

동북아시아 꽃매미 날개 변이의 형태계측학 분석

김효중*

국립군산대학교 생물학과

Morphometric Analysis of Wing Variation of Lantern Fly, *Lycorma delicatula* from Northeast Asia

Hyojoong Kim*

Department of Biology, Kunsan National University, Gunsan 573-701, Republic of Korea

Abstract: Morphometric analysis of *Lycorma delicatula* was performed to confirm whether local individuals had a geographical difference in their wing variations. The *L. delicatula* individuals were collected from 10 localities in Korea, China, and Japan, and 14 morphometric characteristics selected from the forewing were analyzed. The Korean individuals were similar to the ones from the northern area of the Yangtze River, but less similar to the others from the southern area of the Yangtze River. The individuals from Seoul and Buan were very similar to those from Shanghai. In case of wing spots, the individuals from Beijing had relatively small spots, while the ones from Linan had big spots. The Japanese individuals had a relatively large wing size.

Key words: *Lycorma*, Invasive insect, Morphometric analysis, Wing variation

초록: 꽃매미 날개의 형태적 변이가 지역에 따라 차이가 있는지 확인하기 위해 형태계측학 분석을 실시하였다. 꽃매미 개체는 한국, 중국, 일본 10개 지역에서 채집되었고, 꽃매미 앞날개로부터 선발된 14개의 형태계측학 형질을 분석하였다. 결과로 국내 지역 개체들은 중국 양쯔강 이남보다는 이북 지역 개체들과 형태적으로 가까웠다. 서울과 부안 개체는 상하이 개체와 형태적으로 매우 유사하였다. 점무늬의 경우 베이징 개체가 상대적으로 작았고, 중국 남부의 린안 개체가 크게 나타났다. 날개의 크기는 일본 개체가 상대적으로 큰 것으로 분석되었다.

검색어: 꽃매미, 날개 변이, 침입해충, 형태계측학 분석

꽃매미(*Lycorma delicatula*)는 2000년대 중반 이후 한국의 중부지방을 중심으로 집단 발생한 침입 해충으로 식물의 수액을 과다하게 흡수하고 감로를 배출하여 기주식물의 광합성을 저해하거나 심할 경우 고사시키는 것으로 알려져 있다(Park et al., 2009). 특히, 꽃매미는 포도나무에 심각한 피해를 일으켜 최근까지 국내에서 생태와 방제 관련하여 많은 연구가 보고되었다(Han et al., 2008; Park et al., 2009; Lee et al., 2011). 꽃매미는 중국 및 동남아시아 등의 비교적 기온이 높은 지역에서 서식하는 아열대성 곤충으로, 그 유래에 대해서는 아직 밝혀진 것

이 없으나, 원산지로 보고된 중국으로부터 유입되었을 것으로 추정되고 있다(Han et al., 2008; Kim et al., in press).

꽃매미는 가축나무(*Ailanthus altissima*)를 주로 선호하나 참죽나무(*Toona sinensis*), 소테나무(*Picrasma quassioides*), 미국담쟁이덩굴(*Parthenocissus quinquefolia*), 머루(*Vitis amurensis*), 포도(*Vitis vinifera*) 등 목본 38종과 초본 3종 등 41종이 기주식물로 알려져 있다(Park et al., 2009). 월동에 관련된 연구로 영하 12도의 겨울을 지난 꽃매미 알이 실험실에서 부화하는 것을 확인하여 꽃매미가 우리나라 전역에서 출현 가능할 것으로 추정하였다(Lee et al., 2011). 결국 꽃매미는 한반도 기후온난화로 최근 번질 수 있던 종이기 보다는 생물학적으로 한반도 전역에서 서식 가능한 외래종을 시사하였다(Lee et al., 2011). 근래에는 겨울철 기온이 낮았던 중부권에서 그 밀도가 낮아졌으

*Corresponding author: hkim@kunsan.ac.kr

Received June 25 2013; Revised July 23 2013

Accepted August 2 2013

나 호남과 영남지역에 아직도 많은 수가 발생하여 피해를 주고 있다.

꽃매미는 한국의 중부지방과 경도 상 위치가 비슷한 중국의 Shanxi, Shandong, Hebei 지방에 분포기록이 있고 중국 내에서도 이들이 남부지방보다는 북부지방에서 더 흔하다는 기록이 있다(Liu, 1939). 또한 2008년 8월경 일본의 Kaga 지방 남부에서 가축나무에 꽃매미가 5천 개체 이상 대량으로 발견된 것이 확인된 이후, 본 연구에서 일본 현지 조사를 통해 Ishikawa의 Hakusan에서 다수의 개체를 발견하여 이들을 채집하였다.

최근, 동아시아 지역에 주로 분포되어 있는 꽃매미의 유전적 관계를 비교하기 위해 미토콘드리아 유전자인 *ND2*(NADH dehydrogenase subunit 2), *ND6*(NADH dehydrogenase subunit 6) 염기서열을 사용하여 한국, 중국, 일본 18개 집단을 선정하여 계통학적 방법으로 비교 분석한 결과 중국 양쯔강(Yangtze River) 이남보다는 이북 지역인 Beijing, Qingdao, Shanghai 꽃매미 개체가 한국 및 일본의 개체와 서열상의 차이가 없는 동일 유전자형(haplotype)으로 판명되었다(Kim et al., in press). 이를 통해서 꽃매미 개체는 최소한 중국 양쯔강 이북 지역으로부터 국내로 전파되지 않았을까 추정되고 있다(Kim et al., in press). 최근에는 꽃매미 집단에 특이적인 초위성체(microsatellite)를 개발하여 보다 면밀한 원산지 추정 연구를 진행 중에 있다(Kim et al., 2011).

꽃매미는 남방계 곤충으로 꽃매미과(Fulgoridae)에 속하였으며 날개의 형태적 특징이 확연한 곤충이다. 꽃매미는 같은 과(family)의 회조꽃매미(*Limois emelianovi* Oshanin)와 달리 앞날개의 무늬가 확연한데 날개 기부에서 약 2/3되는 지점에는 원형 또는 타원형에 가까운 검은 점무늬가 뚜렷하고, 나머지 2/3 지점에서 날개 말부까지 날개맥 사이로 분포하는 끊어진 점무늬가 확연하다(Fig. 1). 또한, 꽃매미의 날개맥은 비교적 단순한 편으로, 이러한 날개맥의 구조가 이러한 점무늬와 함께 개체별 또는 집단별 변이에 의한 차이가 있을 것으로 판단되었다. 실제로 여러 중국에서 채집된 꽃매미의 점무늬 패턴이 지역 간에 상이한 경향이 발견되어 형태적으로 분석이 필요할 것으로 사료되었다. 이번 연구에서는 분자생물학적인 방법과는 별개로 꽃매미 날개 무늬의 형태적 변이를 분석하였다.

이 연구의 목적은 한국, 중국, 일본에서 채집된 꽃매미 지역 개체들의 날개에 존재하는 점무늬와 날개맥의 구조를 형태계측학 분석(morphometric analysis)을 통해 비교함으로써, 날개 변이와 지역적 분포 사이에 상관관계 나타나는지를 규명하는 것이다.

재료 및 방법

꽃매미 날개 표본 제작 및 촬영

비교 분석을 위한 꽃매미 개체들은 2010년에서 2011년 사이에 채집되었다. 중국 양쯔강 이북 지역(Beijing, Shanghai, Qingdao, Yantai)과 양쯔강 이남 지역(Tiantai, Linana), 한국(Seoul, Buan, Yecheon)과 일본(Japan)의 10개 지역을 선정하여 날개의 보관 상태가 양호한 꽃매미 표본을 선별하여 계측을 위한 앞날개 표본을 준비하였다(Table 1). 암컷 10개체와 수컷 10개체씩, 지역별로 각 20개체를 선발하여 총 200개체의 왼쪽 앞날개를 몸통의 연결 근육과 분리하여 슬라이드글라스(76 × 26 × 2 mm) 위에 겹치지 않게 암수별로 슬라이드 당 5개씩 올려놓았다. 표본의 유지를 위해 날개 위를 슬라이드 글라스로 덮어 투명 테이프로 양끝을 고정시킨 후, 라벨을 기재하여 다른 표본과 구분하였다.

카메라는 Canon EOS 550D(DSLR / 1870만 화소 / 1:1.6(크롭), 22.8 × 14.9 mm / ISO12800)와 렌즈는 EF 100 mm F2.8L macro를 사용하였다. 카메라 거치대의 밑판에 흰색의 A4용지를 깔고 표본의 비율을 환산할 수 있도록 자(ruler)를 가운데에 고정하였다. 촬영되는 모든 표본의 위치가 변하지 않도록 슬라이드글라스와 자가 수직이 되도록 부착하였다. 그 사이에 만들어 놓은 표본을 위치하고, 1 : 3.3020의 비율로 확대 촬영하였다.

꽃매미 날개 계측

곤충 날개에 대한 형태계측학 연구는 주로 나비목 곤충에서 날개맥(wing vein)과 무늬패턴을 분석하는 연구가 보고되었다(Monteiro et al., 1997). 또한, 초파리에서 날개맥의 길이가 유전적인 분화와 상관관계가 있음이 밝혀진 바 있다(Moraes et al., 2004). 꽃매미 날개 계측을 위해 날개맥의 파악을 통한 점과 선을 지정하였고(Fig. 1), 다음의 방법으로 하여 계측을 실시하였다. 1) 계측에 앞서 가상의 지시 선을 긋는다: 날개 아래쪽 끝 부분이 수평이 되도록 맞추는 수평기본선을 그은 후, 날개의 끝부분을 나타내는 수직기본선을 날개 끝에 접하되, 수평기본선에 직각이 되도록 한다; 수평기본선은 날개의 anal vein의 원편과 오른편이 정확하게 접하도록 긋는다. 2) 날개의 최장 길이(L)를 측정한다: 날개 기부 쪽의 radius vein과 claval fold의 basal joint를 1st point를 기준으로 삼아 날개 끝과 수직기본선의 접점에 날개 최장 길이 L선을 잇는다. 3) 날개의 세 개 선(A, B, C)의 길이를 구한다: 날개 기부 쪽의 radius vein과 claval fold의 basal joint를 1st point로 하고, 1st point를 따라 내려와 1st

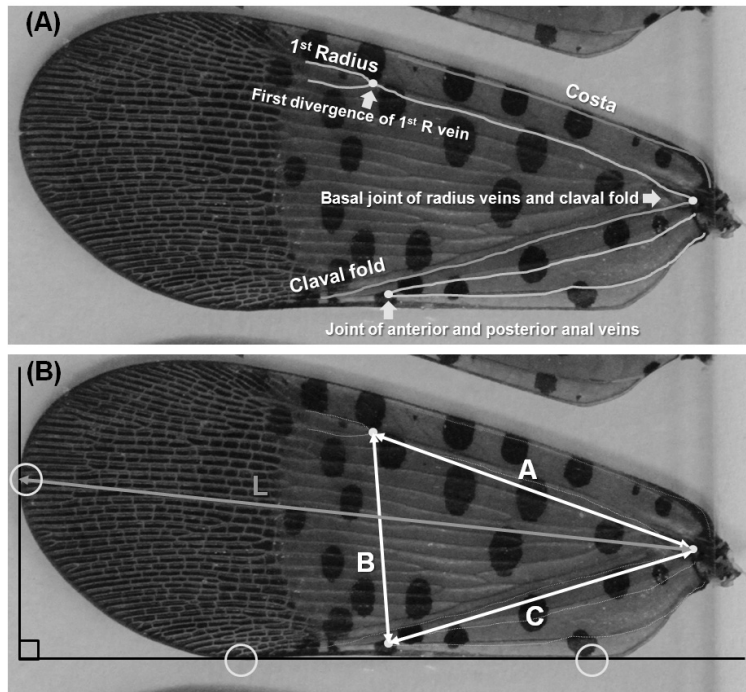


Fig. 1. Measurement of the morphometric characteristics of the left forewing of *L. delicatula*. (A) Wing venations and three points for making lines. (B) Triangle with three lines A, B, and C and line L as the longest length of the wing.

Table 1. The collection list for *Lycorma delicatula*. CN, China; KR, Korea; JP, Japan.* Japanese individuals were collected from Hakusan, Ishikawa Prefecture

No.	Locality	Collection date	Female	Male	GPS-N	GPS-E
1	Beijing, CN	2010-07-05	10	10	39.54.16.8	116.24.29.5
2	Shanghai, CN	2010-09-04	10	10	31.37.23.4	121.23.50.2
3	Qingdao, CN	2011-08-15	10	10	36.19.21.6	120.23.36.9
4	Yantai, CN	2011-08-16	10	10	36.56.59.5	121.30.28.8
5	Tiantai, CN	2010-09-06	10	10	39.07.15.1	117.12.54.1
6	Linan, CN	2010-09-07	10	10	30.14.01.9	119.43.29.0
7	Seoul, KR	2010-06-28	10	10	37.33.42.6	126.56.39.3
8	Buan, KR	2010-08-20	10	10	35.40.36.9	126.44.24.8
9	Yecheon, KR	2010-08-06	10	10	36.39.56.0	128.31.12.0
10	Japan, JP*	2010-09-15	10	10	36.35.40.8	136.37.32.1

radius vein이 갈라지는 1st divergence를 2nd point로, anal anterior vein과 anal posterior vein의 joint를 3rd point로 지정한다. 1st point와 2nd point를 잇는 A선, 2nd point와 3rd point를 잇는 B선, 3rd point와 1st point를 잇는 C선 각각의 길이를 재고, 헤론의 공식(Heron's formula)을 이용하여 A, B, C로 둘러싸인 삼각형의 면적을 구한다. 4) 꽃매미 점무늬의 개수와 그 면적을 구한다: 날개 기부에서 시작하는 costal vein과 1st radius vein 사이를 1구역으로, 1st radius vein과 claval fold와의 사이를 2구역으로, claval fold 이하를 3구역으로 나누고(Fig. 1) 각 구역

별 점의 개수와 면적을 구한다; 단, 날개 뒷부분의 경계선이 모호한 경우에는 구하는 점무늬의 개수와 면적에서 제외하고, 구역 간의 경계를 넘는 점일 경우 이후의 구역은 제외하며, 이전 구역에 포함되지 개수는 2개로 세고 면적은 1번만 측정한다. 구역을 세분화 한 것은 점무늬의 변이를 보다 세밀히 관찰하기 위해 마련되었다. 5) 점의 개수와 면적의 평균값을 구한다: 구역에 따라, 개체에 따라, 성비에 따라, 지역에 따라 각각의 점무늬의 개수와 면적의 평균값을 구한다. 모든 수치는 밀리미터(mm)로 측정하였다.

통계 분석

기본적인 형태계측학적 분석방법은 널리 사용되는 사례들을 검토하여 이용하였다(Elewa, 2004). 통계분석을 위해 SPSS ver. 18 (SPSS Inc. Chicago, IL, USA)을 사용하였고, 각각의 독립변인(지역, 암수)과 종속변인(L 길이, A 길이, B 길이, C 길이, ABC삼각형 면적, 구역별 점무늬의 길이와 면적, 구역별 점무늬의 개수)을 지정하였다. 점무늬의 길이와 면적은 개체별로 1~3구역에서 관찰된 것들을 측정한 후 평균값을 적용하였다. 공분산분석을 시행하기 위해서는 서열 척도만 가능하나 성별이 숫자로 표현할 수 없는 명목 척도이기 때문에 서열 척도로 치환할 수 있는지 알아보기 위한 더미(dummy) 분석을 우선적으로 시행하였다. 다변량 분산분석(multivariate analysis of variance, MANOVA)을 통해 각 독립변인에 대한 종속변인의 확률을 구함으로써 날개 패턴의 암수별, 지역별 유의차가 있는지 분석하였다. 또한, 분산분석에서 지역별 유의차가 있는 것으로 나타난 형질을 선별하여 지역 간의 유사도를 파악할 수 있는 주성분분석(principle component analysis, PCA)을 수행하였다. 지역별로 차원감소를 위한 요인분석을 실시하여 각 구역에서 절대 값이 가장 큰 수의 평균을 계산한 후 주성분 3가지 요인으로 X, Y, Z축을 설정하였다. 결과는 SigmaPlot (Systat Software, Inc. Chicago, IL, USA)을 사용하여 3차원 그림으로 나타냈다.

결과

꽃매미 날개 형태 패턴의 차이 검정

우선 지역과 성별을 독립변인으로 두고 각 형태계측학 형질들을 종속변인으로 나열하여 다변량 검정(multivariate test)을 실시한 결과 각각의 집단 간 유의한 차이가 있음을 알 수 있었다(Table 2). 결과 값의 정확성을 높이고 오차 범위를 줄이기 위하여 성별 차이가 각 지역의 꽃매미의 날개 형태 패턴에 관여하는지 알아보기 위해 공분산분석을 실시하였다. 분석 시 성별을 공변량으로 지정한 공분산분석 값과 공변량을 지정하지 않은 다변량 검정 값이 비슷하게 나왔으며, 이때 지역과 성별은 서로 상관관계가 없는 것으로 나타났다.

꽃매미 날개 형태 패턴의 변인 간 차이가 존재한다는 것을 바탕으로 어떠한 집단의 차이가 두드러지는지 알아보기 위해 개체-간 효과 검정(tests for between-subjects effects)을 실시하였다. 이때 지역에 대한 검정에서는 A선의 길이와 1구역 점무늬 수, 2구역 점무늬 수가, 성별에 대한 검정에서는 1구역 점무

늬 수, 2구역의 점무늬 수, 3구역 점무늬 수가 통계적으로 유의미하지 않은 항목으로 나타났다(Table 3). 이후 분석에서는 유의미하지 않은 형질들을 모두 제외하였고, 성별의 경우는 변인이 2개이므로 사후분석을 실시하지 않았다.

꽃매미 날개 형태 패턴에 대한 지역 간 차이

지역적으로 유의미하지 않은 것으로 분석된 A선의 길이와 1구역의 점의 개수, 2구역의 점의 개수를 제외하고 Tukey HSD 법($P > 0.05$)을 사용하여 사후분석을 시행한 결과 지역 간의 차이가 나타나는 것을 확인하였다(Fig. 2). 그 결과 지역은 중국, 한국, 일본 순서로 하고 위도 상 북쪽에서 남쪽으로 정렬하였고, 1번 클러스터(cluster) 또는 2번 클러스터에만 분류되는 지역을 다른 색으로 표시하여 형질에 대한 동질성 및 차이를 표현하였다(Fig. 2). 1번 클러스터에는 형질의 평균이 가장 작은 값을 갖고, 2번 클러스터는 가장 큰 값을 갖는다. 동질성에 대한 분석 결과 L선 길이, B선 길이, ABC삼각형 면적(LL, LB, AABC)에서 Japan은 다른 지역과 비교했을 때 극단적으로 큰 평균값을 갖는 것으로 나타났다. 또한, Beijing은 2, 3구역의 점무늬 길이, 면적, 개수(LSR2, ASR2, LSR3, ASR3)에서, Liana은 3구역 점무늬 길이와 개수(LSR3, NSR3) 다른 지역과 뚜렷한 차이를 보였다. 국내 지역 간에는 Seoul과 Buan은 ABC삼각형 면적(AABC)을 제외하고 유사하였으나, Yecheon은 상대적으로 차이가 났다. 중국 지역에서는 형질 별로 동질성에 차이가 있었으나, Shanghai가 모든 형질에서 Seoul과 가장 비슷한 동질성을 갖는 것으로 나타났다. 이 사후분석 데이터를 바탕으로 형태적 차이를 해석하였을 때 Beijing의 경우 점무늬의 크기가 가장 작지만 점의 개수가 가장 많았고, Linan의 경우 반대로 점무늬가 크고 그 개수가 적었고, Japan의 경우 날개의 크기가 상대적으로 큰 것으로 나타났다.

지역적으로 차이를 보이는 여러 종속변인으로부터 주요 성분을 뽑아 하나로 도식화하기 위하여 주성분분석(principle component analysis, PCA)을 실시하였다(Fig. 3). Seoul과 Buan이 중국 Shanghai와 좌표 상 거리가 가까운 것으로 보아 형태적 비슷함을 나타내었다. 또한, Buan은 Tiantai와도 가까운 것으로 나타나 이들 지역 간에 날개변이의 유사성을 보였다. 또한, 국내 다른 지역과 형태적 차이를 보였던 Yecheon은 Qingdao, Yantai와 상대적으로 가까운 것으로 나타났다. 사후분석에서 많은 차이를 보였던 Linan과 Japan은 상대적으로 거리가 멀어 형태적 차이가 상당히 있음을 보여주었다.

Table 2. Statistical results of multivariate tests. Design: Location, Gender, Location × Gender

	Effect	Value	F	Hypothesis df	Error df	Significance
Location	Pillai's Trace	2.681	5.304	126.000	1575.000	0.000
	Wilks' Lambda	0.024	6.459	126.000	1290.087	0.000
	Hotelling's Trace	5.758	7.551	126.000	1487.000	0.000
	Roy's Largest Root	2.496	31.198 ^b	14.000	175.000	0.000
Gender	Pillai's Trace	0.866	76.964 ^a	14.000	167.000	0.000
	Wilks' Lambda	0.134	76.964 ^a	14.000	167.000	0.000
	Hotelling's Trace	6.452	76.964 ^a	14.000	167.000	0.000
	Roy's Largest Root	6.452	76.964 ^a	14.000	167.000	0.000
Location × Gender	Pillai's Trace	1.744	3.004	126.000	1575.000	0.076
	Wilks' Lambda	0.123	3.237	126.000	1290.087	0.076
	Hotelling's Trace	2.588	3.394	126.000	1487.000	0.077
	Roy's Largest Root	0.878	10.980 ^b	14.000	175.000	0.000

^a: Exact statistic^b: The statistic is an upper bound on F that yields a lower bound on the significance level.**Table 3.** Statistical results of tests for between-subjects effects

Source	Dependent Variable	df	Mean Square	F	Significance
Location	Length L	9	23.734	30.264	0.000
	Length A	9	4.847	8.089	0.285
	Length B	9	2.137	22.678	0.015
	Length C	9	3.270	11.159	0.019
	Area ABC	9	125.222	16.656	0.044
	Length spot region 1	9	0.070	5.873	0.008
	Area spot region 1	9	0.075	7.377	0.001
	Length spot region 2	9	0.136	9.643	0.000
	Area spot region 2	9	0.132	11.498	0.000
	Length spot region 3	9	0.096	6.368	0.009
	Area spot region 3	9	0.061	6.739	0.007
	Number spot region 1	9	5.511	3.533	0.150
	Number spot region 2	9	16.178	3.969	0.055
	Number spot region 3	9	11.664	7.093	0.003
Gender	Length L	1	545.176	695.178	0.000
	Length A	1	91.488	152.680	0.000
	Length B	1	47.894	508.225	0.000
	Length C	1	112.006	382.196	0.000
	Area ABC	1	3432.302	456.536	0.000
	Length spot region 1	1	1.975	165.466	0.000
	Area spot region 1	1	1.897	187.867	0.000
	Length spot region 2	1	2.586	183.453	0.000
	Area spot region 2	1	3.133	272.874	0.000
	Length spot region 3	1	0.525	34.824	0.000
	Area spot region 3	1	0.456	50.782	0.000
	Number spot region 1	1	1.280	0.821	0.645
	Number spot region 2	1	3.920	0.962	0.878
	Number spot region 3	1	14.580	8.866	0.097

No.	Locality	LL	LB	LC	AABC	LSR1	ASR1	LSR2	ASR2	LSR3	ASR3	NSR3
1	Beijing, CN	■	■					■	■	■	■	■
2	Shanghai, CN	■	■									
3	Qingdao, CN							■	■			
4	Yantai, CN							■	■			
5	Tiantai, CN				■			■	■			
6	Linan, CN									■		■
7	Seoul, KR	■	■									
8	Buan, KR	■	■		■							
9	Yecheon, KR	■	■		■			■	■		■	■
10	Japan, JP	■	■		■							



Fig. 2. A diagram of clusters of homogeneous subsets from post hoc tests. LL: Length L, LB: Length B, LC: Length C, AABC: Area ABC, LSR1: Length spot region 1, ASR1: Area spot region 1, LSR2: Length spot region 2, ASR2: Area spot region 2, LSR3: Length spot region 3, ASR3: Area spot region 3, and NSR: Number spot region 3.

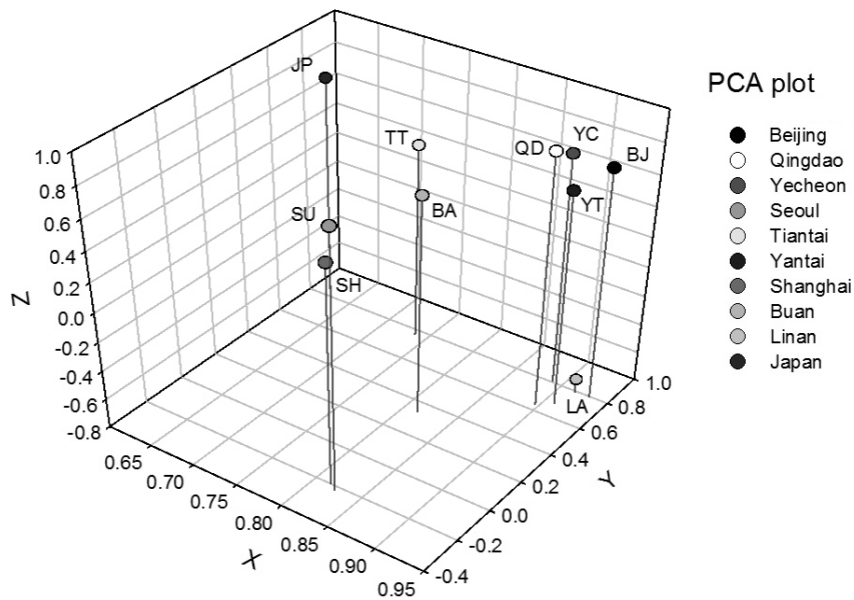


Fig. 3. A plot of the principle component analysis using the first three components (X, Y, Z).

고찰

통계적 유의수준을 높이기 위해서는 충분한 개체의 측정이 바탕이 되어야 하나, 이번 연구에서는 개체 수가 충분치 못하였다. 그러므로 이번 연구에서는 적은 개체수를 극복하기 위해 다

수의 형태계측학 형질을 이용하여 지역 간 꽃매미 앞날개 형태 변이의 차이가 있는지 분석하고자 하였다.

결과적으로 중국 Shanghai와 국내 Seoul, Buan이 형태적 패턴이 비슷한 것으로 나타나 국내 꽃매미의 유래와 관련이 있을 것으로 생각된다. 이전 연구에서 국내 꽃매미 개체는 중국 양쯔

강 이남과 유전적으로 차이가 있고 이북 지역인 Beijing, Qingdao, Shanghai 꽃매미 개체와 동일하였는데(Kim et al., in press), 이는 형태적인 결과와 어느 정도 일치한다고 볼 수 있다. 만약 꽃매미 개체가 유전적인 격리 효과에 의해 날개 형태의 패턴이 달라질 수 있다면 양쯔강 이북(Beijing, Yantai, Qingdao, Shanghai)과 양쯔강 이남(Tiantai, Linan)이 지리적 격리로 인하여 형태적 차이가 나타날 수 있음을 제시할 수 있다. 특이한 점으로 위도상 가장 북쪽의 Beijing과 최근 침입 지역인 Japan의 형태적 차이가 극명한 것이다. 이는 일본 침입 개체가 유전적 부동(genetic drift) 또는 남방 지역의 적응에 의해 다른 변이를 가지게 되었는지 연구해볼 필요가 있다. Yecheon의 경우는 Seoul보다 Qingdao 등과 형태적으로 더 가까운데 이것이 다중침입(multiple introduction)에 의한 차이로 나타난 것인지 추가 규명이 필요하다. 그러나, 이번 연구결과에서는 형태적인 패턴이 지리적인 연속성과는 상관없이 나타나는 점과 각 지역별 형태 특성이 형태계측학 자료에서는 뚜렷하지 않고 모호한 점에서 그 상관관계를 도출해 내는 것은 불가능한 것으로 보인다.

2000년대 중반 이후 꽃매미의 외부 유입으로 포도 농가 등의 피해가 급작스럽게 발생하여 관심이 증폭되었다. 계속되는 피해를 줄이기 위해 방제에 노력을 기울인 결과 현재 피해 규모가 많이 경감되었으나, 이것을 유지하기 위하여 꽃매미의 개체군 밀도 억제 개념에서 지속적인 검역과 차단이 필요한 실정이다. 그러나 중국에서 수입되는 기주인 가축나무, 포도 묘목 등을 통하여 추가적인 유입이 불가피하므로 예상치 못한 피해를 방지하기 위해 비용을 들여서라도 차단해야 할 필요가 있다.

이를 위해 국내와 국외 개체군을 판별하는 기법이 필요하다. 해충 차단의 가장 과학적인 방법은 유전자를 기초로 하는 것이나, 형태만으로 현장에서 판단할 수 있는 근거가 마련된다면 이들에 지역개체에 대한 신속한 식별이 가능할 것이다. 더불어 더 많은 꽃매미 집단에 대해 본 연구에서 확인된 날개 형질을 분석한다면 이들을 정확히 식별할 수 있는 근거 자료가 마련될 수 있다. 또한, 날개무늬 패턴이라는 형태적 표현형의 발달과 유전적 특성에 대한 연구가 동시에 진행된다면 이들의 집단분포와 진화에 대해 보다 학술적으로 가치 있는 결과가 도출될 수 있을 것으로 전망한다.

사 사

본 연구는 농림축산검역본부 식물검역기술개발사업(과제번호: 20100710630)으로부터 지원받아 수행되었습니다. 통계 분석을 위해 도움을 준 서울대학교 곤충계통분류학연구실 박사과정 이에림 양에게 감사의 뜻을 표합니다.

Literature Cited

- Elewa, A.M.T., 2004. Morphometrics: Applications in biology and paleontology. Springer, New York.
- Han, J.M., Kim, H., Lim, E.J., Lee, S., Kwon, Y.J., Cho, S., 2008. *Lycorma delicatula* (Hemiptera: Auchenorrhyncha: Fulgoridae: Aphaeninae) finally, but suddenly arrived in Korea. Entomol. Res. 38, 281-286.
- Kim, H., Kim, M., Kwon, D.H., Park, S., Lee, Y., Huang, J., Kai, S., Lee, H.S., Hong, K.J., Jang, Y., Lee, S. Molecular comparison of *Lycorma delicatula* (Hemiptera: Fulgoridae) isolates in Korea, China, and Japan. J. Asia Pac. Entomol. (2013), DOI: <http://dx.doi.org/10.1016/j.aspen.2013.07.003>
- Kim, H., Kim, M., Kwon, D.H., Park, S., Lee, Y., Jang, H., Lee, S., Lee, S.H., Huang, J., Hong, K.J., Jang, Y., 2011. Development and characterization of 15 microsatellite loci from *Lycorma delicatula* (Hemiptera: Fulgoridae). Animal Cells Syst 15, 295-300.
- Lee, J.S., Kim, I.K., Koh, S.H., Cho, S.J., Jang, S.J., Pyo, S.H., Choi, W.I., 2011. Impact of minimum winter temperature on *Lycorma delicatula* (Hemiptera: Fulgoridae) egg mortality. J. Asia Pac. Entomol. 14, 123-125.
- Liu, G., 1939. Some extracts from the history of entomology in China. Psyche 46, 23-28.
- Monteiro, A., Brakefield, P.M., French, V., 1997. The relationship between eyespot shape and wing shape in the butterfly *Bicyclus anynana*: A genetic and morphometrical approach. J. Evol. Biol. 10, 787-802.
- Moraes, E.M., Spresola, V.L., Prado, P.R.R., Costa, L.F., Sene, F.M., 2004. Divergence in wing morphology among sibling species of the *Drosophila buzzatii* cluster. J. Zoolog. Syst. Evol. Res. 42, 154-158.
- Park, J., Kim, M., Lee, S., Shin, S., Kim, J., Park, I., 2009. Biological Characteristics of *Lycorma delicatula* and the Control Effects of Some Insecticides. Korean J. Appl. Entomol. 48, 53-57.