의 비교에서 염기의 평균적인 빈도는 다른 염기에 비하여 G의 조성이 가장 적었다(A = 26.4%, C = 35.8%, G = 13.9%, T = 23.8%). G가 12.2%인 두루미류 (Krajewski



**Fig. 1.** Maximum likelihood tree (Quartet puzzling tree) showing the relationships among owls based on 959 bp mitochondrial cytochrome *b* sequence with *Gallus gallus* as the outgroup. The numbers above branches indicate quartet puzzling values (1000 puzzling steps).

and King, 1996), 12.3%인 파랑새류(Kirchman et al., 2001), 13.2%인 제비류(Whittingham et al., 2002) 등의 다른 조류와 비교하였을 때 올빼미류의 G 빈도가 조금 높게 나타났다. Ts/Tv는 평균 1.91로 나타났다.

Kimura two-parameter(Kimura, 1980)에 의한 genetic distance는 최대 24.2%에서 최소 1.5%까지의 범위로 나타났고, *p*-distance는 최대 19.8%에서 최소 1.5%까지의 범위를 나타내었다. 가장 유연관계가 높은 두 종은 *B. magellanicus*와 *B. virginianus*로 Kimura two-parameter(Kimura, 1980)와 *p*-distance 모두 가장 낮은 1.5%로 나타났다(Table 2).

유라시아 대륙에 넓게 분포하는 *B. bubo*(수리부엉이)는 아프리카 북부에 서식하는 *B. ascalaphus*와 가장 유연관계가 높은 것으로 나타났고, *Strix aluco*(솔부엉이)를 포함한 *Strix*속은 *Pulsatrix*속과 가장 가까운 것으로 나타났다. 한국산 *O. sunia*(소쩍새)는 유럽과 아프리카에 넓게 분포하는 *O. scops*와 가장 유전적 거리가 가까웠고(*p*-distance = 6.8%), *O. semitorques*(큰소쩍새)는 인도 대륙에 서식하는 *O. bakkamoena*와 10.1%의 *p*-distance 값을 가지면서 가장 가까운 유연관계를 보였다(Table 2).

올빼미과 조류의 mtDNA cyt *b* 유전자를 이용한 분석에서는 ML분석이 조류의 분류와 계통을 가장 잘 반영하는 tree로 알려져 있어(Wink and Heidrich, 1999), 본 연구에서도 ML분석을 중심으로 계통관계를 추론하였다.

기존의 올빼미과 조류의 계통분석에서 Ford(1967)는 두개골의 형태학적 연구에서 올빼미과를 Striginae(*Bubo/Strix/Otus*), Surniinae(*Aegolius/Ninox*), 그리고 Asioninae(*Asio*) 등의 세 개의 아과로 나누었다. 또한 Randi et al.(1991)은 allozyme 분석을 통하여 *Bubo*, *Strix*, 그리고 *Otus*속이 하나의 clade를 형성함을 보여주었고, Sibley and Ahlquist(1990)의 DNA-DNA hybridization 결과 역시 *Bubo/Strix/Otus* clade를 지지하였다. 본 분석에서 올빼미과는 크게 세 그룹으로 나뉘어졌다. Clade I은 *Aegolius* 1속으로 이루어졌으며, Clade II는 *Athene*, *Micrathene*, *Glaucidium*, *Surnia*속이 포함되었고, Clade III는 *Bubo*, *Nyctea*, *Pulsatrix*, *Strix*, *Otus*, *Ptilopsis*, *Ninox*속이 포함되었다(Fig. 1). 그 가운데 *Bubo*속, *Strix*속, 그리고 *Otus*속을 포함한 clade는 기존의 여러 연구에서 나타난 결과와 같이 단계통으로 확인되었다(Ford, 1967; Sibley and Ahlquist, 1990; Randi et al., 1991).

북극권에 분포하는 *Nyctea scandiaca*(흰올빼미)는 1속 1종의 monotypic속으로 형태적으로 *Bubo*속과는 차이가 있지만, *Bubo*속과의 유전적 거리가 8.2-12.8%(*p*-distance)로 유연관계가 가까워(Table 2) 최근에 *Bubo*속으로부터 분화된 그룹으로 추정된다.

Wink and Heidrich(1999)는 mt DNA cyt *b* 유전자 분석을 통하여 *Otus*속이 다계통임을 언급하였다. 이번에 추가된 한국산 *O. sunia*(소쩍새)와 *O. semitorques*(큰소쩍새)는 기존의 *O. scops*, *O. bakkamoena*, *O. lempiji* 종들과 더불어 Old World *Otus* clade에 속하는 것이 확인되었고, 북미산 *O. atricapillus*, *O. petersoni*, *O. roboratus* 등은 New World *Otus* clade로 분리되었는데, *Otus*속은 mtDNA cyt *b* 분석에서 생물지리적으로 서로 다른 2개의 그룹으로 형성되어 있는 것이 확인되었다.

최근에 *Otus*속에서 *Ptilopsis*로 전속이 된(König et al., 1999) *Pt. leucotis*는 Old World인 아프리카에 서식하지만 유전적 분석에서는 New World *Otus*와 가까운 유연관계를 보였다.

진화적으로 *Otus*속은 Old World *Otus*에서 기원되어 New World로 전파되고, 지리적으로 분리되면서 종분화와 속내 분화가 서로 다른 속도로 일어난 것으로 추정된다. *Otus*속의 분리나 New World로의 전파 경로 및 분화속도를 규명하기 위해서는 더 많은 *Otus*속의 종들에 대한 유전자 분석과 계통학적 연구가 요구된다.

## 참 고 문 헌

- Bleiweiss, R., J. A. W. Kirsch and F. J. Lapointe, 1994. DNA-DNA hybridization based phylogeny for “higher” non passerines: reevaluating a key portion of the avian family tree. *Mol. Phylogenet. Evol.*, **3**: 248-255.
- Cracraft, J., 1981. Toward a phylogenetic classification of the recent birds of the world (class Aves). *Auk*, **98**: 681-714
- Desjardins, P. and R. Morais, 1990. Sequence and gene organization of the chicken mitochondrial genome: A novel gene order in higher vertebrates. *J. Mol. Biol.*, **212**: 599-634.
- Dunham, S., 1996. Phylogeny of owls (Strigiformes) based on mitochondrial cytochrome-b sequences. University of Nevada, DM Thesis, pp. 1-58.
- Ford, N. L., 1967. A systematic study of the owls based on comparative osteology. University of Michigan, PhD Thesis, pp. 1-139.
- Kimura, M., 1980. A simple method for estimating evolutionary rate of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences. *J. Mol. Evol.*, **16**: 111-120.
- Kirchman, J. J., S. J. Hackett, S. M. Goodman and J. M. Bates, 2001. Phylogeny and systematics of ground rollers (Brachypteraciidae) of Madagascar. *Auk*, **118**: 849-863.
- König, C., F. Weick and J. H. Becking, 1999. OWLS: A guide to the owls of the world. Yale University Press, New Haven, pp. 1-462.
- Krajewski, C. and D. G. King, 1996. Molecular divergence and phylogeny: Rates and patterns of cytochrome *b* evolution in cranes. *Mol. Biol. Evol.*, **13**: 21-30.
- Kumar, S., K. Tamura, I. B. Jakobsen and M. Nei, 2001. MEGA2: Molecular evolutionary genetics analysis software. Arizona State University, Tempe.
- Mindell, D. P., M. D. Sorenson, C. J. Huddleston, H. C. Miranda, Jr., A. Knight, S. J. Sawchuk and T. Yuri, 1997. Phylogenetic relationships among and within select avian orders based on mitochondrial DNA. *In* Mindell, D. P., ed., *Avian Molecular Evolution and Systematics*. Academic Press, San Diego, pp. 213-247.
- Randi, E., G. Fusco, R. Lorenzini and F. Spina, 1991. Allozyme divergence and phylogenetic relationships within the Strigiformes. *Condor*, **93**: 295-301.
- Rebbholz, W. E. R., L. E. M. De Boer, M. Sasaki, R. H. R. Belterman and C. Nishida-Umegara, 1993. The chromosomal phylogeny of owls (Strigiformes) and new karyotypes of seven species. *Cytologia*, **58**: 403-416.
- Sibley, C. G. and J. E. Ahlquist, 1990. *Phylogeny and Classification of Birds: A Study in Molecular Evolution*. Yale University Press, New Haven, pp. 1-976.
- Sibley, C. G., J. E. Ahlquist and B. L. Monroe, 1988. A classification of the living birds of the world based on DNA-DNA hybridization studies. *Auk*, **105**: 279-292.
- Swofford, D. L., 2002. PAUP\*. Phylogenetic analysis using parsimony and other methods. Version 4.0b10. Sinauer Associates, Sunderland.
- Thompson, J. D., D. G. Higgins and T. J. Gibson, 1997. CLUSTALW: improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, position specific gap penalties and weight matrix choice. *Nucleic Acid & Res.*, **22**: 4673-4680.
- Whittingham, L. A., B. Slikas, D. W. Winkler and F. H. Sheldon, 2002. Phylogeny of the tree swallow genus,

- Tachycineta* (Aves: Hirundinidae), by Bayesian analysis of mitochondrial DNA sequences. *Mol. Phylogenet. Evol.*, **22**: 430-441.
- Wink, M. and P. Heidrich, 1999. Molecular evolution and systematics of the owls (Strigiformes). *In* König, C., F. Weick and J. H. Becking, eds., *A Guide to the Owls of the World*, Yale University Press, New Haven, pp. 39-57.
- 한국동물분류학회, 1997. 한국동물명집. 아카데미서적, 서울, pp. 284-298.

RECEIVED: 21 August 2003

ACCEPTED: 24 September 2003

## Molecular Phylogeny of the Family Strigidae (Aves) Based on Mitochondrial Cytochrome *b* Gene

Shi Hyun Ryu and Hee Cheon Park\*

(Department of Biology, College of Natural Sciences, Kyungpook National University, Daegu 702-701, Korea)

### ABSTRACT

Phylogenetic analysis of 31 species representing 12 genera in the family Strigidae (Aves: Strigiformes) including 5 species (*Bubo bubo*, *Otus sunia*, *O. semitorques*, *Ninox scutulata*, *Strix aluco*) collected from Korea has been undertaken using nucleotide sequences of the mitochondrial cytochrome *b* gene. Maximum likelihood analysis was performed and pairwise genetic distances were calculated with Kimura's two-parameter and p-distance. Among well-aligned 959 bp used for this study, 459 sites were variable and 398 sites were informative for the phylogenetic analysis. The family Strigidae was divided into three subgroups, Clade I (*Aegolius*), Clade II (*Athene*, *Micrathene*, *Glaucidium* and *Surnia*) and Clade III (*Bubo*, *Nyctea*, *Pulsatrix*, *Strix*, *Otus*, *Ptilopsis*, and *Ninox*). Also, two separated subgroups in the genus *Otus* were confirmed by the geographical distribution.