

미토콘드리아 DNA의 염기서열을 이용한 하늘소 종(딱정벌레목: 하늘소과)의 유전적 분화 및 계통적 관련

윤형주, 배진식¹, 진병래¹, 마영일, 문재유, 손흥대¹
농업과학기술원 잠사곤충부, ¹동아대학교 생명자원과학대학

본 연구는 하늘소과(Cerambycidae)의 하늘소아과(Cerambycinae), 깔다구하늘소아과(Disteniniinae), 목하늘소아과(Lamiinae) 및 꽃하늘소아과(Lepturinae) 등 4아과에 속해있는 16종의 하늘소 종의 유전적 분화 및 계통분류학적 관련을 파악하고자 하였다. 이를 위하여 mtDNA의 COI 유전자 및 16S rRNA 유전자 일부의 염기서열 (각 394bp 및 502-548bp)을 분석하였으며, 아울러 하늘소붙이과(Oedemeridae)의 노랑하늘소붙이(*Xanthochroa luteipennis*)의 동일부위 염기서열을 사용하였다. 16종의 하늘소 종간의 COI 및 16S rRNA 유전자의 동일부위 염기서열 그리고 COI 유전자의 아미노산 분화정도를 비교한 결과, COI 유전자의 경우 14.2-37.1%, 16S rRNA의 유전자의 경우 6.7-50.1% 그리고 COI 아미노산의 경우 3.1-36.6%의 유전적 차이를 나타내어 상당한 유전적 차이를 나타내었다. 가장 큰 유전적 분화를 나타낸 종은 COI 유전자에서는 다른 하늘소 종과 31.2-37.1%의 유전적 차이를 나타낸 톱하늘소(*Prionus insularis*)가, 16S rRNA 유전자에서는 다른 하늘소종과 32.8-36.6%를 보인 버들하늘소(*Megopis sinaca*)가 본 연구에서 이용한 다른 하늘소 종과의 비교시 가장 큰 유전적 차이를 나타내어 유전자 부위에 따라 차이가 있었으며, 이는 이를 제외한 다른 하늘소 종과 하늘소과가 아닌 노랑하늘소붙이 (*Xanthochroa luteipennis*) 간의 COI과 16S rRNA 유전자 분화율보다 오히려 더 크게 나타나 하늘소과 내의 높은 유전적분화율을 확인하였다. 또한 버들하늘소(*Megopis sinaca*)는 16S rRNA 유전자의 염기서열 길이 자체에 있어서도 548bp로 이를 제외한 다른 하늘소 종이 504-510bp를 나타내는 것과 비교해 상당한 차이를 나타내었다. COI 및 16S rRNA 유전자의 염기서열 및 COI 유전자의 아미노산의 서열을 이용하여 PAUP 및 PHYLIP에 의한 계통분류학적 분석결과 꽃하늘소아과(Lepturinae)만이 강력한 단일 그룹을 형성하여 이 부분에 관한 추가적인 연구가 요망된다.