

한국산 털보톡토기과(곤충강)의 표현형과 효소유전자형질에 대한 분지분석

이병훈 · 박경화*

전북대학교 사범대학 생물교육과

한국산 털보톡토기과(Collembola, Insecta)의 계통유연관계를 알아보기 위해 이 과에 속하는 3개속(*Sinella*, *Entomobrya*, *Homidia*)의 6종과 가시톡토기과의 1종(*Tomocerus kinoshitai*)에 대하여 모서식과 형태적 조사 외에 전기영동을 이용한 효소분석을 실시하였다. 이들 모든 조사에서 32개의 형태형질과 33개의 모서식형질 및 80개의 효소유전자 형질을 얻어 분지분석하였는데, 이중 효소유전자에 대해서는 UPGMA방법도 적용하였다.

이러한 분석 결과 다양한 분지도를 얻었으나, *Homidia*종들은 언제나 두개의 무리로 분리되었으며, *Homidia munda*의 두 아종이 가장 유연관계가 높았다. 반면에 *Homidia koreana*의 두 개체군은 다소 분리되어 같은 종으로 보기 의심스럽다는 소견을 얻었다. 또한 형태형질분석으로 얻은 계통수에서 가시톡토기과의 *Tomocerus*종이 털보톡토기과의 속들 사이에 끼어들어 나타나는데 이것은 형질에 따라 비중을 달리두는 평가방법이 아니기 때문에 나타난 것으로 추측된다.

본 연구 결과 대체로 외부형질과 모서식, 그리고 효소유전자의 세가지 유형의 형질들을 종합 분석할 때 도출되는 계통수가 자연분류에 가장 가까운 근연성을 보이는 것으로 판단되었다.

KEY WORDS: Phylogeny, Cladistics, Morphology, Chaetotaxy, Allozyme, Entomobryidae, Collembola.

톡토기목은 곤충강의 무시아강(Class Insecta, Subclass Apterygota)에 속하는 작은 곤충으로 주로 토양과 동굴속에 서식하며 형태적으로 배마디가 6개이고 운동기관으로 도약기(furcula)를 갖는 점에서 다른 곤충과 구별된다.

톡토기목은 분절아목(Arthropleona Börner, 1901)과 합절아목(Symphyleona Börner, 1901)으로 나뉘는데 이중 본 연구재료인 털보톡토기과(Entomobryidae Tomosvary, 1882)는 전자에 속하며 네째배마디가 세째배마디에 비해 현저히 길고 뒷발톱의 안 가두리 기부에 보통 홈이 나 있는 특징을 나타낸다.

이 털보톡토기과에는 특히 과 및 아과 수준에서 여러가지 분류체계가 제안되어(Uchida, 1971; Yosii, 1977; Christiansen and Bellinger, 1980) 약간의 혼란이 있었으나, 부분적으로 *Lepidocyrtus*

와 *Pseudosinella*속의 종들과(Gisin, 1967; Snider, 1967; Hütter, 1971), *Callyntrura*속에 대하여 모서식으로 유연관계를 설명한 것이 있으며(Mitra, 1974), 강모들에 각기 기호를 부여하여 이 과 전반에 걸쳐 유연관계를 검토한 연구가 있을 뿐이다(Szeptycki, 1979).

그러나 본 연구 재료인 털보톡토기과의 생화학 내지 유전자 수준의 연구로는 필자들이 일부 종들에 대해 변이를 검토한 것이 있을 뿐(Lee et al., 1985) 유연성 검토나, 분지계통학적 시도가 이루어진 적은 없었다. 이중 *Homidia koreana*에 대해 저자들은 지리산과 전주 개체군이 모서식은 같으나 반문이 다른 점을 문제시하여 효소유전자를 조사한 결과 전기영동상에서 개체군간에 뚜렷한 차이가 나타나 종분류 형질로서의 모서식의 가치를 재검토 해야 한다고 시사한 바 있다(Lee et al. 1985). *Homidia munda munda*와 *Homidia munda nigra*는 두부의 반문을 제외하고는 모든 형질이 동

*본 연구의 일부는 대우재단의 제 1 차 Post Graduate 장학 연구지원(1986. 9-1987. 9)으로 수행된 것임.

일하게 관찰되어 별개의 아종으로 취급되고 있는 종인데 이들에 대해서도 조사하였다. 한편 본 연구에서 취급된 *Tomocerus kinoshitai*는 가시톡토기과(Tomoceridae)에 속하나 학자에 따라 본 연구의 주요 재료인 털보톡토기과의 한 아과로 다루는 경우가 있어 이 종을 통해 털보톡토기과와 가시톡토기과의 유연관계에 대해서도 아울러 조사하기로 하였다. 결국 필자들은 본 연구에서 이러한 여러가지 문제들을 포함하여 가능한 한 많은 유전자좌를 조사하므로써 한국산 털보톡토기과의 일반적인 유연성을 다각적으로 검토하려 하였다.

따라서 본 연구는 남한산 털보톡토기과의 3속 6종과 가시톡토기과의 1종(모두 9개체군)에 대해 일반형태 형질과 유전자형질을 조사한 것이며, 또한 효소유전자 조사에서 얻은 자료를 수리현상학과 분지계통학적으로 처리하므로써 분류군별 카테고리의 타당성을 검토하여 현재까지 야기되고 있는 분류상의 혼란을 피하는데 유용한 정보를 얻고자 시행되었다.

재료 및 방법

재 료

본 연구를 위해 다음과 같이 7종(총 9개체군)을 사용하였다.

Entomobryidae(털보톡토기과)

Sinella curviseta Brook, 1882(어리털보톡토기): 대흑산도 개체군

Entomobrya jirisana Lee and Park, 1984(지리산 털보톡토기): 지리산 뱀사골 개체군

Homidia koreana Lee and Lee, 1981(고려 붓톡토기): 전주 개체군, 지리산 뱀사골 개체군

Homidia mediaseta Lee and Lee, 1981(줄무늬 붓톡토기): 전남 백양사 개체군

Homidia munda munda Yosii, 1956(세모붓톡토기): 전남 백양사 개체군

Homidia munda nigra Lee and Lee, 1981(검은 머리 붓톡토기): 지리산 천은사 개체군

Homidia grisea Lee and Lee, 1981(젓빛 붓톡토기): 지리산 뱀사골 개체군

Tomoceridae(가시톡토기과)

Tomocerus kinoshitai Yosii, 1954(기노시다 톡토기): 전주 개체군

형태적 형질 조사

95% 에탄올에 보관했던 개체를 Marc André I에 담겨 탈색시킨 후 Marc André II 용액에 매몰하여 프레파라아트를 만들어(Massoud, 1967) 광학현미경으로 관찰하였다.

조사재료에 대하여 일반형질 및 모서식형질을 선택하였다. 이때 일반형질은 Uchida(1971)와 Wiley(1981)의 기준에 따라 원시형질과 파생형질로 나누어 진화상태를 결정하여(Table 1) 행렬표로 나타냈고, 모서식 형질은 Szeptycki(1979)가 제안한 방법에 의해 뒷가슴에서 네째배마디까지의 각 강모의 위치를 기호로 표시한 다음 이것의 존재 유·무에 따라 형질상태를 결정하는 방법(present/absent coding method)에 의해 1 또는 0을 주어(Mickevich and Johnson, 1976) 행렬표를 만들었다. 이 자료를 토대로 각 분류군간의 유연관계를 추정하기 위해서 Wagner의 방법과 Camin-Sokal parsimony 방법을 혼합한 Felsenstein(1988)의 PHYLIP(Phylogeny Inference Package) version 3.2중 Mix(Mixed method parsimony) program을 IBM PC로 처리하여 분류군간 거리를 측정하고 분석하였다.

효소유전자 분석

효소유전자 분석을 위하여 Selander 등(1971) 및 Ayala 등(1972)의 방법을 변형한 수평 전분 전기영동을 실시하였다. 이때 전분은 실험실에서 가수분해하여 사용하였으며 해당 gel buffer와 electrode buffer를 9:1로 섞은 용액에 1.67% saccharose를 함께 넣어 현탁액 상태로 섞은 후 110°C 수온의 항온수조로 중탕하여 전기영동의 매질로 사용하였다.

-70°C의 초저온 냉동기에 보관해 둔 실험재료 가운데 각 종별로 한개체씩을 아크릴판 위에 올려놓은 다음 grinding buffer(증류수)를 그위에 한방울씩 떨어뜨려 끝이 거친 유리봉으로 잘 갈아준 후 0.8 × 0.3 cm로 가늘게 자른 거름종이(Wat-

Table 1. Proposed evolutionary steps of characters assigned in binary mode for cladistic analysis of Entomobryidae, Collembola.

No.	characters	primitive state/derived state
1.	body pigment	absent or very weak (0)/well developed (1)
2.	scale	absent (0)/present (1)
3.	head pigment	absent or at most dark spotted (0)/dark brown or black (1)
4.	patterns of Th.II and Th.III	pale or very weak dorsally (0)/with triangular dark patch or all black (1)
5.	patterns of middle part of Abd.IV	without transverse band (0)/present (1)
6.	body setae	with moderately short smooth setae (0)/with many ciliated macrochaetae (1)
7.	trichobothria	absent (0)/present (1)
8.	patterns of antenna or leg	absent or very weak (0)/present (1)
9.	Ant.III: Ant.IV	almost same (0)/Ant.IV many times longer than Ant.III (1)
10.	annulation of Ant.IV	absent (0)/present (1)
11.	apical bulb of Ant.IV	absent (0)/present (1)
12.	PAO	present (0)/absent (1)
13.	labral papillae	absent (0)/present (1)
14.	prelabral setae	smooth (0)/ciliated (1)
15.	chaetotaxy of the base of the labium	more than MReL ₁ L ₂ (0)/MReL ₁ L ₂ or reduced (1)
16.	number of ocelli	8 + 8 (0)/less than 8 + 8 (1)
17.	spinose setae of upper part of femur	absent (0)/present (1)
18.	tenent hair	setaceous or weakly developed (0)/well developed (1)
19.	tibio-tarsal setae	with many smooth setae or all ciliated ones (0)/with some spine-like setae (1)
20.	inner margin of unguis	without basal groove (0)/present (1)
21.	unguis	normal (0)/with wing-like basal teeth (1)
22.	spinose setae of trochanteral organ	absent (0)/present (1)
23.	anterior part of ventral tube	with all smooth setae or some ciliated ones (0)/with 3 + 3 or 4 + 4 macrosetae (1)
24.	lateral part of ventral tube	with all smooth setae (0)/with all ciliated setae or some smooth ones (1)
25.	Abd.III: Abd.IV	less than 3 times (0)/more than 3 times (1)
26.	number of seta of tenaculum	many (0)/one seta (1)
27.	setae of manubrium	simple (0)/ciliated (1)
28.	length of furcula	short, reach Abd.IV (0)/long, reach thorax (1)
29.	spines of dens	absent (0)/present (1)
30.	mucro	short and without spine (0)/well developed and with spines (1)
31.	distal part of mucro	tridentate (0)/bidentate or monodentate (1)
32.	basal spine of mucro	absent (0)/present (1)

mann No. 3)에 흡수시켜 starch gel에 심었다. 이것을 electrode buffer를 사용하여 약 4°C의 냉장실에서 80V의 정전류로 약 15분간 영동한 후 gel에 심었던 거름종이를 빼버리고 계속해서 1시간 간격으로 100V, 120V, 150V, 180V로 차례로 전

압을 높여주면서 약 3시간 30분에서 5시간 동안 전개하였다. 이렇게 전개가 끝난 gel을 kit에서 꺼내어 4장의 slice를 만들어 염색, 처리하였다.

전기영동으로 분석한 각 종별 동위 효소의 종류, 그리고 buffer system은 Table 2와 같으며,

Table 2. Starch gel buffer systems used for electrophoresis of 11 different enzyme in 9 populations of Entomobryidae and Tomoceridae, Collembola.

E.C. Number	Enzyme	Locus	Starch gel Buffer system
1.1.1.37	Malate dehydrogenase	MDH-I MDH-II MDH-III	C
1.1.1.40	Malic enzyme	ME-I ME-II	C
1.1.1.42	Isocitrate dehydrogenase	IDH-I IDH-II	C
1.1.1.49	Glucose-6-phosphate dehydrogenase	G6PD	A
1.6.99.2	Menadione reductase	MNR-I MNR-II	A
1.11.1.6	Catalase	CAT	B
3.1.1.1	Esterase	EST-I-VI	A
3.1.3.1	Alkaline phosphatase	ALP-I ALP-II	B
3.1.3.2	Acid phosphatase	ACP	B
3.4.11.1	Leucine aminopeptidase	LAP-I LAP-II	A
5.3.1.9	Phosphoglucose isomerase	PGI	A

(*A: discontinuous tris citrate (pH 8.3), B: discontinuous tris citrate (pH 8.8), C: continuous tris citrate (pH 6.2))

이때 여러가지 효소를 분석하기 위해 3가지 다른 buffer system을 사용하였다. 이렇게 얻은 전기영동상으로 개체별 유전자형(genotype)을 조사하고 각 종 또는 개체군의 대립인자 빈도(allele frequency)를 구하여 이를 토대로 Nei(1972)의 유전적 근연치(I)를 계산하였다. 이 값을 Sneath와 Sokal(1973)의 방법에 따라 UPGMA로 처리하여 dendrogram을 작성하였다.

이 밖에 Mickevich와 Johnson(1976)이 제안한 방법에 따라 대립인자 각각을 하나의 독립된 형질로 보고 이들의 빈도가 0.05 이상인 경우 "present"로 보아 1의 값을 주고 0.05 미만인 경우 "absent"로 보아 0을 주어(independent allele model) 행렬표를 만든 다음 PHYLIP의 Mix program으로 처리하여 분지분석하였다.

이렇게 하여 Sneath와 Sokal(1973)의 dendrogram과 Mix program으로 얻은 분지도를 비교하여 어떠한 방법으로 data를 처리하는 것이 종들의 계통관계를 나타내는데 더 바람직한 방법인지도 알아보았다.

일반형태형질 및 효소유전자 자료의 종합에 의한 분지도

일반형태형질과 모서식 형질에 전기영동으로 얻은 형질을 모두 합하여 data set를 만든 다음 PHYLIP의 Mix program으로 분석하였다. 이것을 전기영동이나 일반형태형질 및 모서식 각각에 대해 얻은 분지도와 비교하였다.

결 과

일반형태형질 분석

일반형태형질 32개와 모서식에서 얻은 33개의 형질(Table 3), 도합 65개의 형질에 대해 행렬표를 만든 다음(Table 4, 5) PHYLIP의 Mix program으로 분석해본 결과 모두 3개의 분지도(Fig. 1)를 얻을 수 있었다.

3개의 분지도에서 모두 공통적으로 *Homidia*가 두 group으로 나누어 졌으며 *Homidia munda*의 두 아종이 가깝게 묶였고 *Homidia koreana*의 두 개체

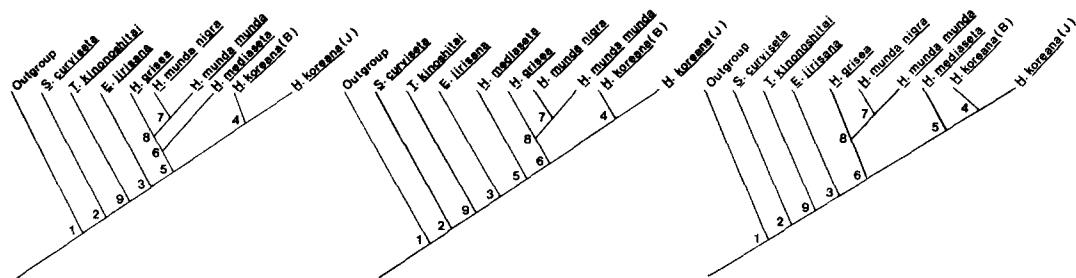


Fig. 1. Cladograms obtained by Mix program from 9 populations of Entomobryidae and Tomoceridae (Collembola) based on general morphological and chaetotaxical characters.

군의 근연관계도 가깝게 나타났다.

한편 *Entomobrya jirisana*는 *Homidia*속의 종들과 가까웠으며, *Tomocerus kinoshitai*가 *Sinella curviseta*보다 *Entomobrya*나 *Homidia* 속의 종들과 더 가까이 위치해 있었다.

효소유전자 분석

털보톡토기과 3속 6종과 가시톡토기과 1종에 대한 유전적 유연관계를 알아보기 위해 총 11개 효소에 대해 19개의 유전자좌를 조사하였으며 각 유전자좌에 대한 대립인자의 빈도는 Table 6에서와 같다.

본 연구의 결과 대체로 각 종 및 집단간에 유전적 차이가 크게 나타났다. MDH에서는 모두 3개의 loci가 존재하는데, 이 가운데 이동이 빠른 MDH-I은 dimer로 3개의 band pattern을 나타내고 있었다. 조사한 종들중 *Homidia munda nigra*만 동일한 대립인자(c)로 변이가 없었으며 나머지 종들은 모두 7개의 대립인자가 다양한 조합을 하고 있었다. MDH-II에서는 *Entomobrya jirisana*, *Tomocerus kinoshitai*는 c대립인자, 그리고 *Homidia mediaseta*는 b대립인자로 개체간에 변이없이 나타났고, 나머지 종은 다형현상을 보였다. 다만 *Sinella curviseta*와 *Homidia grisea*는 이 효소에 대해 활성을 나타내지 않았다(Fig. 2A). 음극쪽으로 이동한 MDH-III에서는 *Tomocerus kinoshitai*가 가장 멀리 이동한 대립인자(c)를 소유하고 있으며, *Sinella curviseta*, *Entomobrya jirisana*, *Homidia munda nigra*는 가장 느린 대립인자(a)를 가지고 있어 변이없이 동일하게 나타났고, 나머지 종은 다형현상을 보였다(Fig. 2B). ME에서는 2개의 loci가

존재하며, 이동이 빠른 ME-I에서는 모두 3개의 대립인자를 검출하였는데 조사한 종들 중 *Sinella curviseta*와 *H. munda nigra*는 a대립인자로 개체간에 변이없이 동일하게 나타났으며 나머지 *Homidia* 속에 속하는 종들은 대립인자가 다양한 조합을 이루는 다형현상을 보였다. 이동이 느린 ME-II에서는 1개의 대립인자가 *Tomocerus kinoshitai*에서만 검출되었으며 개체간에 변이없이 나타남을 관찰할 수 있었다. IDH에서도 2개의 loci가 존재하며, 이 중 IDH-I은 *Homidia munda nigra*만 a대립인자로서 변이없이 나타났고 나머지는 다형현상이 뚜렷하게 나타났다. IDH-II는 *Tomocerus kinoshitai*에서만 발현이 되었으며 한개의 대립인자로 변이없이 나타났다(Fig. 2D). G6PDH에서는 한개의 locus로써 조사한 모든 개체에서 2개, 또는 3개의 대립인자가 검출되어 다형현상이 뚜렷하였다(Fig. 2E). MNR에서는 2개의 loci가 존재하며, 이 중 이동이 빠른 MNR-I에서는 모두 4개의 대립인자를 검출하였으며, *Homidia koreana*의 전주와 지리산 개체군 그리고 *Homidia munda munda* 및 *Homidia munda nigra*가 동일한 대립인자(c)로 변이없이 나타났고, *Sinella curviseta*, *Homidia mediaseta* 및 *Tomocerus kinoshitai*는 각각 b와 a, 그리고 d대립인자를 소유하며 변이를 보이지 않았다. 이동이 느린 MNR-II에서는 모두 6개의 대립인자를 검출하였으며, *Entomobrya jirisana*는 b대립인자, 그리고 *Homidia koreana*의 전주 개체군은 d대립인자로 개체간에 변이없이 나타났고 나머지 종들은 2개 또는 3개의 대립인자가 매우 다양한 조합을 하고 있었다. CA에서는 *Homidia munda munda*와 *Homidia munda nigra*가 c대립인자를 가지

Table 6. (Continued)

Locus	allele	<i>Sinella curviseta</i>	<i>Entomobrya jiriana</i>	<i>Homidia koreana</i> (U)	<i>Homidia koreana</i> (B)	<i>Homidia mediaseta</i>	<i>H. munda munda</i>	<i>H. munda nigra</i>	<i>Homidia grisea</i>	<i>Tomocenus kinoshitai</i>
IDH-I	N	26	15	34	25	51	34	19	28	51
	a			0.97	0.04	0.04	0.94	1.00	0.75	
	b	0.31	0.14							
	c			0.03	0.96	0.94	0.06		0.14	
	d	0.65	0.80			0.02			0.11	
	e		0.03							
	f									0.03
	g		0.03							
	h	0.04								0.97
IDH-II	N									42
	a									1.00
G6PD	N	21	35	23	45	33	26	29	43	34
	a		0.26							
	b	0.14	0.66	0.78	0.69		0.81	0.74	0.60	0.65
	c	0.86	0.08	0.18	0.31	0.55	0.19	0.26	0.35	0.35
	d			0.04		0.45			0.05	
MNR-I	N	64	64	61	107	51	57	57	50	112
	a		0.02			1.00			0.62	
	b	1.00								
	c		0.98	1.00	1.00		1.00	1.00	0.38	1.00
MNR-II	N	38	39	26	57	38	32	31	33	19
	a					0.08			0.30	
	b		1.00		0.05	0.82	0.03		0.70	
	c	0.87						0.03		
	d	0.08		1.00			0.94	0.94		0.05
	e	0.05			0.91	0.10	0.03	0.03		0.95
	f				0.04					

Table 6. (Continued)

Locus	allele	<i>Sinella curviseta</i>	<i>Entomobrya jiriana</i>	<i>Homidia koreana(d)</i>	<i>Homidia koreana(B)</i>	<i>Homidia mediaseta</i>	<i>H. munda munda</i>	<i>H. munda nigra</i>	<i>H. munda nigra</i>	<i>Homidia grisea</i>	<i>Tomocerus kinoshitai</i>
ACP	N	7	8	64	21	70	2	4	26	11	
	a	0.29									0.55
	b	0.71	1.00		0.95						0.09
	c			0.98	0.05			1.00			
	d										0.36
	e			0.02		1.00	1.00		1.00		
LAP-I	N	41	58	62	61	50	36	37	34	92	
	a					0.02		0.03	0.01	0.91	
	b				0.37			0.01		0.07	
	c		0.03	0.24		0.62	0.51	0.39	0.09		
	d										0.02
	e	0.15	0.03		0.52	0.32	0.43	0.54	0.01		
	f	0.85	0.93		0.11	0.04	0.06	0.03	0.89		
	g			0.76							
LAP-II	N	43	63	62	54	46	30	39	38	69	
	a	0.16	0.05	0.02		0.02	0.10	0.10			
	b	0.02	0.25		0.16	0.63	0.80	0.86	0.34	0.04	
	c	0.82	0.70	0.05	0.78	0.29	0.10		0.66	0.24	
	d									0.07	
	e			0.85	0.04			0.04		0.06	
	f			0.06	0.02	0.06				0.52	
	g			0.02						0.07	
PGI	N	29	72	70	83	54	28	34	58	90	
	a		0.01			0.18					
	b										0.99
	c		0.80	0.06	0.02	0.71	0.04	0.10	0.83		
	d							0.15			0.01
	e	0.69	0.19	0.93	0.92	0.11	0.96	0.75	0.17		
	f	0.31		0.01	0.05						
	g				0.01						

(*N: Number of the genome sampled.)

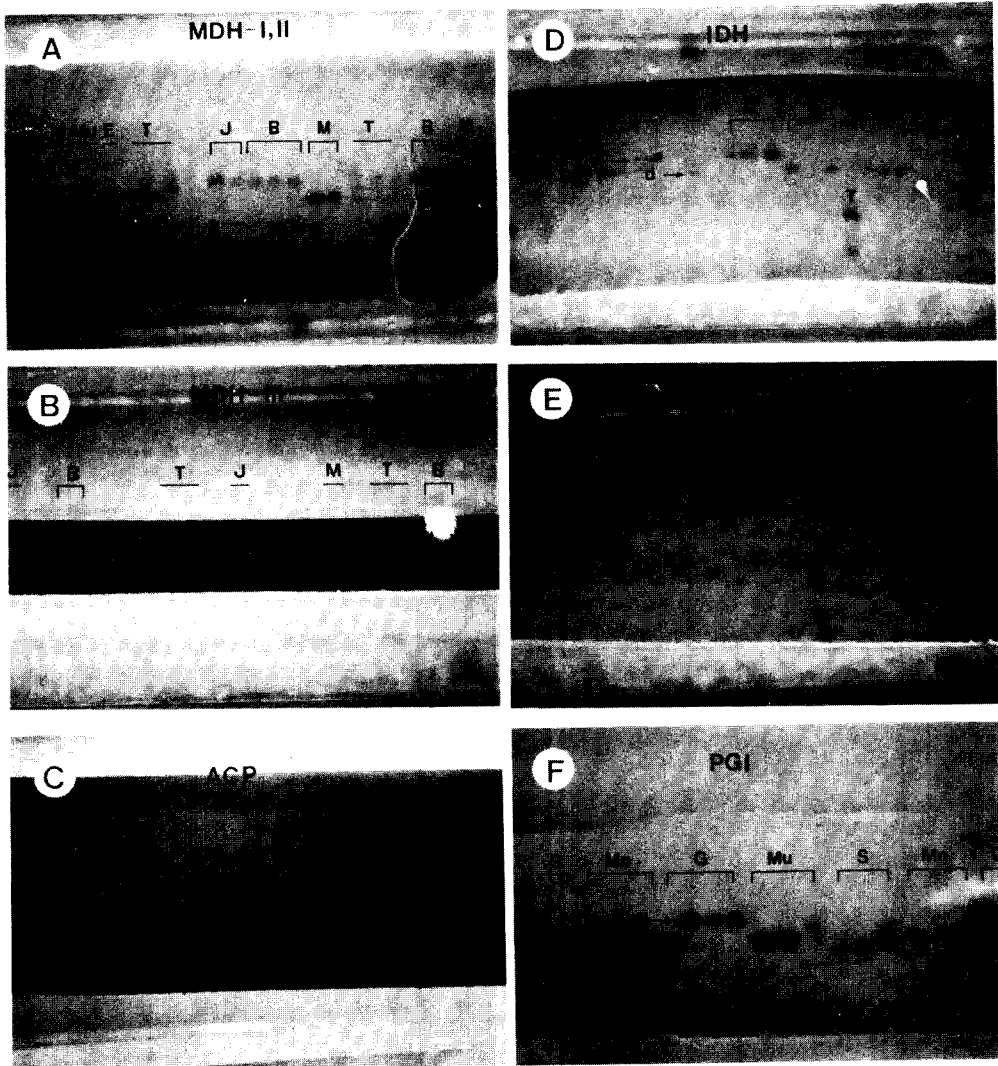


Fig. 2. Electrophoretic patterns of A-B: MDH, C: ACP, D: IDH, E: G6PD, F: PGI. (Abb.: S: *Sinella curviseta*, E: *Entomobrya jirisana*, J: *Homidia koreana* (Jeonju Popl.), B: *Homidia koreana* (Baemsagol Popl.), M: *Homidia grisea*, T: *Tomocerus kinoshitai*).

며 변이가 없었으며, *Tomocerus kinoshitai*는 d대립인자로 변이없이 동일한 band를 보였다. EST와 ALP 및 LAP는 대체로 대립인자의 수도 많고, 종과 개체에 따라 대립인자의 조합도 다양한 다형현상이 관찰되었다. ACP의 경우 *Homidia mediaseta*, *Homidia munda munda*, *Homidia grisea*가 e대립인자로 변이가 없었으며 *Entomobrya jirisana*와 *Homidia munda nigra*도 각각 b와 c대립인자로 변이가 나타나지 않았다. 이외에 *Sinella curviseta*와 *Homidia koreana*의 전주와 지리산 개체군, 그리

고 *Tomocerus kinoshitai*에서는 2개와 3개의 대립인자가 검출되었으며, 개체간에 다형현상을 관찰할 수 있었다(Fig. 2C). PGI에서는 모두 7개의 대립인자가 확인되었으며, 이형접합자인 개체가 3개의 band를 가지는 dimer였다. 이 효소에서는 각 개체군마다 2개에서 4개의 대립인자가 매우 다양한 조합을 하고 있었고, 다형현상을 분명하게 관찰할 수 있었다(Fig. 2E).

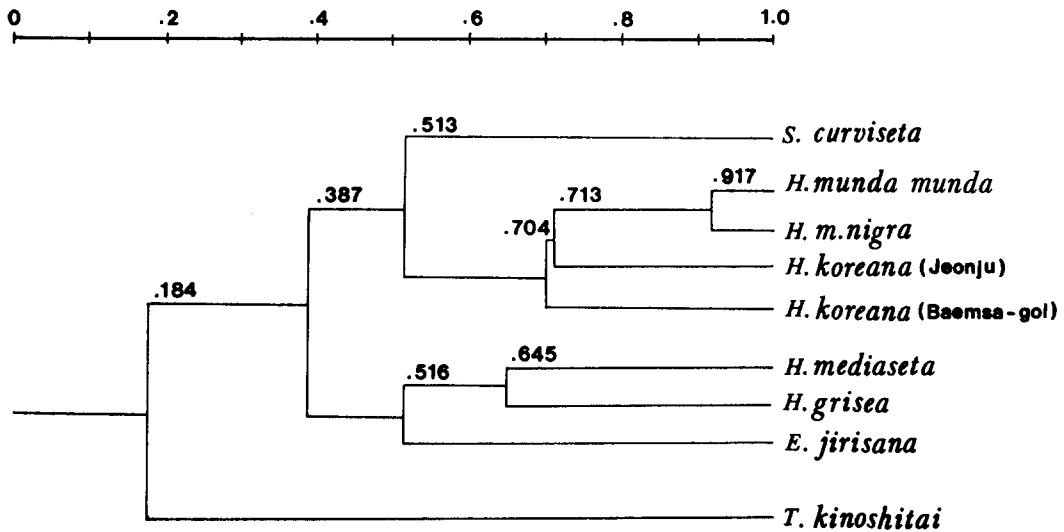


Fig. 3. Dendrogram of 9 populations of Entomobryidae and Tomoceridae (Collembola) based on Nei's (1972) genetic identity coefficient.

수리현상학적 분석

Nei(1972)의 유전적 근연치(I)(Table 7)를 바탕으로 dendrogram을 그렸을 때(Fig. 3) 털보톡토기과가 크게 두 그룹으로 분리되어 나타났다. 이 중 *Homidia munda munda*와 *Homidia munda nigra*는 0.917의 근연치를 보여 유연관계가 가장 가깝게 나타났으며, *Tomocerus kinoshitai*는 유전적 근연치가 0.184로 털보톡토기과에 속하는 종들로부터 크게 분리되었다. 또한 *Sinella curviseta*는 *Homidia munda*의 두 아종 및 *Homidia koreana*의 두 개체군이 이루는 group에 가깝게 위치하였으며($I = 0.513$), *Entomobrya jirisana*는 *Homidia mediaseta* 및 *Homidia grisea*와 근연관계를 나타냈다($I = 0.516$).

분지계통학적 분석

한편 Mickevich와 Johnson(1976)의 방법에 따라 각각의 대립인자를 하나의 독립된 형질로 보고(Table 8) PHYLIP의 Mix program을 써서 근연관계를 조사한 결과 3개의 분지도를 얻을 수 있었다(Fig. 4). 여기에서도 *Homidia grisea*와 *Homidia mediaseta*가 가까이 위치해 있었으며, *Homidia munda*의 두 아종이 가장 가까운 유연관계를 보여 주었다. 그러나 *Homidia koreana*의 전주 및 지리산

개체군은 서로 다른 group으로 분리가 되었다. 속들의 관계를 살펴보면 *Sinella curviseta*는 털보톡토기과의 다른 종들과 분명히 분리되었으나 *Entomobrya jirisana*는 *Homidia* group내에 포함되어 나타났다. 또한 가시톡토기과에 속하는 *Tomocerus kinoshitai*가 털보톡토기과의 나머지 group과 명백히 분리됨을 알 수 있었다.

종합분지도

이번에는 일반형질 32개와 모서식 형질 33개 외에 전기영동에서 얻은 80개 도합 145개의 형질로 data set를 만든 다음 PHYLIP의 Mix program으로 분석한 결과 1개의 분지도를 얻을 수 있었다(Fig. 5).

Homidia 속의 경우 두 무리로 분리되었는데 *Homidia munda munda*와 *Homidia munda nigra*가, 그리고 *Homidia grisea*와 *Homidia mediaseta*가 서로 매우 밀접한 근연관계를 보여 주었다. 또한 *Homidia koreana*의 전주와 지리산 두 개체군의 경우도 유연성을 보였으나 위에 두 group의 경우 보다는 멀리 떨어져 있음을 알 수 있었다.

한편 *Entomobrya jirisana*는 *Homidia*속과 가까운 유연관계를 보였으나, *Sinella curviseta*는 털보톡토기과에 속하면서도 가시톡토기과에 속하는 *Tomocerus kinoshitai*보다 더 털보톡토기과의 나머

Table 8. (Continued)

Locus	allele	No.	<i>Sinella curviseta</i>	<i>Entomobrya jirisana</i>	<i>Homidia koreana</i> (t)	<i>Homidia koreana</i> (B)	<i>Homidia mediaseta</i>	<i>H. munda munda</i>	<i>H. munda nigra</i>	<i>Homidia grisea</i>	<i>Tomocerus kinoshitai</i>
ACP	a	57	1	0	0	0	0	0	0	0	1
	b	58	1	1	0	1	0	0	0	0	1
	c	59	0	0	1	1	0	0	1	0	0
	d	60	0	0	0	0	0	0	0	0	1
	e	61	0	0	0	0	1	1	0	1	0
LAP-I	a	62	0	0	0	0	0	0	0	0	1
	b	63	0	0	0	0	0	0	0	0	1
	c	64	0	0	1	1	1	1	1	1	0
	e	65	1	0	0	1	1	1	1	0	0
	f	66	1	1	0	1	0	1	0	1	0
	g	67	0	0	1	0	0	0	0	0	0
	LAP-II	a	68	1	1	0	0	0	1	1	0
b		69	0	1	0	1	1	1	1	1	0
c		70	1	1	1	1	1	1	0	1	1
d		71	0	0	0	0	0	0	0	0	1
e		72	0	0	1	0	0	0	0	0	1
f		73	0	0	1	0	1	0	0	0	1
g		74	0	0	0	0	0	0	0	0	1
PGI	a	75	0	0	0	0	1	0	0	0	0
	b	76	0	0	0	0	0	0	0	0	1
	c	77	0	1	1	0	1	0	1	1	0
	d	78	0	0	0	0	0	0	1	0	0
	e	79	1	1	1	1	1	1	1	1	0
	f	80	1	0	0	1	0	0	0	0	0

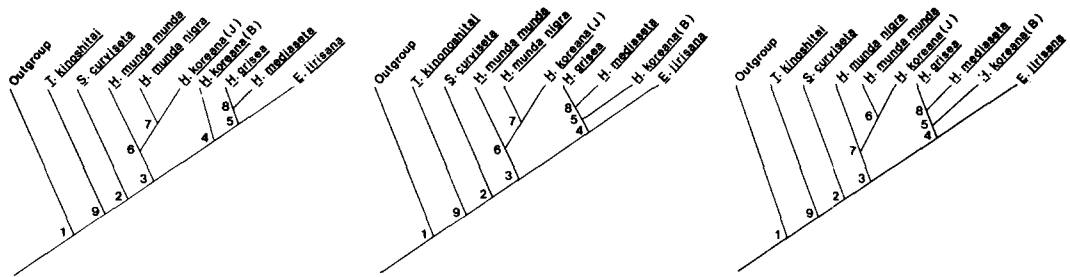


Fig. 4. Cladograms obtained by Mix program from 9 populations of Entomobryidae and Tomoceridae (Collembola) based on allozyme data.

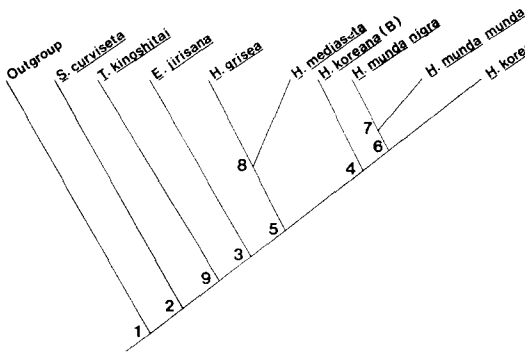


Fig. 5. General cladogram obtained by Mix program from 9 populations of Entomobryidae and Tomoceridae (Collembola) based on both general phenetic and allozymic data.

지 group과 분리되어 나타났다.

고 찰

일반형질 및 모서식

일반적으로 무서류 곤충을 분류하는데는 체색과 반문 그리고 모서식이 매우 중요한 형질로 다루어지고 있는데 (Szeptycki, 1973, 1979; Rusek, 1986), 체색과 반문은 보통 많은 변이를 보이고 있으나 모서식은 적응형질이 아닌 제통형질로써 유연관계를 잘 반영하는 것으로 알려져 있다 (Fjelberg, 1976).

모서식은 1940년대 부터 종을 분류하는데 이용되기 시작하였으며, 톡토기상과 (Superfamily Poduroidea)에 속하는 원시적인 과 (family) 들에서는 대체로 동일하다는 것이 비교적 최근에 알려

졌고, Yosii (1956, 1961)는 후에 이 모서식을 기호로 나타내어 톡토기목의 몇 가지 분류군에 대해 계통을 세우게 되었다.

그러나 털보톡토기과에 대해서는 이러한 시도가 비교적 최근에 시작되었는데, 이것은 이 과가 매우 다양하게 분화된 무리여서 속간이나 때로는 같은 속에 속하는 종들 사이에도 각 강모에 대한 상동성을 확인하기가 어려웠기 때문이다.

그러나 Szeptycki (1972)는 유연관계가 먼 종들이라 할지라도 모서식이 매우 비슷하다는 언급을 했고, 이들 사이의 상동성에 대해 조사하여 아과 이상의 수준에 대해 유연관계를 세웠다 (Szeptycki, 1979).

본 논문에서도 이러한 점에 바탕을 두고 일반형질과 모서식형질을 선택하여 PHYLIP의 Mix program으로 분석한 결과 모두 3개의 분지도를 얻을 수 있었는데 (Fig. 1), 모든 분지도에서 공통적으로 *Homidia*가 두 무리로 분리되었다. 특히 *Homidia koreana*의 전주 및 지리산의 두 개체군의 유연관계와 *Homidia munda* 두 아종의 유연관계가 아주 높게 나타남을 알 수 있었다. 이것은 *Homidia koreana*의 두 개체군이 몸의 반문은 약간 서로 다르나 같은 종에 속하는 개체군들이고, *Homidia munda munda*와 *Homidia munda nigra*의 경우에도 아종이라는 점을 생각할 때 당연한 결과로 보인다.

한편 *Entomobrya jirisana*는 *Homidia*속의 종들과 가깝게 나타났는데, 이것은 *Homidia* 속이 경절에 가시를 갖고, 비체촉각마디가 annulation되었다는 특징으로 인해 처음에는 *Entomobrya Rondani*, 1981 속에 속하는 한 아속으로 설정되었다가

(Börner, 1906), 그후 속으로 승격되었으며(Denis, 1929) 지금도 *Entomobrya*의 한 아속으로 다루는 학자가 있다는 점을 감안할 때 당연한 결과인 듯 하다.

그러나 *Tomocerus kinoshitai*는 가시톡토기과에 속하는데도 불구하고 본 형태분석에서 *Entomobrya* 및 *Homidia* group에 대해 같은 털보톡토기과에 속하는 *Sinella curviseta*가 나타내는 근연관계보다도 더 가깝게 나타났다. 이것은 가시톡토기과와 털보톡토기과를 나누는 기준이 단절의 형태적인 차이와 세째촉각마디와 네째마디의 길이의 비 그리고 세째배마디와 네째배마디의 길이비와 같이 차이가 뚜렷한데도 불구하고 본 분지분석에서는 형질에 따라 서로 다른 비중을 부여하는 방법을 사용하지 않고 1 또는 0과 같이 모든 형질에 대해 균등하게 비중을 두는 방법을 사용했기 때문에 형태상의 차이가 현저하게 부각되지 않은데 이유가 있다고 생각한다.

효소유전자 분석

생화학 내지 유전자 수준에서의 생물간의 유전성 검토는 주로 초파리, 어류 등에서 효소, 단백질과 핵산을 비교 분석하여 분류와 계통연구에 많이 이용해 왔으나, 본 연구 재료인 톡토기에 대해서는 이러한 유전적 접근이 근래에 시도되기 시작했다. 즉, 마디톡토기과의 *Folsomia candida*에 대해 탈피에 따른 esterase의 변화상이 연구되었고(Asher and Snider, 1975; Grimnes, 1981), 그후에 *Onychiurus* 속의 몇 종에 대해 general protein을 조사하여 전기영동상이 무리에 따라 다름이 발견되었다(Hale and Rowland, 1977). 이외에도 Hart와 Allamong(1979)은 몇가지 톡토기종에 대해 esterase의 역할에 대해 연구하여 이러한 생화학적 방법이 고전적인 분류방법을 뒷받침해 줄 수 있다고 주장했다. 또한 흑무늬톡토기과와 가시톡토기과 및 털보톡토기과의 몇종에 대해 개체군간 또는 개체간 변이를 조사한 연구(Dallai et al., 1983; Lee et al., 1984; Fanciulli et al., 1985; Lee et al., 1985; Frati et al., 1989)가 있는데 모두 상당한 유전적 분화가 있음이 밝혀졌다. 그러나 이와같이 단편적인 아이소자임 분석은 있었으나 충분한 수의 유전자좌를 조사하여 유전적 유사성

을 dendrogram으로 작성하거나 분지계통학적으로 분석된 적은 아직 없다. 따라서 본 연구에서 총 9개 개체에 대해 11개 효소에 관계하는 19개의 유전자좌를 조사한 것은 각별한 뜻이 있다 하겠다. 본 연구 결과 각 종 및 집단간에 유전적 다형 현상이 분명하게 나타났으며(Fig. 2A-F; Table 6), 여기서 얻은 자료를 UPGMA방법과 분지분석 방법으로 처리한 결과 *Homidia munda*의 두 아종의 유연관계가 두가지 경우 모두 높게 나타났는데 이것은 형태 형질에 바탕을 둔 분석 결과와 잘 일치하는 것 같다. 또한 *Homidia grisea*와 *Homidia mediaseta*의 경우도 서로 가깝게 관계되었음을 알 수 있었다.

본 연구에서 UPGMA 방법을 사용한 경우 가시톡토기과에 속하는 *Tomocerus kinoshitai*는 털보톡토기과에 속하는 종 또는 개체군과 완전히 분리되나($I = 0.184$), *Homidia* 속의 종들이 서로 두 group으로 분리되었으며 속이 다른 *Sinella curviseta*와 *Entomobrya jirisana*가 *Homidia* 속의 두 group에 각각 연결되어 속간에 뚜렷한 분리가 일어나지 않고 있다. 이것이 과연 UPGMA 방법의 결함을 말하는 것인지 아니면 종래 속분류가 재검토되어야 함을 시사하는 것인지에 대해서는 좀더 연구 검토되어야 하겠으나 이들 속간의 차이로 보아 우선은 좀더 많은 효소유전자가 조사되어야 하거나 아니면 UPGMA 방법이 본 연구 재료의 분류를 적절히 수행하는 도구가 되지 못하기 때문이 아닌가 생각된다.

한편 independent allele model하에서 분지분석해 본 결과 3개의 분지도를 얻을 수 있었는데 모두 공통적으로 *Homidia* 속의 종들이 두 group으로 분리되었다. 또한 *Sinella curviseta*는 털보톡토기과에 속하는 다른 종들과 뚜렷이 분리되었으나 *Entomobrya jirisana*는 *Homidia* group내에 함께 포함되어 나타났는데, 이것은 *Homidia*와 *Entomobrya*가 형태학적으로 유사하다는 점에서 형태학적인 자료를 지지 해주는 것으로 보인다.

한편 *Homidia koreana*의 전주와 지리산의 두개체군의 경우는 Nei(1972)의 근연치에 의한 값($I = 0.704$)으로 보나 분지분석의 결과로 보나 한종에 속하는 두개의 서로 다른 개체군이라고 보기가 어려워 반문과 모서식은 지금까지의 인식과는

달리 유용한 분류형질(key character)이 되지 못할 수도 있다는 저자들의 주장(Lee et al., 1985)을 뒷받침하는 것으로 보인다.

종합 분지도

일반형질과 모서식 형질 및 전기영동의 결과를 independent allele model로 얻은 형질을 모두 합하여 PHYLIP의 Mix program으로 분석해 본 결과 1개의 분지도를 얻을 수 있었는데, *Homidia*속의 종들이 두개의 무리로 갈라졌으며 *Homidia munda munda*와 *Homidia munda nigra*가, 그리고 *Homidia grisea*와 *Homidia mediaseta*가 상호 유연관계를 강하게 나타냈다. 또한 *Homidia koreana*의 전주와 지리산 두 개체군의 경우도 비교적 가까이 위치하나 같은 종에 속하는 두개의 개체군으로 보기 어렵게 하는 문제의 단서를 제시하는 것으로 생각된다.

따라서 종을 분류하거나 종에 대한 계통을 세울 경우 형태분류나 효소유전자 가운데 어느 한쪽의 분석결과만 강조해서는 안되고 모든 종류의 자료에 기본을 두어 분지계통분석(cladistic analysis)을 시행해야 할 것 같다(Hennig, 1966; Farris, 1971; Miyamoto, 1983).

결론

생물상호간의 유연관계를 판단하는데는 여러가지 형질을 어떻게 선택하고 가치를 부여하고 또 처리하는냐에 관한 방법론의 적용이 필요하다. 아울러 일반적으로 어떤 생물의 계통을 세우는데 한가지 방법으로 얻은 data만을 강조하고 다른 종류의 자료나 방법을 완전히 또는 부분적으로 배제하는 것은 바람직하지 못하다고 할 수 있다(Miyamoto, 1983).

이러한 개념에 바탕을 두고 시행한 본 연구의 결과 다음과 같은 사실은 확인 할 수 있었다.

1) 사용한 모든 방법에 걸쳐서 *Homidia munda*의 두 아종이 매우 높은 유연관계를 나타낸 것으로 보아 형태형질을 바탕으로 동일 종의 아종으로 분류한 종래의 분류는 유전학적으로도 지지될 수 있다.

2) *Homidia koreana*의 전주와 지리산 뱀사골의 두 개체군의 경우 모서식이 같으므로 동일 종으로 분류되었으나 수리분석이나 분지분석 결과 모두에서 비교적 관계가 가까운 것으로 나타나기는 하지만 어느 정도 거리를 두므로 한 종으로 볼 수는 없을 것 같다. 따라서 종래 모서식으로 분류했던 고전적 분류방식과 개념에 대해서 재검토가 이루어질 필요가 있는 것으로 판단된다.

3) 유전자 형질을 UPGMA 방법과 independent allele model로 분석했을 때 두가지 사이에 차이가 있었다. UPGMA 방법의 경우 가시톡토기과는 털보톡토기과와 완전히 분리되었으나 *Sinella curviseta*와 *Entomobrya jirisana*가 *Homidia* group내에 포함되었다. 반면에 independent allele model의 경우는 *Entomobrya jirisana*가 *Homidia* group내에 포함된 것 외에는 과나 속간에 비교적 바르게 분지되어 이 방법이 UPGMA 방법보다 더 바람직한 방법이라는 주장을 뒷받침해 주는 것 같다.

4) 일반형질과 모서식 및 전기영동으로 얻은 형질을 모두 합하여 data set를 만든 다음 분지분석해본 결과 *Homidia* 속은 크게 두 group으로 분리되었고, 이 속에 가까이 *Entomobrya jirisana*와 *Sinella curviseta*가 위치해 있었다. 그러나 가시톡토기과의 *Tomocerus kinoshitai*가 털보톡토기과의 *Sinella curviseta*보다 오히려 털보톡토기과의 다른 종들과 가깝게 나타났는데, 이 점을 제외하고는 이 결과는 비교적 타당하게 보인다. 왜냐하면 여기에는 형태형질에 의한 분류도 일부 반영되었고, 또한 형태형질이, 문제점을 가진 경우 효소형질에 의한 분류의 보완적 기능이 반영된 때문으로 생각된다. 다만 *Tomocerus kinoshitai*의 경우에 대한 혼란스러운 결과에 대해서는 앞으로 다른 방법으로 더 많은 형질을 얻고, 각각의 형질에 비중을 두는 방법등을 고려하여 그 원인 탐색을 위해 확대 연구해야 할 것이다.

이와같은 결과로 볼 때 형태형질뿐 아니라 효소 유전자와 같은 기타의 가능한 자료들을 종합하고 또 자료 처리방법도 여러가지로 시행, 비교한 후 분류하는 방법이 타당하다고 생각된다. 따라서 지금까지 한국에 알려진 모든 털보톡토기과와 가시톡토기과에 대한 재검토가 이루어져 계통을 세

우는 것이 바람직할 것이다. 또한 한국산 톡토기의 진화적 상태와 계통학적 이해를 위해서는 우리나라와 인접해 있는 일본이나 중국, 대만 등지에서 털보톡토기과에 속하는 종들을 채집하여, 이들의 효소유전자를 조사해 모든 자료를 종합, 비교 검토해야 할 것이다.

인용문헌

- Asher, J. H. and R. Snider, 1975. Isozyme variation in laboratory populations of parthenogenetic soil Collembola, *Folsomia candida* (Willem). *Genetics* **80**: 510-511.
- Ayala, F. J., J. R. Powell, M. L. Tracey, C. A. Mourao, and S. Perez-Salas, 1972. Enzyme variability in the *Drosophila willistoni* group IV. Genetic variation in natural populations of *Drosophila willistoni*. *Genetics* **70**: 113-139.
- Bömer, C., 1906. Das System der Collembolen nebst Beschreibung neuer Collembolen des Hamburger Naturhistorischen Museums. *Mitt. natur-hist. Mus., Hamburg*, **23**: 147-188.
- Christiansen, K. and P. Bellinger, 1980. The Collembola of North America. *Grinnell College* **3**: 785-1027.
- Dallai, R., V. Sbordoni, M. C. Sbordoni, and E. de Matthaëis, 1983. Chromosome and enzyme diversity in some species of Neanuridae (Collembola). *Pedobiologia* **25**: 301-311.
- Denis, J. R., 1929a. Collemboles D'Extrême-Orient. Notes sur les Collemboles récoltés dans ses voyages par le Prof. F. Silvestri (I). *Boll. Lab. Zool. Portici* **22**: 166-171 (cited from Uchida, 1956).
- Denis, J. R., 1929b. Seconde note sur les Collemboles d'Extrême Orient. Notes sur les Collemboles récoltés dans ses voyages par le Prof. F. Silvestri (II). *Boll. Lab. Zool. Portici*. **22**: 305-332 (cited from Uchida, 1956).
- Fanciulli P. P., R. Dallai, and R. Petrucci, 1985. A preliminary study on enzyme diversity in *Tetradontophora bielansensis* (Waga) (Insecta, Collembola). *Rev. Ecol. Biol. Sol.* **22**: 483-495.
- Farris, J. S., 1971. The hypothesis of nonspecificity and taxonomic congruence. *Ann. Rev. Ecol. Syst.* **2**: 277-302.
- Felsenstein, J., 1988. PHYLIP (Phylogeny Inference Package) version 3.2 Manual. Washington Univ. pp. 262.
- Fjelberg, A., 1976. Problems and method in current research on Collembola systematics. *Zoological Scripta* **5**: 167-169.
- Frati, F., P. P. Fanciulli, and R. Dallai, 1989. Biochemical approach to the systematics of Collembola. In: "3rd International Seminar on Apterygota" (Dallai R. ed.), Siena 145-155.
- Gisin, H., 1967. Espèces nouvelles et lignées évolutives de *Pseudosinella endogés* (Collembola). *Mems. Estud. Mus. Zool. Univ. Coimbra* PP. 25.
- Grimmes, K. A., 1981. Esterases in *Folsomia candida* (Collembola, Isotomidae). Changes in isozyme titer during the molt cycle. *Pedobiologia* **21**: 341-345.
- Hale, W. G. and J. P. C. Rowland, 1977. Biochemical "fingerprints" as indicators of taxonomic status within the genus *Onychiurus*. *Rev. Ecol. Biol. Sol.* **14**: 532-562.
- Hart, J. W. and B. D. Allamong, 1979. The role of esterase zymograms in collembolan species determination. *Rev. Ecol. Biol. Sol.* **16**: 235-240.
- Hennig, W., 1966. Phylogenetic systematics. Univ. Illinois Press, Urbana.
- Hütter, W., 1971. Collembolen von einem Hamburger Müllplatz. *Ent. Mitt. Zool. Mus. Hamb., Hamburg*, **4**: 157-165.
- Lee, B. H., W. K. Lee, and H. R. Kim. 1984. A systematic investigation of Korean Tomoceridae (Collembola). *Kor. J. Entomol.* **14**: 5-17.
- Lee, B. H., Y. J. Kim, H. Y. Yang, and K. H. Park, 1985. A systematic investigation of Korean Entomobryidae (Collembola). *Kor. J. Entomol.* **15**: 7-16.
- Massoud, Z., 1967. Monographie des Neanuridae, Collemboles Poduromorphes à pièces buccales modifiées. Ed. CNRS., pp. 399.
- Mickevich, M. F. and M. S. Johnson. 1976. Congruence between morphological and allozyme data in evolutionary inference and character evolution. *Syst. Zool.* **25**: 260-270.
- Mickevich, M. F. and C. Mitter, 1981. Treating polymorphic characters in systematics: A phylogenetic treatment of electrophoretic data. In: Advances in cladistics: Proceedings of the first meeting of the Willi Hennig Society (V. A. Funk and D. R. Brooks, eds). *New York Botanical Garden, Bronx* pp. 45-58.
- Mitra, S. K. 1974. A critical study of some species of *Callyntrura* Börner, 1906 (Collembola, Entomobryidae, Paronellinae) from India. *Rev. Ecol. Biol. Sol.* **11**: 397-439.
- Miyamoto, M. M., 1983. Frogs of the *Eleutherodactylus rugulosus* group: A cladistic study of allozyme, morphological, and karyological data. *Syst. Zool.*, **32**: 109-124.
- Nei, M. 1972. Genetic distance between populations. *Am. Nat.* **106**: 283-292.
- Rusek, J., 1986. Notes on collembolan chaetotaxy. In: "2nd International Seminar on Apterygota" Dallai R.

- (ed.) Siena pp. 79-83.
- Selander, R. K., M. H. Smith, S. Y. Yang, W. E. Johnson, and J. B. Gentry, 1971. Biochemical polymorphism and systematics in the genus *Peromyscus*. I. Variation in the old-field mouse (*Peromyscus polionotus*). Studies in Genetics VI. Univ. Texas **7103**: 49-90.
- Sneath, P. H. A. and R. R. Sokal, 1973. Numerical taxonomy: the principles and practice of numerical classification. Freeman, San Francisco.
- Snider, R. J., 1967. The chaetotaxy of North American *Lepidocyrtus* s.str. (Collembola, Entomobryidae). *Contr. Amer. Ent. Inst., Ann Arbor* **2**: pp. 28.
- Szeptycki, A., 1972. Morpho-systematic studies on Collembola. III. Body chaetotaxy in the first instars of several genera of the Entomobryomorpha. *Ibidem* **17**: 341-372.
- Szeptycki, A., 1973. North Korean Collembola. I. The genus *Homidia* Börner, 1906 (Entomobryidae). *Acta Zool. Cracoviensia* **18**: 23-40.
- Szeptycki, A., 1979. Chaetotaxy of the Entomobryidae and its phylogenetical significance. Morpho-systematic studies on Collembola. IV. *Pol. Akad. Nauk, Zasl. Zool. Syst. Doswiad, Krakow*. pp. 218.
- Uchida, H., 1971. Tentative key of the Japanese genera of Collembola in relation to the world genera of this order. I. *Sci. Rep. Hirosaki Univ.* **18**: 64-76.
- Uchida, H., 1972. Tentative key of the Japanese genera of Collembola, in relation to the world genera of this order. III. *Sci. Rep. Hirosaki Univ.* **19**: 79-114.
- Wiley, E. O., 1981. Phylogenetics. John Wiley and Sons., pp. 439.
- Yosii, R., 1956. Monographie der Höhlencollembole Japans. *Contr. Biol. Lab. Kyoto Univ.* pp. 109.
- Yosii, R., 1961. Phylogenetische Bedeutung der Chaetotaxie bei den Collembole. *Contr. Biol. Lab. Kyoto Univ.* pp. 37.
- Yosii, R., 1977. Critical check list of the Japanese species of Collembola, *Cont. Biöl. Lab. Kyoto Univ.* **25**: 141-170.

(Accepted April 16, 1991)

A Systematic Study of Korean Entomobryidae (Collembola, Insecta) Based on Cladistic Analysis of Phenotypic and Allozyme Data

Byung-Hoon Lee and Kyung-Hwa Park (Department of Biology Education,
Jeonbug National University, Jeonju 560-756, Korea)

Phylogenetic relationships of Korean Entomobryidae were studied and general morphological characters as well as allozyme data were analyzed using UPGMA and a few recent versions of phylogenetic programs. Seven species in four genera including nine populations were examined for 32 morphological and 33 chaetotaxical characters in addition to 80 genetic data obtained experimentally.

Phylogenetic as well as phenetic analysis of the data produced varying cladograms depending on types of characters and programs employed.

Throughout the data obtained, however, *Homidia* species were found to fall into two clusters, and two subspecies of *Homidia munda* remained most closely each other, whereas two different populations of *Homidia koreana* made it dubious of their conspecificity by showing more or less separated positions. In addition peculiar intercalation of *Tomocerus* between entomobryid genera remained to be studied. Any definite taxonomical conclusion of this questionable taxa from the present investigation will have to be left aside until further supporting evidences will become available.

An overall review of the results reveals that conventional taxonomy of the group are generally supported by genetic and phylogenetic analysis, leaving, however, a few problematic issues seemingly quite worth of carrying out further studies.

It is suggested that a wide coverage of characters including not only general morphological characters but also genetic data like allozyme states, when cladistically analyzed, gives plausibly more natural picture of phylogeny of the group concerned.