

## 멸종위기종, 상제나비(나비목, 흰나비과)의 보전을 위한 DNA 바코드 특성 분석

박해철<sup>1\*</sup> · 한태만<sup>1</sup> · 강태화<sup>2</sup> · 이대암<sup>3</sup> · 김성수<sup>4</sup> · 이영보<sup>1</sup>  
<sup>1</sup>국립농업과학원 곤충산업과, <sup>2</sup>농림축산검역본부 식물검역기술개발센터,  
<sup>3</sup>영월곤충박물관 곤충자연생태연구소, <sup>4</sup>동아시아환경생물연구소

### DNA barcode analysis for conservation of an endangered species, *Aporia crataegi* (Lepidoptera, Pieridae) in Korea

Hae Chul Park<sup>1\*</sup>, Taeman Han<sup>1</sup>, Tae Wha Kang<sup>2</sup>, Dae-Am Yi<sup>3</sup>, Sung-Soo Kim<sup>4</sup> and Young Bo Lee<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Applied Entomology Division, National Academy of Agricultural Science, RDA, Suwon 441-100, Republic of Korea

<sup>2</sup>Plant Quarantine Technology Venter, Animal and Plant Quarantine Agency, Suwon, Republic of Korea

<sup>3</sup>Yeongwol Insectarium Center for the Study of Insect Ecology, Yeongwol, 230-874, Republic of Korea

<sup>4</sup>Research Institute for East Asian Environment and Biology, Seoul, Republic of Korea

(Received September 27, 2013, Accepted October 22, 2013)

#### ABSTRACT

*Aporia crataegi*, an Korean endangered species, was first analyzed for DNA barcode sequences based on 28-year-old dried specimens and compared barcode characters with 36 individuals of ten geographical populations of Eurasia. They were revealed to consist of five different haplotypes. Among them, haplotype I was mostly extensive and high frequency with 75%. The south Korean individuals were confirmed to be belonging to haplotype I and have no genetic isolation on *COI* gene. By these results, we consider that selection of the identical haplotype from other geographical populations may be a requirement prior to performing for conservation and restoration of the Korean population. We also propose to analyse the additional genetic markers in order to understand a more accurate genetic structures between haplotypes of this species.

**Key words :** Lepidoptera, Pieridae, *Aporia crataegi*, DNA barcode, Haplotype, Conservation

#### 서 론

상제나비는 흰나비과의 *Aporia*속에 속하며, 날개의 바탕이 희고 맥이 검다. 이 종의 애벌레는 장미과의 개살구 나무와 털야광나무를 식초로 삼고, 3령으로 겨울을 나서 이듬해 5-6월에 성충으로 1회 발생한다(Kim and Seo 2012). 또한 이 나비는 광역 분포 종으로 유럽부터 극동 아시아 까지 유라시아 대륙의 한대지역에 넓게 분포하며, 우리나라가 동아시아 분포의 남한계이다(Paek and Shin 2010). 특히, 한반도에서는 북부 산지에 많이 분포하지만, 남한에서는 드물게 경기도 명지산(Korean Amateur Lepidopterist 1986)과 양구(1978) 및 양구군 남면(1981)의 기록이 있고(Korean Amateur Lepidopterist 1989), 1980년 말 영월

군 창원리(쌍룡)에 꽤 많은 개체수가 발견된 적도 있었다(Kim 1992).

상제나비의 보전 가치를 평가한 자료를 보면, 초기에는 비교적 많은 분포집단을 가진 북한에 비해 남한에는 집단 규모가 아주 작고 희소성이 인정되어 희귀종으로 등재(Kim 1981, Shin 1990)되기 시작하였다. 법적인 조치는 1989년 환경청의 특정야생동식물종으로, 1998년에는 환경부 멸종위기야생동식물로 지정 보호되어 왔고(Park and Kim 2001), 2005년부터는 멸종위기야생동식물 1급 종으로 평가되었다(Ministry of Environment 2005). 하지만, 영월군 쌍룡과 그 주변의 집단분포가 확인되면서 향후 개체수의 감소가 없을 것으로 예상되어, 법적 보호종에서 상제나비를 삭제해도 된다는 주장(Kim and Hong 1990)

\*Corresponding author. E-mail: culent@korea.kr

**Table 1.** Collection and voucher information for specimens used in this study

Sample no.	Species	Locality	Date collected	Stored	Voucher no.	Accession no.	Reference
1	<i>Aporia crataegi</i>	Korea, GW, Yeongwol	6. VI. 1986	Dried	L1972	KF709963	This study
2	<i>A. crataegi</i>	Korea, GW, Yeongwol	6. VI. 1986	Dried	L1973	KF709964	This study
3	<i>A. crataegi</i>	China, San Daogou	30. VI. 2000	Dried	L2277	KF709965	This study
4	<i>A. crataegi</i>	China Jilin	VII. 2013	Dried	8282	KF709966	This study
5	<i>A. crataegi</i>	China, Jilin	VII. 2013	Dried	8283	KF709967	This study
6	<i>A. crataegi</i>	China, Jilin	VII. 2013	Dried	8284	KF709968	This study
7	<i>A. crataegi</i>	China, Jilin	VII. 2013	Dried	8285	KF709969	This study
8	<i>A. crataegi</i>	Russia, Ussurisk	26. VI. 1990	Dried	8286	KF709970	This study
9	<i>A. crataegi</i>	Russia, Ussurisk	22. VI. 1991	Dried	8288	KF709971	This study
10	<i>A. crataegi</i>	Russia, Ussurisk	15. VII. 1994	Dried	8289	KF709972	This study
11	<i>A. crataegi</i>	Spain, Barcelona	9. V. 2006	–	–	JN827862	Carnicer et al. (2013)
12	<i>A. crataegi</i>	Spain, Catalonia	2. V. 2008	–	–	JN827863	Carnicer et al. (2013)
13	<i>A. crataegi</i>	Spain, Catalonia	4. VI. 2008	–	–	JN827864	Carnicer et al. (2013)
14	<i>A. crataegi</i>	Spain, Catalonia	5. VII. 2008	–	–	JN827865	Carnicer et al. (2013)
15	<i>A. crataegi</i>	Germany, Bavaria	–	–	–	HM393180	Hausmann et al. (2011)
16	<i>A. crataegi</i>	Germany, Bavaria	10. VI. 2009	–	–	GU688508	Hausmann et al. (2011)
17	<i>A. crataegi</i>	Germany, Bavaria	15. VI. 2008	–	–	JF415668	Hausmann et al. (2011)
18	<i>A. crataegi</i>	Romania, Transylvania	7. VII. 2006	–	–	HQ003986	Dinca et al. (2011)
19	<i>A. crataegi</i>	Romania, Muntenia	27. V. 2000	–	–	HQ003987	Dinca et al. (2011)
20	<i>A. crataegi</i>	Romania, Moldavia	3. VI. 2008	–	–	HQ003988	Dinca et al. (2011)
21	<i>A. crataegi</i>	Romania, Transylvania	1. VI. 2007	–	–	HQ003989	Dinca et al. (2011)
22	<i>A. crataegi</i>	Romania, Muntenia	26. V. 2008	–	–	HQ003990	Dinca et al. (2011)
23	<i>A. crataegi</i>	Romania, Transylvania	29. V. 2006	–	–	HQ003991	Dinca et al. (2011)
24	<i>A. crataegi</i>	Romania, Transylvania	13. VI. 2006	–	–	HQ003992	Dinca et al. (2011)
25	<i>A. crataegi</i>	Romania, Transylvania	1. VI. 2007	–	–	HQ003993	Dinca et al. (2011)
26	<i>A. crataegi</i>	Italy, Tolfa	2001	–	–	DQ463376	Shapiro et al. (2007)
27	<i>A. crataegi</i>	Europe	–	–	–	EU141361	Wahlberg and Wheat (2008)
28	<i>A. crataegi</i>	Mongolia	VII. 2010	–	–	JN796473	Park et al. (2012)
29	<i>A. crataegi</i>	Kazakhstan	6. VI. 1999	–	–	FJ663270	Lukhtanov et al. (2009)
30	<i>A. crataegi</i>	Kazakhstan	6. VI. 1999	–	–	FJ663271	Lukhtanov et al. (2009)
31	<i>A. crataegi</i>	Kazakhstan	6. VI. 1999	–	–	FJ663272	Lukhtanov et al. (2009)
32	<i>A. crataegi</i>	Kazakhstan	28. V. 1997	–	–	FJ663273	Lukhtanov et al. (2009)
33	<i>A. crataegi</i>	Kazakhstan	28. V. 1997	–	–	FJ663274	Lukhtanov et al. (2009)
34	<i>A. crataegi</i>	Kazakhstan	28. V. 1997	–	–	FJ663275	Lukhtanov et al. (2009)
35	<i>A. crataegi</i>	Kazakhstan	28. V. 1997	–	–	FJ663276	Lukhtanov et al. (2009)
36	<i>A. potanini</i>	China, Heilongjinag	–	–	–	EF584852	Xu and Hao (unpublished)
37	<i>A. bieti</i> *	China, Yunnan	–	–	–	EF584850	Xu and Hao (unpublished)

Sample nos.1-36 are treated as the ingroup, \*Outgroup taxon, GW, Gangwon-doprovince.

이 나오기까지 하였다. 그럼에도 불구하고, 1997년의 발견 기록만 남긴 채 몇 년 사이에 급속히 수가 줄어들었고 최근에는 공식적으로 서식 개체가 확인되지 않고 있다(Park 2005). 상제나비의 급격한 감소와 절멸위기의 원인으로서는 좁은

지역에서 발생한 개체에 대한 남획과 기후온난화 가능성이 제기되었고(Park 2005), Choi and Kim (2011)은 기후온난화와 서식지인 관목림 상태의 서식지의 축소가 감소 원인으로 제시하였다. 하지만, 상제나비의 남한 집단에 대

한 생태 및 집단유전학적 연구가 수행되기도 전에 남한에서는 절멸위기의 상황이 되어 버렸다.

상제나비는 종 자체로 보면, 유라시아 대륙 대부분에 분포하는 광역 분포 종으로, 남한과 인접한 북한 또는 아무르 지역 등의 동북아 지역에 비교적 풍부한 집단을 유지하고 있으므로 종 자체의 보전 가치가 낮을 수도 있다. 하지만 남한의 원 집단 분포지는 소수였으며, 인간 간섭이 그의 급감한 원인이었기 때문에 곤충자원의 관리와 보전 노력은 더욱 필요하다고 할 수 있다(Park and Kim 2001).

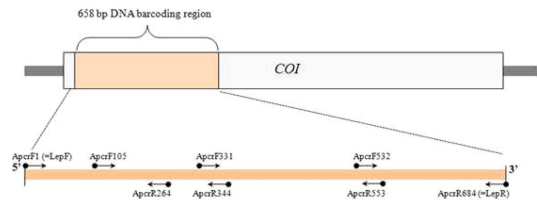
최근 상제나비에 대한 유전자 분석 연구는 미토콘드리아의 *COI* (*cytochrom c oxidase subunit I*)을 대상으로 한 DNA 바코드 분석이 유럽산과 중앙아시아산을 대상으로 수행(Shapiro et al. 2007, Wahlberg and Wheat 2008, Lukhtanov et al. 2009, Hausmann et al. 2011, Dinca et al. 2011, Carnicer et al. 2013, Xu and Hao unpublished)된 바 있으며, 몽골산을 대상으로 한 미토콘드리아 계통(Park et al. 2012)이 분석되었다. 하지만 한국산 개체에 대한 유전적 분석은 생체나 최근 표본이 없어 시도되지 못하고 있는 실정이었다. 이에 28년 된 상제나비의 장기건조 표본에서 DNA 바코드 분석을 시도하였고, 아울러 중국, 러시아의 지역 집단을 포함한 DNA 바코드 라이브러리를 구축하면서 지역집단간의 유전적 다양성을 밝히고자 하였다. 또한 haplotype 분석을 통하여 유전자 수준에서 남한 집단과 가장 근접한 지역 집단을 찾고, 향후 상제나비 국내 집단의 복원을 위한 기초 자료로 활용하고자 하였다.

## 재료 및 방법

본 연구에서 새롭게 분석된 상제나비는 모두 건조표본으로 한국산 2개체, 중국산 5개체, 러시아산 3개체를 포함하여 총 10개체에 대한 DNA 바코드 분석을 실시하였다(Table 1). 계통 DNA는 성충의 다리를 적출한 후 QIAamp DNA Mini kit (Qiagen, Korea)를 사용하여 100  $\mu$ l를 추출하였다. 중합효소연쇄반응(PCR)은 상제나비에 대

한 종 특이 프라이머를 Park et al. (2012)에 의해 분석된 *COI* 염기 서열을 참고하여 DNA 바코드 영역 658 bp 증폭을 목적으로 하는 8개의 프라이머를 새롭게 디자인하여 적용하였다(Table 2). 각각의 프라이머는 증폭 길이 152 bp ~ 265 bp 구간으로 선택적으로 프라이머세트를 구성하여 적용하였다(Fig. 1). PCR 증폭에는 AccuPower PCR PreMix (Bioneer, Korea)를 이용하여 초기변성은 94°C에서 5분, 목적 단편 구간 증폭은 94°C에서 30초, 48°C에서 25초, 72°C에서 45초로 35회 반복하였으며, 최종 확장은 72°C에서 3분을 가하였다. PCR 산물은 7% 아가로스겔에서 모니터링 하여 증폭 여부를 확인한 후 QIAquick PCR Purification Kit (Qiagen, Korea)를 이용하여 정제하고, 시퀀싱 반응은 automated DNA analyzer (ABI 3730 xl 96-capillary DNA analyzer; Applied Biosystems, USA)로 분석하였다. 분석된 염기 서열은 GenBank에 등록하였다.

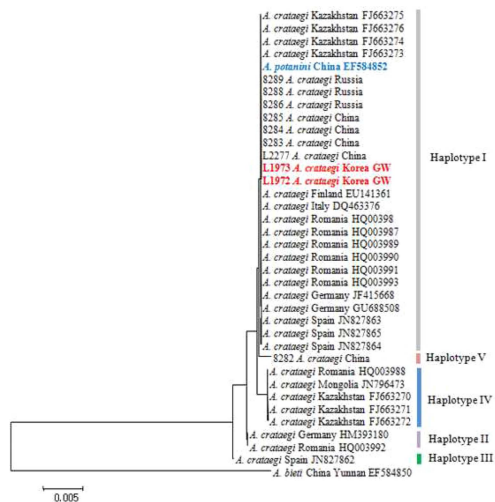
DNA 바코드 염기 서열 분석을 위하여 이번에 새롭게 분석한 10개체와 상제나비로 NCBI에 등록되어 있는 스페인산 4개체(Carnicer et al. 2013), 독일산 3개체(Hausmann et al. 2011), 루마니아산 8개체(Dinca et al. 2011), 이탈리아 1개체(Shapiro et al. 2007), 핀란드산 1개체(Wahlberg and Wheat 2008), 몽골산 1개체(Park et al. 2012), 카자흐스탄산 7개체(Lukhtanov et al. 2009) 등 25개체 서열 정보를



**Fig. 1.** PCR strategy for retrieving *COI* sequences from dried specimens of *Aporia crataegi*. Primer binding site of each species-specific primer for *Aporia crataegi* within the 658 bp DNA barcoding region. Each primer was alternatively coupled such as AprF1/AprR264, AprF105/AprR264, AprF331/AprR553 and AprF532/AprR684, etc that is expected to retrieve the full length of barcoding region.

**Table 2.** The species-specific primers for *Aporia crataegi* in this study.

Species	Primer	Sequence(5'→3')	Length (mer)	GC%	Tm
<i>Aporia crataegi</i>	ApcrF1 (=LepF)	ATTCTACTAATCATAAAGATATTGG	25	24.0	56.0
	ApcrF105	AACCCTGGTCTTTAATTGG	20	40.0	54.3
	ApcrF331	TTGAAAATGGAGCAGGAACA	20	40.0	54.3
	ApcrF532	TATGAGCCGTTGGIATTACAG	21	42.9	57.4
	ApcrR264	GTGGGAAAGCTATATCTGGAG	21	47.6	59.4
	ApcrR344	TGCTCCATTTTCAACAATTC	20	35.0	52.3
	ApcrR553	GCTGTAATACCAACGGCTCA	20	50.0	58.4
	ApcrR684 (=LepR)	TAAACTTCTGGATGACCAAAAATCA	26	30.8	60.0



**Fig. 2.** Neighbor-joining phenogram of *COI* gene of *Aporia crataegi* including ten geographical populations.

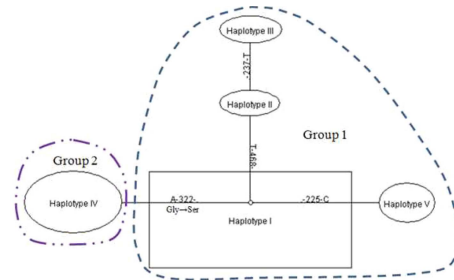
**Table 3.** Pairwise distance of cytochrome c oxidase subunit I between haplotypes of *Aporia crataegi*

Haplotype	Betweenspecies				
	Haplotype I	Haplotype II	Haplotype III	Haplotype IV	Haplotype V
Haplotype I					
Haplotype II	0.0018				
Haplotype III	0.0035	0.0018			
Haplotype IV	0.0018	0.0035	0.0053		
Haplotype V	0.0018	0.0035	0.0053	0.0035	
<i>C.inducta</i> *	0.0650	0.0630	0.0610	0.0630	0.0630

Numbers are indicated as mean (minimum-maximum) of the pairwise distance.

이용하여 총 35개체 및 중국산 *A. potanini*도 포함하였으며, outgroup으로는 *A. bieti*를 사용해 총 10개 지역개체군 37개체에 대한 데이터셋을 구성하여 시험에 이용하였다(Table 1). 658 bp 염기 서열의 데이터셋 중 일부 분석한 개체에서의 missing sequence data는 haplotype 분석에서 잠재적인 오류를 도출하기 때문에 모두 삭제하여 최종적으로 567 bp 길이로 보정된 후 분석하였다.

DNA 바코드 염기 서열의 정렬 및 유전적 분화율 및 neighbour-joining(NJ) 분석은 MEGA 5.2(Tamura et al. 2011)를 이용하였다. Haplotype 분석은 TCS 1.21 (Clement et al. 2000)을 이용하여 NJ tree에 적용시켰다.



**Fig. 3.** Haplotype network of *COI* gene for ten geographical populations of *Aporia crataegi*. The haplotype in a square box denotes the largest root probability.

## 결과 및 고찰

### 1. 상제나비의 DNA 바코드 특성

567 bp 염기 서열을 대상으로 한 *COI*의 분화율은 상제나비와 *A. bieti*는 중간에 6.10~6.50% 차이로 뚜렷이 구분되었다. 하지만 중국산 *A. potanini* (EF584852)는 상제나비 35 분석 개체와 종내 변이 수준(0~0.35%)만을 보였으며, 상제나비 haplotype I에 포함되어 종간의 특성이 없어 이 종에 대한 오동정 여부 또는 분류학적 지위를 재검토해야 할 것으로 보인다(Fig. 2).

상제나비 35개체 내의 *COI* 유전자 분화율은 0.00~0.53%로 종내 변이수준이었으며, 총 5개의 haplotype을 구성하였다(Fig 2, Table 3). Haplotype I은 27개체(75%)였으며, 몽골산을 제외한 9개 지역 개체군 모두 포함되고 있었다. 두 번째로 빈도가 높은 haplotype IV는 5개체(13.9%)로 각각 루마니아산, 몽골산, 카자흐스탄산 개체들로 구성되어 있었다. Haplotype II는 2개체(5.6%)였으며, haplotype III과 V는 각각 1개체였다. 이 중 한국산 2개체는 haplotype I에 속하였다. Haplotype간 유전적 변이는 haplotype III을 haplotype IV과 V를 비교하였을 때 0.53%로 가장 큰 것으로 나타났다. 특이점으로는 이들 haplotype간 염기치환은 전체 567 bp 염기 서열에서 모두 4 개의 염기 위치로 각각 225번째(T→C), 237번째(C→T), 322번째(G→A), 468번째(C→T)였다(Fig. 3). 225번째, 237번째 염기 위치는 동의적 치환(synonymous substitution)인 동시에 singleton position이었으나, 468번째 위치는 동의적 치환인 동시에 haplotype II와 III에 대한 informative position이었다. 예외적으로 322번째 위치는 아미노산 서열로 전환하였을 때 108번째 코돈의 첫 번째 위치에서 일어난 돌연변이로 GGA가 AGA 치환되어 글리신(Gly)이 아닌 세린(Ser)을 지시하는 것을 확인하였고, 이는 haplotype IV에 속하는 개체들만이 갖는 특징이었다(Fig. 3). 결과적으로 10 지역 개체군에 대한 개체들은 크게 5종류의 haplotype들이 있음을 확인하였다. 이들 중 108번째 아미노산 돌연변이 유무

에 따라 두 개의 유전자 풀 그룹으로 나뉘는데, 그룹 1은 클리신을 갖는 개체들로 haplotype I, II, III, V가 포함되고, 그룹 2는 세린을 갖는 개체들로 haplotype IV에 속한다. 하지만 분석개체들 중에서 유전적 분화가 가장 먼저 일어난 것으로 추정되는 것은 haplotype III이며, 이후 Haplotype II가 갈라진 것으로 보인다. 그룹 2의 haplotype IV는 haplotype I과 V가 분화되기 이전에 어떠한 돌연변이압(mutation pressure)에 의해 독특하게 분화된 것으로 판단된다. 한국산 개체가 포함되어 있는 haplotype I은 우리나라를 포함하여 유럽까지 광범위한 지역에 안정적이고 고정적인 유전자풀을 유지하고 있는 것으로 사료된다.

## 2. 상제나비 보전을 위한 추가적인 연구의 제언

상제나비는 형태분류학적으로 9개의 아종으로 이루어져 있으나, 변이성이 매우 약하기 때문에 이들의 분류학적 지위가 의심스러운 것으로 보고 있다(Tuzov 1997). 반면 COI 염기 서열을 이용한 상제나비의 DNA 바코드를 분석한 결과, 우리나라를 포함한 유라시아 10개 지역 개체군들은 총 5개의 haplotype으로 구성되었고, 특히, 남한산 영월 개체들은 가장 빈도가 우세한 haplotype I에 속하는 것으로 확인되었다. 또한 광역 분포종인 상제나비의 haplotype들이 각각의 빈도는 다를지라도 동일 지역에서도 혼재되어 있음이 밝혀졌다. 이는 상제나비가 남한에서만 귀할 뿐, 인접 러시아 극동지역에서는 매우 흔하고, 러시아의 다른 지역에서는 여러 번 발생(1-3세대 또는 그 이상)이 가능하며, 식초(2개과 등: 장미과, 월귤과 등) 다양성이 큰 것과 관련 있을 것으로 보인다(Tuzov 1997). 우리의 DNA 바코드를 통한 결과로도 남한산 개체군이 고립된 수많은 지역 집단인 메타개체군 중의 하나라고 간주하기는 어렵다는 결론에 도달하였다.

그럼에도 불구하고, 향후에 상제나비 종 복원 사업에서 타 지역 집단의 개체를 도입하려고 할 때, COI haplotype 분석을 통해 동일 haplotype 개체인지를 확인하는 것은 유전적 근연 집단을 찾는 데 매우 중요한 일임을 제시해준다. 하지만, 이번 연구보다 더 다양한 분포지역을 포함하는 상제나비의 유전적 변이를 microsatellite DNA 분석을 시도할 필요가 있다. 종 복원 사업을 진행하기 전에 이 같은 한 차원 높은 유전적 변이분석을 수행하게 된다면, 지리적 집단 간의 유전자 흐름과 남한 개체군의 유전적 구조의 정도를 세밀하게 파악하게 되어 남한산 상제나비 집단의 유전적 특성 뿐 아니라 근처 집단을 더 명확하게 구별할 수 있기 때문이다.

## 적 요

멸종위기종인 남한산 상제나비의 28년 된 장기 건조표

본을 이용하여 DNA 바코드 염기 서열을 최초로 분석하고, 이를 유라시아 10 지역 개체군 36개체들과 COI 특성을 비교해 보았다. 이들 개체군에서 총 5개의 haplotype을 확인하였고, haplotype I은 75%로 가장 높은 빈도를 나타내었으며, 유라시아 전 지역에 광범위하게 분포하고 있음을 확인하였다. 남한산 개체들은 모두 haplotype I에 속하고 있어 COI 유전자 상에서는 지역 고립성이 없는 것으로 밝혀졌다. 이 결과로 추후 남한산 상제나비 보전 및 복원은 타 지역 개체군 중 동일 haplotype 선별이 필수 조건으로 판단되나, 좀 더 정교한 평가를 위해서는 추가적인 마커를 이용한 분석이 필요할 것으로 제안한다.

## 감사의 글

이 연구는 2013년도 농촌진흥청 국립농업과학원 기관고유사업(과제번호: PJ00680101)과 공동연구과제(PJ008983012013)에 따라 수행한 결과로 작성하였습니다.

## 인용문헌

- Carnicer J, Stefanescu C, Vila R, Dincă V, Font X, Peñuelas J (2013) A unified framework for diversity gradients: the adaptive trait continuum. *Global Ecol Biogeogr* **22**, 6-18.
- Choi SW, Kim SS (2012) The past and current status of endangered butterflies in Korea. *Ent Sci* **15**, 1-12.
- Clement M, Posada D, Crandall K A (2000) TCS: a computer program to estimate gene genealogies. *Mol Ecol* **9**, 1657-1659.
- Dincă V, Zakharov EV, Hebert PDN, Vila R (2011) Complete DNA barcode reference library for a country's butterfly fauna reveals high performance for temperate Europe. *Pro Royal Soc B* **278**, 347-355.
- Hausmann A, Haszprunar G, Segerer AH, Speidel W, Behounek G, Hebert PDN (2011) Now DNA-barcoded: the butterflies and larger moths of Germany. *Spixiana (Suppl.)* **34**, 47-58.
- Kim CW (1981) Insects: Rare and endangered species in Korea. pp 30-153. Korean Asso Conser Nature, Seoul.
- Kim HC (1992) Butterfly-fauna of Changwon-ri area in Yongwol-gun, Kangwon-do. *Amateur Lep Soc Korea* **5**, 6-12.
- Kim SS, Seo MH (2012) Life histories of Korean Butterflies. Sakyjeul Publishing Co.
- Kim YS, Hong SP (1990) Review of main butterflies species protected under Korean Law. *Amateur Lep Soc Korea* **3**, 9-16.
- Korean Amateur Lepidopterist (1986) list of butterflies from Kyeonggi-do, Korea. *Amateur Lep Soc Korea* **1**, 1-19.
- Korean Amateur Lepidopterist (1989) Butterfly-fauna of Kangwon-do, Korea. *Amateur Lep Soc Korea* **1**, 1-19.
- Lukhtanov VA, Sourakov A, Zakharov EV, Hebert PDN (2009) DNA barcode central Asian butterflies: increasing geographical dimension does not significantly reduce the success of species identification. *Mol Eco Res* **9**, 1302-1310.
- Ministry of Environment (2005) Endangered plants and animals in

- Korea. Ministry of Environment, Seoul.
- Paek MK, Shin YH (2010) Butterflies of the Korean peninsula. In: Cho, YK(eds) <Nature & Ecology> Academic Series 1, Nature & Ecology press, Seoul.
- Park HC (2005) Endangered plants and animals: insect 4: *Aporia*. <http://www.hani.co.kr/kisa/section-010003000/2005/12/010003000200512061709348.html>.
- Park HC, Kim SS (2001) Study on current and new proposal of endangered plants and animals in Korea. Insects. pp 91-114. Ministry Enviro Kor Asso Conser Nat, Seoul.
- Park JS, Cho Y, Kim MJ, Nam SH, Kim I (2012) Description of complete mitochondrial genome of the black-veined white, *Aporia crataegi* (Lepidoptera: Papilionoidea), and comparison to papilionoid species. J Asia-Paci Ento **15**, 331~341.
- Shapiro AM, Forister ML, Fordyce JA (2007) Extreme high-altitude asian and andean Pierid butterflies are not each others' closest relatives. Arc Anta Alp Rese **39**, 137~142.
- Shin YH (1990) Study on survey of rare and threatened plants and animals in Korea. Insects. Bull Kor Asso Con Nat **10**, 145~169.
- Tamura K, Peterson D, Peterson N, Stecher G, Nei M, Kumar S (2011) MEGA5: Molecular evolutionary genetics analysis using maximum likelihood, evolutionary distance, and maximum parsimony methods. Mol Bio Evo **28**, 2731~2739.
- Tuzov VK (1997) Guide to the butterflies of Russia and adjacent territories. Pensoft Publishers, Sofia, Bulgaria and Moscow, Russia.
- Wahlberg N, Wheat CW (2008) Genomic outposts serve the phylogenomic pioneers: Designing novel nuclear markers for genomic DNA extractions of Lepidoptera. Sys Bio **57**, 231~242.