



저작자표시-비영리-변경금지 2.0 대한민국

이용자는 아래의 조건을 따르는 경우에 한하여 자유롭게

- 이 저작물을 복제, 배포, 전송, 전시, 공연 및 방송할 수 있습니다.

다음과 같은 조건을 따라야 합니다:



저작자표시. 귀하는 원저작자를 표시하여야 합니다.



비영리. 귀하는 이 저작물을 영리 목적으로 이용할 수 없습니다.



변경금지. 귀하는 이 저작물을 개작, 변형 또는 가공할 수 없습니다.

- 귀하는, 이 저작물의 재이용이나 배포의 경우, 이 저작물에 적용된 이용허락조건을 명확하게 나타내어야 합니다.
- 저작권자로부터 별도의 허가를 받으면 이러한 조건들은 적용되지 않습니다.

저작권법에 따른 이용자의 권리는 위의 내용에 의하여 영향을 받지 않습니다.

이것은 [이용허락규약\(Legal Code\)](#)을 이해하기 쉽게 요약한 것입니다.

[Disclaimer](#)

博士學位論文

제주도에 이입된 외래거북류의 분포
특성과 유전적 다양성 및 관리방안

濟州大學校 大學院

科學教育學部

朴 宣 美

2021年 8月

제주도에 이입된 외래거북류의 분포 특성과 유전적 다양성 및 관리방안

指導教授 吳 弘 植

朴 宣 美

이 論文을 理學 博士學位 論文으로 提出함

2021年 6月

朴宣美의 理學博士學位 論文을 認准함

審査委員長 _____ ④

委 員 _____ ④

委 員 _____ ④

委 員 _____ ④

委 員 _____ ④

濟州大學校 大學院

2021年 6月

Distribution Characteristics, Genetic Diversity
and Management of the Introduced
Alien Turtles in Jeju Island

Seon-Mi Park

(Supervised by Professor Hong-Shik Oh)

A thesis submitted in partial fulfillment of the requirement for the degree of
Doctor of Philosophy in Biology

2021. 6.

This thesis has been examined and approved.

Thesis director, Daesik Park, Prof. Faculty of Science Education

Date

Faculty of Science Education
GRADUATE SCHOOL
JEJU NATIONAL UNIVERSITY

목 차

목 차	i
List of Tables	iv
List of Figures	vii
ABSTRACT	ix
I. 서론	1
1. 연구 배경	1
2. 연구사	4
1) 국내 연구	4
2) 국외 연구	5
3. 연구대상종	6
1) 붉은귀거북속	6
2) 늑거북속	7
3) 남생이속	8
4. 연구 목적	8
II. 재료 및 방법	10
1. 조사 지역 및 조사 기간	10
2. 서식 실태 모니터링 및 개체수 조사	10
3. 서식지 특성 분석	13
4. 종다양도 분석	14
5. 시료 수집 및 Genomic DNA 추출	14
6. mtDNA <i>CYTB</i> , <i>COI</i> 유전자의 중합효소연쇄반응	14
7. DNA 서열 결정 및 유전적 다양성 분석	17
8. 계통 유연관계 분석	17

III. 결과	18
1. 외래거북의 서식 현황	18
2. 외래거북의 서식지점 비교	30
1) 붉은귀거북의 서식지점 비교	30
2) 노란배거북의 서식지점 비교	34
3) 중국줄무늬목거북의 서식지점 비교	36
4) 북부붉은배거북의 서식지점 비교	38
3. 외래거북의 서식지 유형	40
4. 외래거북의 유전적 종 동정	47
5. 외래거북의 <i>CYTb</i> , <i>COI</i> haplotype 서열의 계통 유연관계	53
1) 붉은귀거북 집단의 계통 유연관계	53
2) 리버쿠터 집단의 계통 유연관계	62
3) 중국줄무늬목거북 집단의 계통 유연관계	69
IV. 고찰	76
1. 제주도 내 외래거북류의 개체군 분포 특징	76
2. 제주도에서 외래거북의 분포지 변화	78
1) 붉은귀거북의 분포지 변화	78
2) 노란배거북의 분포지 변화	81
3) 중국줄무늬목거북의 분포지 변화	81
4) 북부붉은배거북의 분포지 변화	82
3. <i>CYTb</i> , <i>COI</i> haplotype 분석에 의한 모계 다양성 및 유입경로	83
1) 붉은귀거북 집단의 모계 다양성 및 유입경로	83
2) 리버쿠터 집단의 모계 다양성 및 유입경로	86
3) 중국줄무늬목거북 집단의 모계 다양성 및 유입경로	87
4. 제주지역에서의 외래거북의 관리방안	90
1) 외래거북의 서식 현황 파악	91
2) 외래거북의 개체수 조절	92
3) 외래거북의 분자 종 동정 및 환경유전자 분석	93

4) 외래거북의 유입과 유통 관리	95
V. 적요	97
VI. 참고문헌	99
VII. Appendix	117

List of Tables

Table 1. PCR primers for the <i>CYTB</i> and <i>COI</i> genes in the alien turtles used in this study	16
Table 2. Sites and individual numbers of alien turtles found in this study	21
Table 3. Number of alien turtles observed in each province of Jeju Island	27
Table 4. Species diversity of alien turtles in each province of Jeju Island	28
Table 5. Comparison of observation sites between <i>T. s. elegans</i> in this study and previous literatures	31
Table 6. Comparison of observation sites between <i>T. s. scripta</i> in this study and previous literatures	34
Table 7. Comparison of observation sites between <i>M. sinensis</i> in this study and previous literatures	36
Table 8. Comparison of observation sites between <i>P. rubriventris</i> in this study and previous literatures	38
Table 9. Number of observed individuals of alien turtles according to habitat types in Jeju Island	41
Table 10. Habitat information of alien turtles observed in study sites	42

Table 11. List of hydrophytes observed in alien turtle habitats	46
Table 12. Similarity search results of <i>CYTB</i> sequences for alien turtles in Jeju Island	49
Table 13. Similarity search results of <i>COI</i> sequences for alien turtles in Jeju Island	51
Table 14. Accession numbers and information of the <i>CYTB</i> and <i>COI</i> sequences for <i>Trachemys</i> species used in this study	55
Table 15. Haplotype distribution of <i>CYTB</i> and <i>COI</i> sequences for <i>T. s. elegans</i> populations used in this study	58
Table 16. Population genetic diversities of the <i>CYTB</i> and <i>COI</i> genes within <i>T. s. elegans</i> in Jeju Island and other countries	59
Table 17. Accession numbers and information of the <i>CYTB</i> and <i>COI</i> sequences for <i>Pseudemys</i> species used in this study	63
Table 18. Haplotype distribution of <i>CYTB</i> and <i>COI</i> sequences for <i>P. concinna</i> populations used in this study	65
Table 19. Population genetic diversities of the <i>CYTB</i> and <i>COI</i> genes within <i>P. concinna</i> in Jeju Island and other countries	66
Table 20. Accession numbers and information of the <i>CYTB</i> and <i>COI</i> sequences for <i>Mauremys</i> species used in this study	70

Table 21. Haplotype distribution of *CYTB* sequences for *M. sinensis* populations used in this study 72

Table 22. Population genetic diversities of the *CYTB* and *COI* genes within *M. sinensis* in Jeju Island and other countries 73

List of Figures

Fig. 1. Alien turtles observed in this study. A, <i>T. s. elegans</i> (adult); B, <i>T. s. elegans</i> (juvenile); C, <i>T. s. scripta</i> ; D, <i>T. s. troostii</i> ; E, <i>P. concinna</i> ; F, <i>P. nelsoni</i> ; G, <i>P. peninsularis</i> ; H, <i>P. rubriventris</i>	19
Fig. 2. Alien turtles observed in this study. A, <i>C. p. picta</i> ; B, <i>M. sinensis</i> ; C, <i>P. unifilis</i> ; D, <i>P. sinensis</i> ; E and F, several species of alien turtles in pond; G, dead red-eared turtle; H, red-eared turtle bones found near the pond	20
Fig. 3. Distribution sites of Genus <i>Trachemys</i> in Jeju Island	23
Fig. 4. Distribution sites of Genus <i>Pseudemys</i> in Jeju Island	24
Fig. 5. Distribution sites of other Genera in Jeju Island	25
Fig. 6. Percentage of the alien turtles found in this study	26
Fig. 7. The number and sites of alien turtles observed in each province	29
Fig. 8. Comparison of previous literatures and current study on the distribution of <i>T. s. elegans</i> in Jeju Island	33
Fig. 9. Comparison of previous literatures and current study on the distribution of <i>T. s. scripta</i> in Jeju Island	35
Fig. 10. Comparison of previous literatures and current study on the distribution of <i>M. sinensis</i> in Jeju Island	37

Fig. 11. Comparison of previous literatures on the distribution of <i>P. rubriventris</i> in Jeju Island	39
Fig. 12. Habitat types of alien turtles in this study	44
Fig. 13. The phylogenetic tree for the <i>CYTB</i> haplotype sequences of <i>Trachemys</i>	60
Fig. 14. The phylogenetic tree for the <i>COI</i> haplotype sequences of <i>Trachemys</i>	61
Fig. 15. The phylogenetic tree for the <i>CYTB</i> haplotype sequences of <i>Pseudemys</i>	67
Fig. 16. The phylogenetic tree for the <i>COI</i> haplotype sequences of <i>Pseudemys</i>	68
Fig. 17. The phylogenetic tree for the <i>CYTB</i> haplotype sequences of <i>Mauremys</i>	74
Fig. 18. The phylogenetic tree for the <i>COI</i> haplotype sequences of <i>Mauremys</i>	75

ABSTRACT

This study was conducted on the inland wetlands of Jeju Island from March 2015 to November 2020. The purpose of the research was to analyze the distribution characteristics of alien turtles, their genetic identification and introduction routes using molecular genetics, and to suggest plans for their management.

The 46 locations in Jeju Island were investigated, and a total of 258 individuals belonging to 11 species of six genera and four families were identified. These included *Trachemys scripta elegans*, *T. s. scripta*, *T. s. troostii*, *Pseudemys concinna*, *P. peninsularis*, *P. floridana*, *P. rubriventris*, *Chrysemys picta picta*, *Mauremys sinensis*, *Pelodiscus sinensis*, and *Podocnemis unifilis*. The greatest number of *T. s. elegans* (70.54%) at 41 water bodies were observed and followed by *P. concinna* (10.07%), *M. sinensis* (4.65%), and *P. rubriventris* (4.65%). Alien turtle inhabitations was confirmed in 32 locations of Jeju-si and 14 locations of Seogwipo-si, respectively. In Jocheon-eup of Jeju-si, 40 individuals of eight species were observed in six locations; whereas in Aewol-eup, 54 individuals of seven species were observed in six locations. The results showed that, species diversity was highest in Jocheon-eup and Aewol-eup of Jeju Island. Currently, all aspects including habitat, species diversity, and population of alien turtles are increasing in Jeju Island. It is believed that the introduction and inhabitation of alien turtles in Jeju Island is rapidly increasing. Habitats for alien turtle were categorized as ponds, reservoirs, streams, puddles, and crater lakes of which ponds accounted for the greatest percentage (76.09%). It is expected that alien turtles will be easily settled at pond because of the presence of good basking site, hiding site, and sufficient emergent hydrophytes, which are needed for turtles's inhabitation.

The mtDNA *CYTb* and *COI* sequences were analyzed to identify species or subspecies of alien turtles in Jeju Island. Among the 28 *CYTb* sequences, 16 sequences were 99.91%–100% similar to *T. s. elegans*, eight sequences were 99.82%–

100% similar to *Pseudemys*, and four sequences were 99.73%–100% similar to *M. sinensis*. Among the 26 *COI* sequences, 14 sequences were 99.61%–100% similar to *T. s. elegans*, eight sequences were identical to *Pseudemys*, and four sequences were identical to *M. sinensis*. Based on mtDNA analysis, indicated that it was possible to genetically identify *T. s. elegans*, *Pseudemys*, and *M. sinensis*. *T. s. elegans* and *M. sinensis*, which showed a monophyletic pattern, respectively. The *CYTB* sequences from *T. s. elegans* in Jeju Island were grouped into five haplotypes (HTC01–HTC04, and HTC06). It is assumed that they originated from more than five maternal lineages. In addition, some sequences were identical as reported in South Korea and it can be assumed that this turtle group has the same maternal lineage. Therefore it is considered that these turtles were introduced in Jeju after being imported from the USA to South Korea. *P. concinna* in Jeju Island had three diverse haplotypes (HPC01, HPC03, and HPC04), whereas the *COI* sequences had two haplotypes (HPO01 and HPO02). The results showed that *P. concinna* had three maternal lineages introduced. *M. sinensis* had identical *COI* sequences, and its *CYTB* sequences were grouped into three haplotypes (HMC03–HMC05). The results showed that even if the Jeju group stemmed from a single maternal line, the different lineage groups were introduced by the genetic diversity of the same common maternal ancestor prior to the importation of the turtles. Considering the based on the phylogenetic tree using gene sequences of alien turtles in Jeju Island, as well as in various other countries (i.e., USA, China, Taiwan, and Germany), my results indicated that *T. s. elegans*, *P. concinna*, and *M. sinensis* were imported world widely from their original habitats to Korea.

Thus, to manage alien turtles in Jeju Island, continuous monitoring of their status and distribution range is necessary. Furthermore, to capture and control the number of alien turtles, their ecological characteristics need to be considered. In addition, it is necessary to accurately identify alien turtles based on molecular genetics. The Jeju government should regulate the trade of alien turtles and some species with potential for hybridization need to be severely restricted. By establishing a systematic

management system which effectively screening for the introduction and distribution of alien turtles, it will be possible to achieve preemptive reactions to prevent their introduction into nature.

This study presents an accurate and scientific basis for information regarding the inhabitation and introduction routes of alien turtles in Jeju Island and could be useful for planning the effective management of the Jeju alien turtle groups.

I. 서론

1. 연구 배경

교통과 통신의 발달이 전 세계를 연결하는 중요한 수단이 되면서 국가간의 거래가 활발하게 이루어지고 있다. 산업화에 따른 경제발전으로 여행과 레저, 반려동물에 대한 관심 등 여가 생활이 다양해지면서 인간의 활동 범위가 확장되었고, 지구상에 나타나는 기후변화로 인해 인위적 또는 자연적으로 생물 이동량이 증가하고 있다(Wilson, 1995; Williamson, 1996; 식품의약품안전청, 2004; Banks *et al.*, 2015). 생물다양성 보전 및 이용에 관한 법률 제 2조(정의)에 의하면, 외래생물(Alien species)이란 외국으로부터 인위적 또는 자연적으로 유입되어 그 본래의 원산지 또는 서식지를 벗어나 존재하게 된 생물을 말한다. 외국에서 인위적·자연적으로 유입되었거나 유전자변형을 통해 생산된 생물체 중에서 국내 생태계의 균형을 교란하거나 교란할 우려가 있는 야생의 생물을 생태계교란 생물로 구분하고 있으며, 침입외래종과 생태계교란종을 동일한 개념으로 정의하고 있다(김 등, 2016; 한국외래생물정보시스템, 2020). 생물다양성협약(Convention on Biological Diversity, CBD) 제2조에서는 생태계, 서식지 혹은 생물종을 위협하는 외래종을 침입외래종(Invasive alien species), 국제자연보전연맹(International Union for the Conservation of Nature and Natural Resources, IUCN)에서는 자연적 또는 반(半)자연적인 생태계나 서식지에 정착하여 변화를 일으키고 토착생물다양성을 위협하는 외래종을 침입종(Invasive species)으로 정의하고 있다. 이전에는 서식하지 않았던 지역으로 특정종의 외부 유입과 정착, 확산을 생물학적 침입(Mack *et al.*, 2003)이라 하였으며, Spear *et al.* (2013)은 외래종을 ‘alien’, ‘extralimital’, ‘invasive’로 구분하여 침입종은 사회·경제적 부분과 생물다양성에 부정적인 영향을 미치는 종으로 정의하였다. 외래종의 정의는 각 주체 또는 시간이 지남에 따라 조금씩 변화하고 있으며, 대표적인 용어로 외래종과 침입종을 사용하여 최근에는 번식능력이 있는 모든 생물체들을 포함하고 있다(한국환경정책·평가연구원, 2004; 김

등, 2016). 침입성 외래생물은 기후변화, 서식지 파괴, 환경 오염 등 다른 원인들과 맞물려 생물다양성 손실 및 생태계에 커다란 위협요소로 작용하고 있다(Huxel *et al.*, 1999; Pimentel *et al.*, 2005; Secretariat of the Convention on Biological Diversity, 2009, 2010; 윤, 2011; 이 등, 2016, 김, 2018).

Hulme (2009)은 지구상에서 외래종의 대규모 이동이 4차례에 걸쳐 일어났음을 제안하였다. 첫 번째는 1500년대 중세 시기에 아메리카 대륙의 발견과 식민지화 과정에서 유럽과 아메리카 대륙 간 대규모 생물의 이동이며, 두 번째는 1800년대 산업혁명으로 인한 국가 간 교역의 급진적 증가와 1820년부터 1930년 사이에 유럽인 5천만 명이 미국으로 이주하면서 외래종이 대규모 이동하였다. 세 번째는 1975년 이후 현재까지의 이동으로 세계화 및 소득수준의 향상, 운송수단의 발달로 인한 대규모 이동이며, 네 번째는 기후변화에 의한 이동이다(Mack *et al.*, 2000; Levins and D'Antonio, 2003; Hulme, 2009). 외래종의 유입 경로는 의도적 유입, 비의도적 유입, 폐쇄 도입 그리고 도입 후의 확산 벡터의 4가지로 구분된다(Wittenberg and Cock, 2001). 선박과 항공기 기술의 발달로 외래종이 살아있는 상태로 유입될 가능성이 높아진 점, 이민과 여행객의 증가, 무역의 자유화, 이국적인 동·식물에 대한 애완 선호도 증가 등이 외래종 유입의 원인이 된다(Office of Technology Assessment, 1993).

국내에는 농가 소득 향상, 애완용, 종교용, 해외생물 전시 및 교육 등의 의도적인 목적으로 다양한 외래생물이 세계 각 국에서 유입되고 있다. 수입되는 외래생물 중에는 대부분이 동물이며, 파충류의 경우는 연간 40만 마리 정도가 거래되고 있으나 파충류 수입시 무역거래 관세부호인 HS부호(HS CODE)가 도마뱀류, 거북류 등 ‘○○류’로 분류되어 수입되어지는 외래생물종의 정확한 정보를 알 수 없는 경우가 많다(환경부, 2010). 최근에는 특이하거나 희귀한 애완동물에 대한 관심이 커지면서 거북류의 거래가 증가하는 추세로 2004년부터 2015년까지 연간 최소 6,000 kg 이상의 거북류가 지속적으로 수입되었다(이 등, 2016). 현재 수출입허가대상 거북은 총 20종으로 외래거북 수입시에는 “야생생물 보호 및 관리에 관한 법률”에 따라 수입 규제 대상 여부를 확인해야 하며, “멸종위기에 처한 야생 동식물의 국제거래에 관한 협약(Convention on International Trade in Endangered Species of Wild Fauna and Flora, CITES)”에 따라 등급별 적합한 허가

기준과 절차를 반드시 준수해야 한다(식품의약품안전청, 2004; 환경부 2010, 2019a; 이 등 2016). 그럼에도 불구하고 통관 절차를 거쳐 수입된 거북류들은 검역대상 수출입동물에 해당되지 않아 별도의 검역 절차 없이 수입 신청자에게 양도된다(이 등, 2016). 현재 수입되는 거북류를 포함하여 많은 외래생물 중에는 다른 국가에서 이미 침략성 위해 외래종으로 지정하여 개체수 조절과 퇴치 등 엄격하게 관리되고 있는 종들도 포함되어 있다(환경부, 2010).

국내에서는 1970년대 이후 종교 활동, 애완용, 식용 또는 약재를 목적으로 붉은귀거북(*Red-eared Slider*, *Trachemys scripta elegans*)이 도입되었고(오와 흥 2007), 최근에는 쿠터류, 비단거북(*Painted Turtle*, *Chrysemys picta*), 늑대거북(*Common Snapping Turtle*, *Chelydra serpentina*) 등 다양한 종류의 거북류가 거래되고 있다(국립생태원, 2015, 2016b; 구 등, 2020). 국내에 도입되는 거북류는 전량 수입에 의존하고 있으며, 지금까지 9과 73종의 거북류가 국내로 도입되었고, 온·오프라인 동물판매업체, 재래시장, 개인 직거래 등을 통하여 전국으로 유통되고 있다(이 등, 2016; 구 등, 2020). 초기에는 미국에서 수입되는 비중이 가장 높았으나 최근에는 중국, 대만, 베트남 등 전체 수입량의 약 79% 이상이 아시아 지역에서 거래되고 있으며, 2000년대 이후 중국과의 거래가 점차 증가하면서 현재는 중국에서 가장 많이 수입하고 있다. 수입된 외래거북 중 일부는 수입 당시의 원래 목적으로 활용되지 못하거나, 사육자의 부주의와 관리의 어려움, 종교 행사로 인한 방생 등 다양한 원인으로 인해 국내 수계로 유입되어 확산되고 있다(국립생태원 2016b; 이 등, 2016). 국내 야생에는 3과 8종의 외래거북의 서식이 알려졌으나(이 등, 2016), 최근에는 외래거북의 첫 관찰 사례 및 기존에 알려진 외래거북의 분포 현황들을 종합하여 국내 수계에는 4과 9속 17종의 외래거북류의 서식이 보고되었다(박과 오, 2021). 국내로 수입되어 거래되고 있는 외래거북류의 종과 개체수는 매년 증가하고 있으며, 자연생태계로 유입되어 발견되는 외래거북도 점차 증가되는 추세이다(국립생태원, 2015; 구 등, 2020).

2. 연구사

1) 국내 연구

외래거북에 대한 국내 연구는 전국자연환경조사와 국가기관에서 전국적으로 수행한 모니터링 조사 연구 및 국내 수계에서 관찰되는 외래거북의 분포 현황에 대한 연구가 주를 이루고 있다(국립환경과학원, 2010; 국립생태원, 2014a, 2016a, 2018a, 2018c; 이 등, 2016; 구 등, 2017; 오 등, 2017; Koo *et al.*, 2020b). 국립생태원은 전국을 서울·경기·강원, 경상, 충청·전라, 제주 권역으로 구분하여 외래생물 서식실태 조사의 일환으로 외래거북 현황 조사를 수행하였다(국립생태원, 2015, 2016b, 2017a, 2018b). 또한 전국의 쿠터류 서식 현황 연구(국립생태원, 2016c), 리버쿠터(River Cooter, *Pseudemys concinna*)의 서식 현황 및 타임랩스(timelapse) 카메라를 이용한 행동패턴 분석도 수행되었으며(국립생태원, 2017b), 중국줄무늬목거북(Chinese Stripe-necked Turtle, *Mauremys sinensis*)의 서식 현황(국립생태원, 2018c), 붉은배거북류의 서식 현황(국립생태원, 2019)이 보고되었다. 최근에는 늑대거북, 서부비단거북(Western Painted Turtle, *Chrysemys picta bellii*) 등 국내 수계에서 관찰되지 않았던 종에 대한 서식이 보고되었다(Koo *et al.*, 2020a; 박 등, 2020). 환경유전자(environmental DNA, eDNA) 분석을 통하여 늑대거북(국립생태원, 2014b)과 중국줄무늬목거북(국립생태원, 2018c)의 서식이 확인되었고, 남생이와 중국줄무늬목거북과의 잡종으로 의심되는 개체에 대한 유전적 분석을 통해 교잡의 가능성이 보고되기도 하였다(국립생태원, 2018c).

붉은귀거북의 자연적 이동(구 등, 2019)과 번식(정과 이, 2019), 섭식 성향(정, 2014)이 보고되었고, 서식지 이용 패턴 연구를 통하여 한국산 남생이(Reeves's Turtle, *Mauremys reevesii*)와 중복된 생태적 지위를 가진다는 것이 밝혀졌다(조 등, 2017). 외래거북류의 겨울철 생존 가능 여부와 체중 변화가 보고된 바 있으며(구와 송, 2020), 외래거북의 국내 수입과 유통 실태조사(이 등, 2016), 외래거북의 관리를 위한 다양한 방안들이 제안되었다(이 등, 2016; 김 등, 2020).

제주도에서는 붉은귀거북의 서식 현황(제주지역환경기술개발센터, 2006; 오와 홍, 2007; 국립환경과학원, 2010; 제주녹색환경지원센터, 2013; 국립생태원, 2014a;

2015; 2016a; 2018a), 다양한 외래거북류 관찰(국립생태원, 2015; 오 등, 2017; Koo *et al.*, 2020), 노란배거북(Yellow-bellied Slider, *Trachemys scripta scripta*)의 잡종으로 추정되는 개체에 대한 서식 보고(국립생태원, 2015). 붉은귀거북의 번식지와 비번식지 비교(구와 성, 2019) 연구가 이루어졌다.

2) 국외 연구

본래의 서식지가 아닌 타 국가에 도입된 외래거북에 관한 국외 연구도 서식 현황에 대한 연구가 주를 이루고 있다. 붉은귀거북을 비롯한 외래거북의 서식 분포 현황은 다양한 국가에서 보고되었다(Newbery, 1984; Uchida, 1989; Platt and Fontenot, 1992; Da Silva and Blasco, 1995; Luiselli *et al.*, 1997; Chen and Lue, 1998; Cadi and Joly, 2004; Pupins, 2007; Robey *et al.*, 2011; Oi *et al.*, 2012; Jablonski *et al.*, 2018). 일본에서는 붉은귀거북 집단의 성 비율 및 성적 크기 이형성에 대한 연구(Taniguchi *et al.*, 2017), 중국에서는 붉은귀거북과 본토 내 토종거북과의 섭식 차이(Wang *et al.*, 2013) 가 보고되었다.

일부 국가에서는 외래거북의 유입이 토착생태계에 미치는 영향이나 외래거북으로 인해 발생하는 많은 위협적 요소들을 보고하는 연구들이 진행되었다(Bunnell, 2005; Semenov, 2010; Masin *et al.*, 2014; Demkowska-Kutrzypa *et al.*, 2018; Zhang *et al.*, 2020). 침입종에 의한 토착종의 유전적 오염과 잡종 형성의 피해(Huxel, 1999), 거북류의 살모넬라 감염과 같은 질병 및 기생충 관련 연구(Hidalgo-Vila *et al.*, 2007, 2008; Angulo *et al.*, 2010; Verneau *et al.*, 2011)가 보고된 바 있으며, 거북류의 국제 거래 및 무역, 불법 거래, 유입 원인과 관리방안에 관한 연구(Van Wilgen *et al.*, 2008; Zhou and Jiang, 2008; Masin, *et al.*, 2014; Nijman and Shepherd, 2015; Garcia-Diaz *et al.*, 2017; Mark, 2017; Liu *et al.*, 2020) 들이 알려졌다.

거북류의 계통 유연관계 분석 및 분류학적 고찰(Jackson *et al.*, 2008; Fritz *et al.*, 2012; Jackson *et al.*, 2012; Spinks *et al.*, 2013; Oh *et al.*, 2017; Parham *et al.*, 2020; Vamberger *et al.*, 2020)이 이루어졌으며, 진화 관계(Feldman and Parham, 2004), 잡종 형성(Fong and Chen, 2010, Xia *et al.*, 2011; Sancho *et al.*, 2020),

DNA 바코딩 연구(Kundu *et al.*, 2018), eDNA 방법 개발과 효과성 검증(Feist *et al.*, 2018) 등 분자유전학적 연구들이 이루어졌다.

3. 연구 대상종

과충강(Reptilia) 거북목(Testudines)에 속하는 거북은 형태적 특성에 따라 잠경아목(Cryptodira)과 곡경아목(Pleurodira)으로 구분되며, 서식 장소에 따라 육지거북, 반수생거북, 바다거북으로 나뉜다(Bickham *et al.*, 2007; Rhodin *et al.*, 2017). 전 세계적으로 14과 356종이 서식하고 있으며, 아종(subspecies)을 포함하여 약 478종이 서식하는 것으로 알려져 있다(Bonin *et al.*, 2006; Rhodin *et al.*, 2017; The Reptile Database, 2020). 공식적으로 IUCN 적색목록에서는 148종의 거북류가 심각한 멸종위기종(Critically Endangered, CR), 멸종위기종(Endangered, EN) 및 멸종위기 취약종(Vulnerable, VU)으로 취급하고 있으며, 이는 현존하는 거북류 중 41.6%에 해당하는 수치이다(IUCN, 2017; Rhodin *et al.*, 2017). 거북류는 멸종위기에 매우 취약하며, 취약성이 평가되지 않은 일부 종을 포함하면 59% 이상의 거북류가 위협받고 있다(Rhodin *et al.*, 2017).

거북류는 환경 변화에 민감하게 반응하며, 낮은 기온, 부족한 산소 농도 등 열악한 환경에서는 체내 대사를 낮춤으로써 생존에 유리하도록 적응한다(Jackson and Ultsch, 2010). 일부 종에서는 성적 이형성이 두드러지게 나타나며, 일반적으로 수컷과 암컷은 몸의 크기, 앞발톱과 꼬리의 길이, 총배설강의 위치, 배면의 형태 등으로 구별되는 데 성체 시기에 정확한 구분이 가능하다(Gibbons and Lovich, 1990; Bonnet *et al.*, 2001, 2010).

1) 붉은귀거북속

늘거북과(Emididae) 붉은귀거북속(*Trachemys*)은 가장 널리 분포하는 미국의 거북류 중 하나로 현재 14종(*Trachemys scripta*, *T. adiutrix*, *T. decorata*, *T. decussata*, *T. dorbigni*, *T. callirostris*, *T. emolli*, *T. nebulosa*, *T. ornata*, *T. taylori*, *T. venusta*,

T. stejnegeri, *T. terrapen*, *T. yaquia*), 26아종이 서식하는 것으로 알려져 있다. 북아메리카에서부터 중앙아메리카를 거쳐 콜롬비아, 베네수엘라 등 남아메리카 북부까지 광범위한 분포를 보이며, 남아메리카의 두 종(*T. aiutrix*, *T. dorbigni*)은 브라질, 아르헨티나와 우루과이 사이를 흐르는 라플라타 강(Rio de la Plata)까지 분포한다(Seidel, 2002; Bonin *et al.*, 2006; Rhodin *et al.*, 2017).

붉은귀거북속 중에서 가장 잘 알려진 종은 *T. scripta*이며, 붉은귀거북, 노란배거북, 콤버랜드(Cumberland Slider, *Trachemys scripta troostii*) 3아종을 포함한다. 붉은귀거북은 애완동물 애호가들 사이에서 많이 사육되었던 거북류 중 하나로 자연적 또는 인위적인 원인에 의해 자연생태계로 유입되기 시작하였으며, 현재는 남극 대륙을 제외하고 전 세계적으로 야생에서 쉽게 찾아볼 수 있을 만큼 넓은 분포를 보인다(Platt and Fontenot 1992; Ramsay *et al.*, 2007). IUCN에서 지정한 세계 100대 악성 침입외래종(Lowe *et al.*, 2000)으로 물이 많은 하천, 호수, 저수지, 습지 등 유속이 느리거나 정체되어 있는 곳에 주로 서식하며, 작은 웅덩이에서도 발견된다. 일광욕이나 산란 시기를 제외하면 대부분 수생 생활을 하는 것으로 알려져 있다(Gibbons, 1990; Gibbons *et al.*, 1990).

2) 늪거북속

늪거북속(*Pseudemys*)은 늪거북과에서 두 번째로 큰 속이며, 쿠티(Cooter)로도 불린다. 뉴멕시코 남동부에서 동쪽으로 플로리다 반도를 거쳐 북쪽으로 메사추세츠 일대까지 서식하는 반수생 거북으로 현재 7종(*Pseudemys concinna*, *P. rubriventris*, *P. nelsoni*, *P. peninsularis*, *P. alabamensis*, *P. gorzugi*, *P. texana*)이 알려져 있으며, 리버쿠티는 3아종(*Pseudemys concinna concinna*, *P. c. floridana*, *P. c. suwanniensis*)으로 분류된다(Bonin *et al.*, 2006; Ernst and Lovich, 2009; Rhodin *et al.*, 2017).

대부분의 종들은 초식성이 강하지만 성장기에는 육식성이 더 강하게 나타나며, 성체가 되면 주요 식성이 육식에서 초식성으로 변한다. 수초가 풍부한 지역에서 주로 관찰되며, 물살이 세지 않은 습지나 늪에 주로 서식한다(Bonin *et al.*, 2006; 국립생태원, 2016c).

3) 남생이속

남생이과(Geoemydidae) 남생이속(*Mauremys*)은 9종(*Mauremys annamensis*, *M. caspica*, *M. japonica*, *M. leprosa*, *M. mutica*, *M. nigricans*, *M. reevesii*, *M. rivulata*, *M. sinensis*)이 알려져 있다. 이중 3종(*M. leprosa*, *M. caspica*, *M. rivulata*)은 남부 유럽, 지중해 등 중앙아시아를 기준으로 서쪽 지역에 서식하며, 이외의 종들은 중국, 대만, 베트남, 일본 등 대부분 동아시아에 분포한다(Ernst *et al.* 2000; Fritz 2001; Bonin *et al.*, 2006; Rhodin *et al.*, 2017).

중국줄무늬목거북은 등갑의 길이가 18-25 cm 정도이며, 암컷이 수컷보다 더 크게 성장하나 꼬리는 수컷이 더 굵고 길다. 낮은 고도의 진흙이나 점토로 이루어진 곳을 선호하며, 호수, 강, 습지 등에 서식한다(Bonin *et al.*, 2006; 국립생태원, 2016c). 잡식성이나 암컷 성체는 초식에 가까운 잡식, 유체와 수컷 성체는 육식에 가까운 잡식성인 것으로 알려져 있다(국립생태원, 2018c). 중국과 대만에서는 대량으로 양식되고 있으며, 전통의학과 애완용, 식용 등으로 이용하거나, 주변의 많은 국가들로 수출하였다(Haitao *et al.*, 2008).

4. 연구 목적

제주도에는 붉은귀거북을 포함하여 여러 종의 외래거북이 서식하고 있으나 일반적으로 잘 알려진 붉은귀거북의 분포와 서식지 정보를 파악하는 단편적인 연구가 주로 이루어졌다. 또한, 일부 연구에서 확인된 외래거북 중에는 정확한 종 동정이 이루어지지 않은 상태로 추정하고 있으며, 잡종으로 의심되는 종의 판별도 불명확하게 다루어지고 있다. 최근 전국적으로 수행된 외래거북류의 현황 연구에서는 제주지역에 서식하는 외래거북의 종 정보만 파악되었고, 개체수 현황에 대해서도 파악되지 않은 상태라 외래거북의 유입과 확산에 대한 정보는 미흡한 실정이다. 2015년 제주도 내 외래생물 서식 현황 모니터링 이후 추가적인 정밀 조사가 수행된 바 없으며, 지금까지 붉은귀거북 이외에 다른 거북류에 대한 연구는 거의 이루어지지 않아 외래거북 현황조사 파악하기 어려운 실정이다. 또한,

제주도 수계에서 확인되는 외래거북이 증가하고 있으나, 분자유전학적 분석을 통한 외래거북류의 정확한 종 동정이나 계통 유연관계 분석을 통한 유입경로는 밝혀진 바 없으며, 최근 들어 외래거북에 의한 생태계 피해 사례가 증가하고 있어 외래거북의 조절·퇴치·활용 등 효율적인 관리방안 마련이 시급하다. 이에 본 연구는 제주도 자연생태계로 유입된 외래거북의 분포 현황을 파악하고, 제주도 외래거북 집단 유전적 정보인 mitochondrial DNA (mtDNA) *cytochrome b* (CYTB), *cytochrome c oxidase subunit 1* (COI) 유전자 서열 분석을 통하여 명확하게 종을 동정한 후, haplotype 분석을 바탕으로 외래거북의 유입경로를 밝혀 제주지역 실정에 적합한 관리방안을 마련하기 위하여 수행하였다.

II. 재료 및 방법

1. 조사 지역 및 조사 기간

제주도 자연 생태계에 유입되어 서식하고 있는 외래거북류를 조사하기 위하여 제주녹색환경지원센터(2013)에서 제시한 습지 정보와 Google earth 검색을 통하여 습지 형태를 갖추고 있으면서 거북류의 서식이 예상되는 367지점(제주시 208지점, 서귀포시 159지점)의 습지를 대상으로 2015년 1월부터 2016년 12월까지 1차적으로 모니터링하였다. 1차 모니터링 조사를 통해 외래거북의 서식이 확인된 습지를 중점으로 2015년 3월부터 2020년 11월까지 정밀조사하였다. 또한, 기존 문헌에서 거북류 서식지로 기록된 지점(오와 흥, 2007; 제주녹색환경지원센터, 2013; 국립생태원, 2015; 환경부, 2015) 및 주민 청문조사에서 거북류의 서식이 알려진 지점들은 모두 중점조사 지점으로 선정하여 조사하였다.

2. 서식 실태 모니터링 및 개체수 조사

조사는 2인 이상으로 조사팀을 구성하여 연 2회 이상 현장조사하였다. 강수확률, 일조량 등 기상 조건을 고려하여 주로 해가 뜨고 기온이 상승하는 오전 9시부터 오후 4시 사이에 일광욕을 위해 수면 밖으로 나온 개체들을 조사하였다. 조사 지역을 도보로 이동하는 선조사법(Line Census Method), 육안관찰, 쌍안경(Nikon, 8 × 25), 고배율 카메라(Canon, 55-250 mm)를 이용하여 서식 유무를 확인하였다. 또한, 거북류의 출현이 예상되는 지점에서는 1시간 이상 머물면서 정점조사법(Point Census Method)으로 조사하였다. 외래거북이 관찰된 지점의 좌표는 휴대용 GPS (GPSMAP 64s, GARMIN, USA)를 이용하여 기록하였다. 개체수 확인은 2인 이상이 동일시간, 동일습지에서 계수한 결과를 비교하여 결정하였고, 연도별로 확인된 개체수 중 최대치를 최종개체수로 채택하였다. 붉은귀거북은 등갑

의 크기가 15 cm 이상으로 확인된 개체를 성체로, 그 이하로 확인된 개체는 유체로 구분하여 계수하였다. 확인된 외래거북은 체색과 무늬, 등갑의 모양 등 문헌(Bonin *et al.*, 2006; 이와 박, 2011; Chang *et al.*, 2012; 국립생태원, 2015, 2016a, 2019; Rhodin *et al.*, 2017; The Reptile Database, 2020)에 제시된 거북류의 형태학적 특징을 참고하여 동정하였다. 국명은 한국외래생물정보시스템(2020)에 등록된 국명을 사용하였으며, 국명이 제시되어 있지 않은 개체의 경우에는 국립생태원(2016c, 2017b, 2018c, 2019)과 이와 박(2011)에 제시된 자료를 참고하였다.

외래거북의 종 동정은 아래와 같은 형태학적 특징을 기준삼아 분류하였다.

- 붉은귀거북

등갑의 색은 암갈색이고, 노란색의 줄무늬가 있다. 복갑은 담황색 또는 황적색이고 가장자리를 따라 흑색 원형의 반점이 있으며, 복갑 전체에 흑색 반점이 산재한다. 머리 측면의 양쪽 눈 뒤로 붉은색 무늬가 있다(Appendix 1A).

- 노란배거북

전체적으로 붉은귀거북과 비슷한 체형과 체색을 지니고 있으나, 복갑에는 견갑관 위주로 흑색 원형의 반점이 있다. 머리와 다리에는 노란색의 줄무늬가 있는데 목 부분의 노란 줄무늬는 가로로 나 있지만, 눈 뒤에 있는 노란색 무늬는 수직을 이루고 있다(Appendix 1B).

- 콤버랜드

붉은귀거북과 비슷한 체형과 체색을 지니며, 뒤쪽으로 둥글게 등갑이 약간 돌출되어 있다. 등갑의 가장자리와 복갑에는 검은 반점이 나타나며, 눈 뒤로 노란 무늬가 나타난다(Appendix 1C).

- 리버쿠테와 페닌슐라쿠테(Peninsular Cooter, *Pseudemys peninsularis*)

리버쿠테는 등갑의 두 번째 늑갑관에 ‘C’ 모양의 무늬가 있고, 등갑의 뒷부분은 톱니모양이며, 배갑에는 다양한 형태의 무늬가 있다. 측두 상부와 중막

주위의 선은 가늘고 평행하며, 턱 밑으로 굵은 노랑 줄무늬가 있고 ‘Y’자로 나뉘어져 내려간다(Appendix 1D). 페닌슐라쿠터의 배갑에는 무늬가 없고, 측두상부와 중막에 있는 줄무늬들은 만나서 옷핀 모양의 선을 만든다(Appendix 1E).

- 북부붉은배거북(Nothern Red-bellied Cooter, *Pseudemys rubriventris*)과 플로리다 붉은배거북(Florida Red-bellied Cooter, *Pseudemys nelsoni*)

등갑의 늑갑판에 붉은선이 있다. 복갑은 주황색 또는 노란색, 붉은색이며, 유체시기에 검은 패턴을 갖고 있으나, 성체로 자라면서 점점 검은 반점이 열린다. 북부붉은배거북은 연갑판에 세로로 붉은선이 나타나며, 플로리다붉은배거북은 머리판 코끝으로 향하는 선명한 노란선이 미간 사이에 하나, 양 눈 뒤쪽에 한 줄씩 총 3개의 줄이 화살표 모양으로 코끝을 향한다(Appendix 2A).

- 동부비단거북(Eastern Painted Turtle, *Chrysemys picta picta*)

등갑에는 돌기가 없어 매끈하다. 배갑은 노란색이며, 다리와 꼬리에는 머리무늬와는 뚜렷하게 구분되는 붉은색, 주황색 또는 노란색의 선명한 줄무늬가 있다(Appendix 2B).

- 중국줄무늬목거북

등갑의 색상은 일반적으로 회녹색이며, 유체 시기에는 3개의 용골이 존재한다. 복갑에는 인판마다 검정색의 얼룩무늬가 있으며, 몸의 가장자리를 따라 원형의 무늬가 줄지어 있다. 목과 다리의 선명한 줄무늬가 특징이다(Appendix 2C).

- 중국자라(Chinese Softshell Turtle, *Pelodiscus sinensis*)

등갑은 짙은 갈색 또는 회색이며, 작은 돌기들이 있다. 국내 자라와는 다르게 복갑은 흰색에 가까운 황백색이며, 노란점이 없다. 물갈퀴가 발달되어 있고, 주둥이가 돌출되며, 코는 관모양을 하고 있다.

- 아마존노란점거북(Yellow-spotted Amazon River Turtle, *Podocnemis unifilis*)

체색은 검정색이며, 등갑은 갈색 또는 검정색이다. 등갑의 두 번째와 세 번째

째 갑판은 낮은 용골이 있다. 두부에는 노란색 점을 가지고 있으나, 성장하면서 점점 사라지며, 체색도 점점 짙어진다.

- 붉은귀거북속 하악의 아래쪽은 둥글고 위쪽으로 갈수록 좁아지며, 상악에는 결절성 돌기가 없고 움푹 들어간 ‘V’자 모양(notch)을 하고 있다(Appendix 2D). 늑거북속 붉은배거북류의 상악 중앙에는 양쪽으로 깊은 ‘V’자 모양의 오목한 경계가 있으며, 하악은 톱니모양으로 중앙의 끝이 뾰족하게 솟아있다(Appendix 2E). 그 외 쿠터류들은 둥글고 매끄러운 턱선을 하고 있다(Appendix 2F).

3. 서식지 특성 분석

외래거북의 서식지 유형은 구(2018)의 습지생태학에 제시된 한국형 습지 분류 체계와 system 수준의 유형별 습지 구분을 기준으로 내륙습지를 연못, 저수지, 하천, 웅덩이, 오름분화구 습지로 구분하였다. 외래거북이 확인된 지점의 고도와 면적은 Google map을 활용하여 측정하였다. 서식지 주변환경은 조사지점에서 관찰된 도로, 농경지, 인가, 사찰, 숲을 기준으로 구분하였으며, 도로의 기준은 차량 통행이 원활한 왕복 2차선 도로를 기준으로 하였고, Google earth에 제시된 정보와 조사 시 주변에서 관찰된 환경을 기록하여 비교한 후 표기하였다. 관찰된 외래거북의 개체수와 서식지의 고도 및 면적과의 상관관계를 비교하기 위하여 SPSS Statistics 25 (IBM, USA) 프로그램을 이용하여 선형회귀분석(Linear regression model)을 수행하였다. 서식지의 고도, 면적을 독립변수로, 개체수를 종속변수로 설정하여 분석하였으며, 유의적인 차이는 95% 신뢰수준에서 판독하였다. 습지식물상 조사는 조사지역 습지 내 습지식물군집 전반을 조사 범위로 하였다. 외래거북 조사 시 모든 출현종을 기록하였고, 현장에서 동정이 어려운 식물은 채집하여 실험실로 옮겨 분류하고 표본으로 제작하였다. 조사된 식물은 이(1996)와 이(2003)를 참고로 동정 및 분류하였다. 학명 및 분류체계는 국가생물종목록, 국가식물표준목록의 학명과 국명을 기초로 작성한 동북아생물다양성연구소(2020) 한반도관속식물목록을 참고하였다.

4. 종다양도 분석

거북류가 관찰된 각 지점 및 행정구역별 종다양도(Species diversity) 지수는 Shannon and Weaver (1949)에 의한 H' (Index of Shannon diversity)을 아래와 같은 공식을 이용하여 분석하였다(Pielou, 1966).

$$H' = -\sum(n_i/N)\ln(n_i/N) \quad (n_i : i \text{ 지역의 한 종의 개체수}, N : i \text{ 지역의 총 개체수})$$

5. 시료 수집 및 Genomic DNA 추출

DNA 분석을 위한 시료 수집을 위하여 통발과 뜰채를 이용하여 거북류를 포획하였다. 포획된 개체의 꼬리 조직과 제주대학교 동물학실험실에 보관중인 거북류의 조직과 혈액 시료, 사육중인 페닌슬라쿠터를 제공받아 DNA 분석에 이용하였다. 수집한 시료에서 DNeasy Blood & Tissue Kit (Qiagen, Germany)를 이용하여 genomic DNA를 추출하였다. 분석 시료에 ATL buffer 180 μ l와 Proteinase K 20 μ l를 혼합한 후, 56°C incubator 상에서 조직을 완전히 녹였다. AL buffer 200 μ l를 첨가하고 10분 동안 반응시킨 후, 100% ethanol 200 μ l를 첨가하여 DNA mini-column으로 옮겨 담고 원심분리를 하였다. AW1 buffer 500 μ l와 AW2 buffer 500 μ l를 첨가하는 과정을 각각 수행한 후, AE buffer 200 μ l를 첨가하여 최종 DNA를 회수하였다. 추출된 DNA는 4°C에서 보관하거나, 중합효소연쇄반응 (Polymerase chain reaction, PCR)의 주형으로 이용하였다.

6. mtDNA *CYTb*, *COI* 유전자의 중합효소연쇄반응

수집된 시료의 mtDNA *CYTb*, *COI* 유전자 서열을 PCR 증폭하기 위하여 프라이머를 제작하였다. National Center for Biotechnology Information (NCBI, <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucleotide/>)의 database 상에 보고된 mtDNA 서열(NCBI

accession no. KC333650, *M. sinensis*; KJ700438, *M. reevesii*; KM216748, *T. s. elegans*; NC023890, *C. picta*; NC031300, *Malaclemys terrapin terrapin*)을 비교하여 직접 고안하였다. 프라이머 서열은 Table 1에 제시하였다. *CYTB*, *COI* 유전자 서열에 대한 PCR 반응은 Maxime i-Star Taq PCR PreMix Kit (iNtron Biotechnology, South Korea)에 genomic DNA 1 μ l, 10 pmole primer Forward와 Reverse 각각 1 μ l, 멸균 증류수를 첨가하여 최종 20 μ l로 반응하였다. PCR 증폭은 MiniAmp Plus Thermal cycler (ThermoFisher Scientific, USA)를 이용하였다. *CYTB* 유전자 서열을 증폭하기 위한 반응은 95°C에서 3분간 초기변성(initial denaturing) 후, 94°C 1분 변성(denaturing), 55°C 1분 결합(annealing), 72°C 1분 신장(extension)을 1회로 구성하여 35회 반복 수행하였으며, 72°C에서 5분간 최종 신장(final extension)하였다. *COI* 유전자 서열을 증폭하기 위한 반응은 95°C에서 3분간 초기변성 후, 95°C 1분 변성, 50°C 1분 결합, 72°C 1분 신장을 1회로 구성하여 35회 반복 수행하였으며, 72°C에서 5분간 최종 신장하였다. PCR 증폭산물을 확인하기 위하여 0.5 \times TBE buffer에 Safe Shine Green DNA solution (Biosesang, South Korea)이 첨가된 1% agarose gel 상에서 100 V, 20분 동안 전기영동(electrophoresis) 한 후, UV image analyzer를 이용하여 결과를 확인하였다.

Table 1. PCR primers for the *CYTb* and *COI* genes in the alien turtles used in this study

Species	Gene	Primer Name	Sequences (5'→3')	PCR product length (bp)
<i>Trachemys</i>	<i>CYTb</i>	T_CYTb_F	CCGAGACCTGTGGTTTGAAAAACC	1,248
		T_CYTb_R	GTCTTTGGTTTACAAGACCAATGC	
	<i>COI</i>	T_COI_F	CACTACGGGGTTTGATAAGAAGAGG	1,689
		T_COI_R	GAAACATAAAGGTTATGTGATTGGC	
<i>Pseudemys</i>	<i>CYTb</i>	P_CYTb_F	CCGAGACCTGTGGTTTGAAAAACC	1,250
		P_CYTb_R	GTCTTCAGTCTTTGGTTTACAAGAC	
	<i>COI</i>	P_COI_F	CGGRGTTTGATAAGAAGAGGAATYA	1,668
		P_COI_R	GGYTATGTRATTGGCTTGAAACTA	
<i>Mauremys</i>	<i>CYTb</i>	M_CYTb_F	CCACCGTTGTATTCAACTAC	1,281
		M_CYTb_R	CCGGGGATGAAGGTTTGGAGCC	
	<i>COI</i>	M_COI_F	CAGCCCAACGCTTAAACATTTCAGCC	1,617
		M_COI_R	TTGGCTTGAAACTAGTTTAAGGGGG	

7. DNA 서열 결정 및 유전적 다양성 분석

증폭한 PCR 산물은 QIAex II Gel Extraction Kit (Qiagen, Germany)를 이용하여 정제하였고, BigDye® Terminator v3.1 cycle sequencing Kit (PE-Applied Biosystems, USA)로 반응한 후, ABI 3730lx DNA Analyzer (ABI, USA)를 이용하여 염기서열을 결정하였다. 결정된 서열은 Bioedit ver. 7.2 program (Hall, 2013)을 이용하여 염기서열을 확인하였으며, NCBI의 Basic Local Alignment Search Tool (BLAST, <https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>) 검색을 통해 기존에 보고된 서열과의 일치도를 비교하였다. 결정된 *CYTB*, *COI* 유전자 서열과 NCBI database 상에서 수집한 서열들은 CLUSTAL W program (Larkin *et al.*, 2007)을 이용하여 다중정렬하였다. DnaSP v6 program (Rozas *et al.*, 2017)을 이용하여 염기서열의 haplotype을 결정하였고, haplotype의 다양성(haplotype diversity, Hd), 염기서열의 다양성(nucleotide diversity, π), 염기서열 차이의 평균수(nucleotide difference, k)를 확인하였다.

8. 계통 유연관계 분석

서열들 간의 계통 유연관계를 분석하기 위하여 MEGA-X 프로그램(Kumar *et al.*, 2018)을 이용하였다. 유전적 거리지수는 Best model test를 이용하여 선정된 TN93 (Tamura and Nei, 1993)을 기준으로 변이 지점에 대한 G (gamma)분포를 적용하였다. 계통수 작성은 산출된 거리지수에 대해 1,000회 bootstrap 하였으며, Maximum-likelihood tree를 작성하였다. 각각의 종들에 대한 계통수 작성 시, *Trachemys*, *Pseudemys*, *Mauremys*의 국내 및 해외에서 보고된 서열을 추가하여 분석하였으며, *Chrysemys picta*의 서열을 outgroup으로 이용하였다.

Ⅲ. 결과

1. 외래거북의 서식 현황

제주도에 위치한 367곳의 연못과 저수지 등 습지를 대상으로 외래거북의 서식을 모니터링한 결과, 늪거북과의 동부비단거북, 리버쿠터, 페닌술라쿠터, 플로리다붉은배거북, 북부붉은배거북, 붉은귀거북, 노란배거북, 콤버랜드, 남생이과의 중국줄무늬목거북, 자라과(Trionychidae)의 중국자라, 견목거북과(Podocnemididae)의 아마존노란점거북 등 총 4과 6속 11종의 외래거북이 확인되었다(Fig. 1 and 2).

서식이 확인된 지점은 46개 지점(J01-J46)이며, 총 258개체의 외래거북이 관찰되었다(Table 2, Fig. 3, 4 and 5). 붉은귀거북은 182개체(70.54%)가 확인되었고, 리버쿠터는 26개체(10.07%), 중국줄무늬목거북과 북부붉은배거북은 각각 12개체(4.65%)가 관찰되었다. 그 외 노란배거북은 9개체(3.48%), 플로리다붉은배거북과 페닌술라쿠터 각각 5개체(1.94%)가 관찰되었으며, 콤버랜드 2개체(0.78%), 중국자라 2개체(0.78%), 아마존노란점거북 2개체(0.78%), 동부비단거북 1개체(0.39%)가 관찰되었다(Fig. 6). 관찰된 붉은귀거북의 성체는 134개체, 유체는 48개체였다. 붉은귀거북의 서식지 41개 지점 중에서 성체만 관찰된 지점은 19개 지점이었으며, 성체와 유체가 함께 관찰된 지점은 21개 지점, 유체만 관찰된 지점은 1개 지점으로 확인되었다.



Fig. 1. Alien turtles observed in this study. A, *T. s. elegans* (adult); B, *T. s. elegans* (juvenile); C, *T. s. scripta*; D, *T. s. troostii*; E, *P. concinna*; F, *P. nelsoni*; G, *P. peninsularis*; H, *P. rubriventris*.



Fig. 2. Alien turtles observed in this study. A, *C. p. picta*; B, *M. sinensis*; C, *P. unifilis*; D, *P. sinensis*; E and F, several species of alien turtles in pond; G, dead red-eared turtle; H, red-eared turtle bones found near the pond.

Table 2. Sites and individual numbers of alien turtles found in this study

Site no.	Location	Coordinate	No. of individuals found											Total		
			TE	TS	TT	PC	PN	PP	PR	CP	MS	PS	PU			
J01	Doeckcheon-ri, Gujwa-eup, Jeju-si	33°30'16.56"N 126°46'19.29"E	10 ⁽⁶⁾													10
J02	Doeckcheon-ri, Gujwa-eup, Jeju-si	33°28'56.97"N 126°44'44.53"E	1													1
J03	Jongdal-ro, Gujwa-eup, Jeju-si	33°29'22.44"N 126°54'06.89"E	12 ⁽⁶⁾													12
J04	Daehul-ri, Jocheon-eup, Jeju-si	33°29'55.36"N 126°39'17.04"E	3		1	1										5
J05	Gyora-ri, Jocheon-eup, Jeju-si	33°23'44.12"N 126°39'06.89"E	1													1
J06	Hamdeok-ri, Jocheon-eup, Jeju-si	33°31'50.04"N 126°40'12.36"E	2													2
J07	Seonheul-ri, Jocheon-eup, Jeju-si	33°30'30.91"N 126°43'02.53"E	1													1
J08	Sinchon-ri, Jocheon-eup, Jeju-si	33°31'59.54"N 126°36'51.90"E	11 ⁽²⁾		1	3	2		2		2					21
J09	Waheul-ri, Jocheon-eup, Jeju-si	33°30'20.08"N 126°38'00.23"E	7 ⁽³⁾						1						2	10
J10	Oedo-dong, Jeju-si	33°29'36.29"N 126°25'38.73"E	1	1												2
J11	Ora-dong, Jeju-si	33°28'33.97"N 126°30'56.03"E				5					2					7
J12	Samyang-dong, Jeju-si	33°31'36.14"N 126°35'53.87"E				1										1
J13	Yoen-dong, Jeju-si	33°28'06.12"N 126°29'22.13"E					2									2
J14	Yoen-dong, Jeju-si	33°28'13.07"N 126°29'17.32"E	1													1
J15	Yoen-dong, Jeju-si	33°28'06.98"N 126°29'33.62"E	4													4
J16	Yoen-dong, Jeju-si	33°28'07.07"N 126°29'33.04"E	4 ⁽²⁾						2							6
J17	Yoen-dong, Jeju-si	33°28'06.10"N 126°29'33.77"E	4 ⁽¹⁾			1					3					8
J18	Eoem-ri, Aewol-eup, Jeju-si	33°24'13.73"N 126°20'20.69"E	8 ⁽³⁾			2			2							12
J19	Gwangnyeong-ri, Aewol-eup, Jeju-si	33°27'38.99"N 126°26'23.58"E	6 ⁽²⁾			1					1					8
J20	Gwangnyeong-ri, Aewol-eup, Jeju-si	33°28'16.32"N 126°25'36.43"E	5 ⁽²⁾													5
J21	Haga-ri, Aewol-eup, Jeju-si	33°27'17.47"N 126°20'50.86"E	7 ⁽²⁾	1		3	1		8		1	2				23

TE, *T. s. elegans*; TS, *T. s. scripta*; TT, *T. s. troostii*; PC, *P. concinna*; PN, *P. nelsoni*; PP, *P. peninsularis*; PR, *P. rubriventris*; CP, *C. p. picta*; MS, *M. sinensis*; PS, *P. sinensis*, PU, *P. unifilis*.

The number in parentheses is the number of juveniles.

Table 2. Continued

Site no.	Location	Coordinate	No. of individuals found												
			TE	TS	TT	PC	PN	PP	PR	CP	MS	PS	PU	Total	
J22	Nabeup-ri, Aewol-eup, Jeju-si	33°26'21.20"N 126°19'43.55"E						1							1
J23	Susan-ri, Aewol-eup, Jeju-si	33°28'20.20"N 126°23'24.32"E	5 ⁽²⁾												5
J24	Geumak-ri, Hallim-eup, Jeju-si	33°21'28.91"N 126°17'46.24"E	1												1
J25	Wollim-ri, Hallim-eup, Jeju-si	33°21'01.56"N 126°15'20.69"E		1		2									3
J26	Cheongsu-ri, Hangeong-myeon, Jeju-si	33°17'38.96"N 126°13'59.74"E	6 ⁽²⁾												6
J27	Cheongsu-ri, Hangeong-myeon, Jeju-si	33°18'59.95"N 126°15'44.96"E	(1)												1
J28	Cheongsu-ri, Hangeong-myeon, Jeju-si	33°18'19.83"N 126°14'38.65"E	3 ⁽¹⁾												3
J29	Dumo-ri, Hangeong-myeon, Jeju-si	33°21'11.52"N 126°11'08.88"E	2												2
J30	Nakcheon-ri, Hangeong-myeon, Jeju-si	33°19'18.15"N 126°13'44.73"E	1												1
J31	Nakcheon-ri, Hangeong-myeon, Jeju-si	33°19'14.51"N 126°13'27.29"E	2												2
J32	Yongsu-ri, Hangeong-myeon, Jeju-si	33°19'08.80"N 126°11'14.17"E	6 ⁽¹⁾												6
J33	Boseong-ri, Daejeong-eup, Seogwipo-si	33°15'17.54"N 126°16'17.50"E	8 ⁽⁴⁾			1				2					11
J34	Inseong-ri, Daejeong-eup, Seogwipo-si	33°14'48.16"N 126°16'34.90"E	8 ⁽²⁾					1		1					10
J35	Mureung-ri, Daejeong-eup, Seogwipo-si	33°16'40.96"N 126°12'35.49"E	6												6
J36	Mureung-ri, Daejeong-eup, Seogwipo-si	33°17'21.92"N 126°14'53.31"E	3 ⁽¹⁾			3									6
J37	Sangmo-ri, Daejeong-eup, Seogwipo-si	33°13'49.08"N 126°16'40.52"E	7 ⁽¹⁾												7
J38	Sindo-ri, Daejeong-eup, Seogwipo-si	33°17'06.36"N 126°11'46.63"E	1												1
J39	Sinpyeong-ri, Daejeong-eup, Seogwipo-si	33°16'01.26"N 126°15'27.26"E	2												2
J40	Seohong-dong, Seogwipo-si	33°14'42.46"N 126°33'14.85"E	4	2				1							7
J41	Seohong-dong, Seogwipo-si	33°14'40.59"N 126°33'20.63"E	2												2
J42	Seohong-dong, Seogwipo-si	33°14'41.82"N 126°33'34.01"E	9 ⁽²⁾	2		1			1						13
J43	Namwon-ri, Namwon-eup, Seogwipo-si	33°16'50.91"N 126°42'31.30"E	4 ⁽¹⁾	1		1									6
J44	Onpyeong-ri, Seongsan-eup, Seogwipo-si	33°24'54.55"N 126°53'37.42"E	10 ⁽⁶⁾												10
J45	Onpyeong-ri, Seongsan-eup, Seogwipo-si	33°24'53.81"N 126°53'44.92"E	2												2
J46	Samdal-ri, Seongsan-eup, Seogwipo-si	33°22'36.35"N 126°50'36.69"E	1	1											2
Total number of individuals			82 ⁽⁴⁸⁾	9	2	26	5	5	12	1	12	2	2	2	258
Total number of site			41	7	2	13	4	4	3	1	7	1	1		

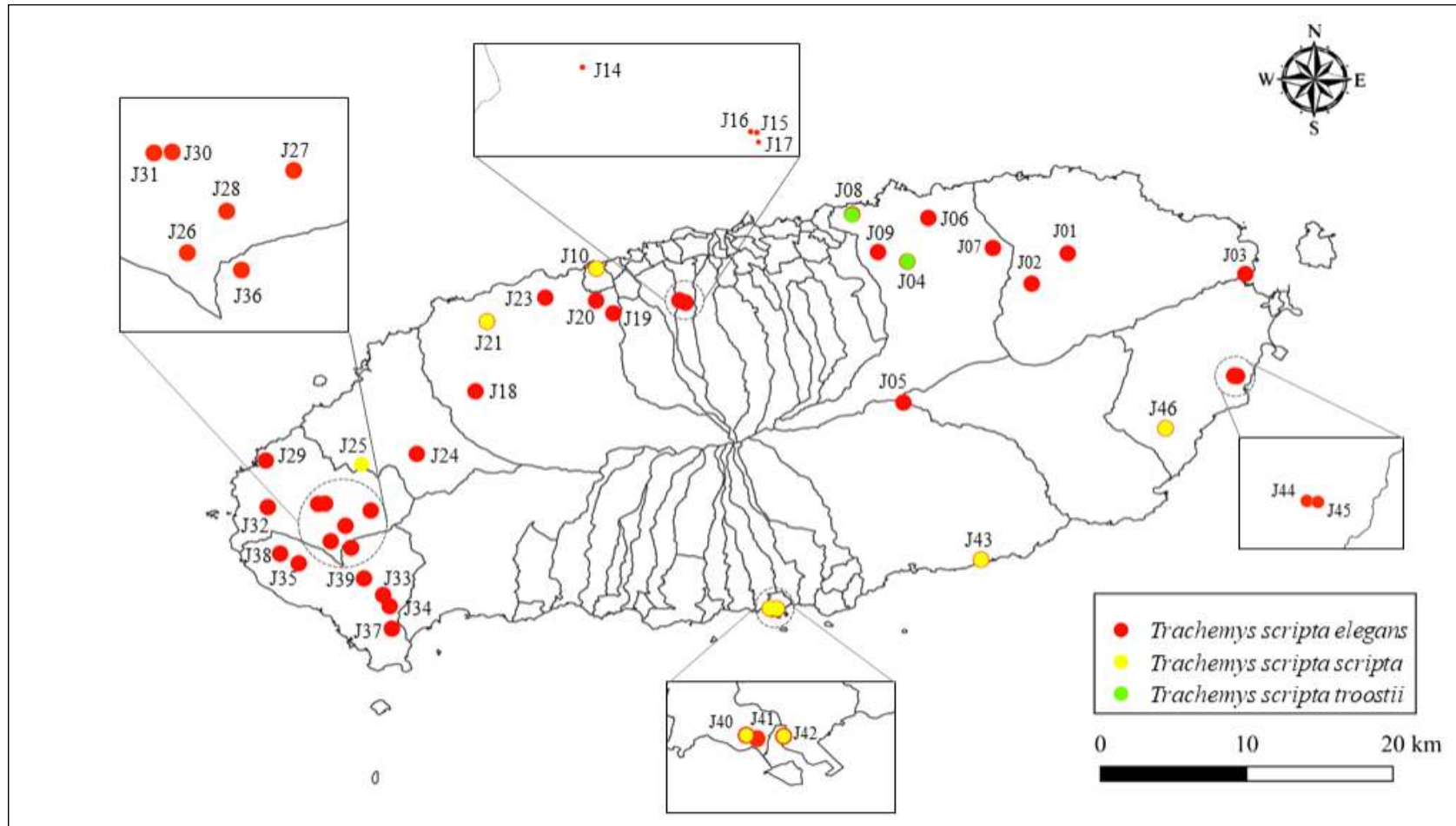


Fig. 3. Distribution sites of Genus *Trachemys* in Jeju Island. Observation sites information for each species was described in Table 2.

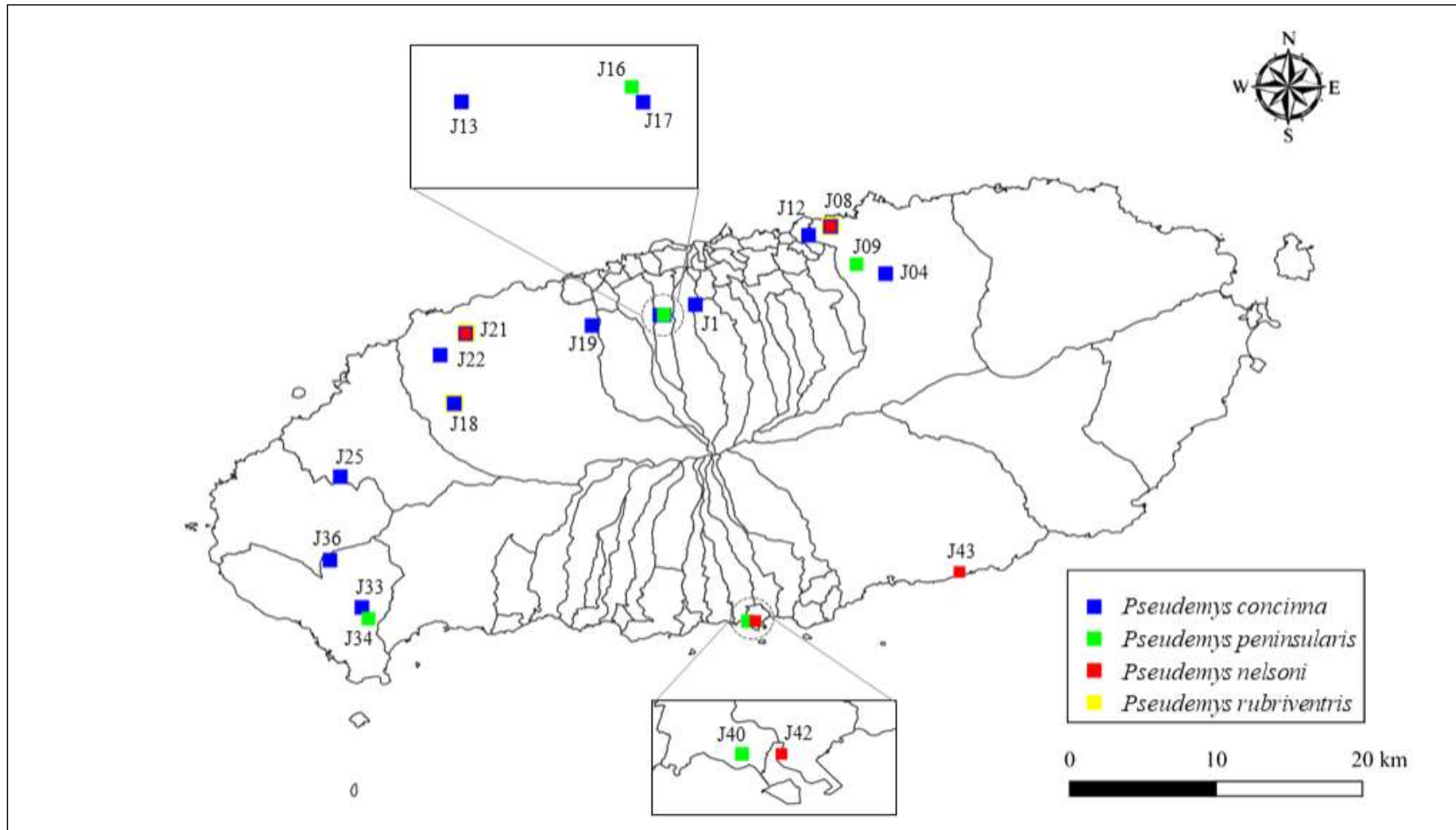


Fig. 4. Distribution sites of Genus *Pseudemys* in Jeju Island. Observation sites information for each species was described in Table 2.

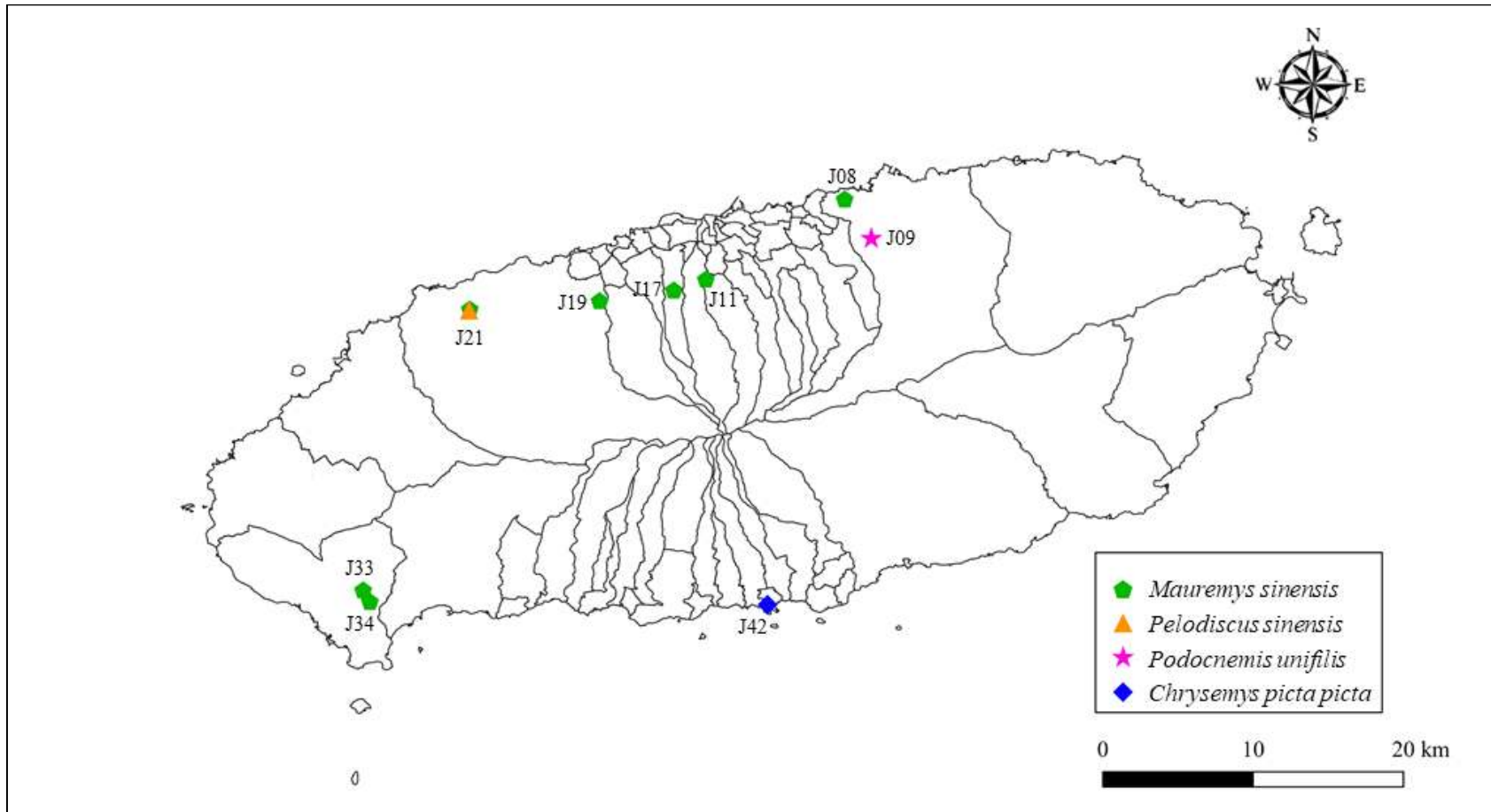


Fig. 5. Distribution sites of other Genera in Jeju Island. Observation sites information for each species was described in Table 2.

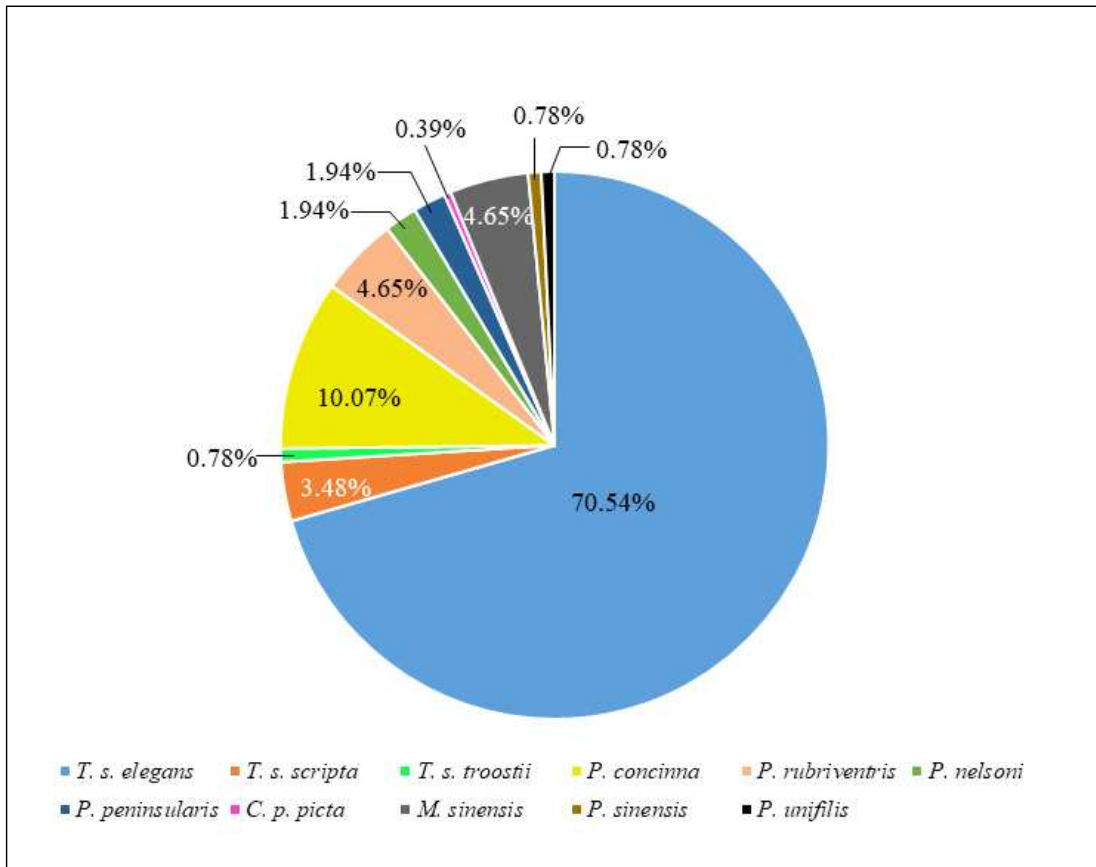


Fig. 6. Percentage of the alien turtles found in this study. The number of individuals for each species was described in Table 2.

제주도에서 지역별로 관찰된 서식지와 개체수는 Table 3과 같다. 외래거북이 관찰된 46개 지점 중 서귀포시 지역은 14개 지점, 제주시 지역은 32개 지점이었다. 제주시 지역에서는 제주시 동지역(n=8), 구좌읍(n=3), 조천읍(n=6), 한림읍(n=2), 애월읍(n=6), 한경면(n=7)에서 확인되었고, 서귀포시 지역에서는 서귀포시 동지역(n=3), 대정읍(n=7), 남원읍(n=1), 성산읍(n=3)에서 확인되었다. 지역별 개체수는 제주시 동부지역의 조천읍 40개체, 구좌읍 23개체로 총 63개체가 확인되었고, 제주시내 동지역에서는 31개체, 제주시 애월읍 54개체, 한림읍 4개체, 한경면 21개체로 제주시 서부지역에서는 총 79개체가 관찰되어 제주시 지역에서 총 173개체가 확인되었다. 서귀포시 동부지역에서는 남원읍 6개체, 성산읍 14개체가 관찰되었고, 서귀포시 동지역에서 22개체, 서귀포시 서부지역의 대정읍에서 43개체가 관찰되어, 서귀포시 지역에는 총 85개체가 서식하는 것으로 확인되었다.

Table 3. Number of alien turtles observed in each province of Jeju Island

Province	No. of site	No. of individuals	Mean±SD	Range
Jeju-si	8	31	3.87±0.99	1-7
Gujwa-eup	3	23	7.66±3.38	1-12
Jocheon-eup	6	40	6.66±3.19	1-21
Hallim-eup	2	4	2.00±1.00	1-3
Aewol-eup	6	54	9.00±3.17	1-23
Hangyeong-myeon	7	21	3.00±0.81	1-6
Seogwipo-si	3	22	7.33±3.17	2-13
Daejeong-eup	7	43	6.14±1.4	1-11
Namwon-eup	1	6	6.00±0.00	6
Seongsan-eup	3	14	4.66±2.66	2-10
Total	46	258	5.63±0.70	1-23

지역별로 종다양도(H')를 분석한 결과, 제주시 조천읍(1.37)이 가장 높았고, 그 다음 제주시 동지역(1.30), 애월읍(1.29)의 순으로 나타났으며, 서귀포시 지역에서는 서귀포시 동지역(0.99)이 높았다(Table 4). 구좌읍과 한경면에서는 붉은귀거북 1종만 관찰되었고, 성산읍 2종, 한림읍과 남원읍 각각 3종, 대정읍 4종, 제주시 동지역 5종, 서귀포시 동지역 5종, 애월읍 7종, 조천읍에서 8종이 관찰되었다(Fig. 7). 애월읍 하가리 연화못(J21)에서는 7종, 23개체가 관찰되었고, 조천읍 신촌리 남생이못(J08)에서는 6종 21개체, 서귀포시 서홍동 천지연폭포(J41)에서는 4종 13개체가 관찰되었다. 특히 연화못에서는 붉은귀거북($n=7$)과 북부붉은배거북($n=8$)이 다수 발견되었으며, 남생이못과 천지연폭포에서는 붉은귀거북이 다수 확인되었다. 11종의 외래거북이 관찰된 지점에서 종별 출현 양상을 살펴보면, 붉은귀거북 41개 지점, 노란배거북은 7개 지점, 리버쿠터 13개 지점, 중국줄무늬목거북 7개 지점, 플로리다붉은배거북, 페닌슐라쿠터 각각 4개 지점, 북부붉은배거북 3개 지점, 콤버랜드 2개 지점, 비단거북, 중국자라, 아마존노란점거북 각각 1개 지점에서 확인되었다(Table 2). 동일 속에서 아종을 포함하여 2종 이상이 함께 서식하는 지점은 붉은귀거북속의 경우, 남생이못, 조천읍 대흘리 대흘못, 제주시 외도동 마이못(J10), 연화못, 서귀포시 서홍동 칠십리공원(J40), 천지연폭포, 남원읍 남원리 광지못(J43), 성산읍 삼달리 미와미못(J46) 등 7개 지점이었으며, 늪거북속은 남생이못, 애월읍 어음리 돛배물(J18), 연화못 등 3개 지점에서 확인되었다.

Table 4. Species diversity of alien turtles in each province of Jeju Island

Species diversity	JD	JC	GJ	AW	HL	HG	DJ	SD	NW	SS	Total
H'	1.30	1.37	0.00	1.29	1.04	0.00	0.66	0.99	0.87	0.26	1.99

JD, Jeju-si dong area; JC, Jocheon-eup; GJ, Gujwa-eup; AW, Aewol-eup; HL, Hallim-eup; HG, Hangeong-myeon; DJ, Daejeong-eup; SD, Seogwipo-si dong area; NW, Namwon-eup; SS, Seongsan-eup.

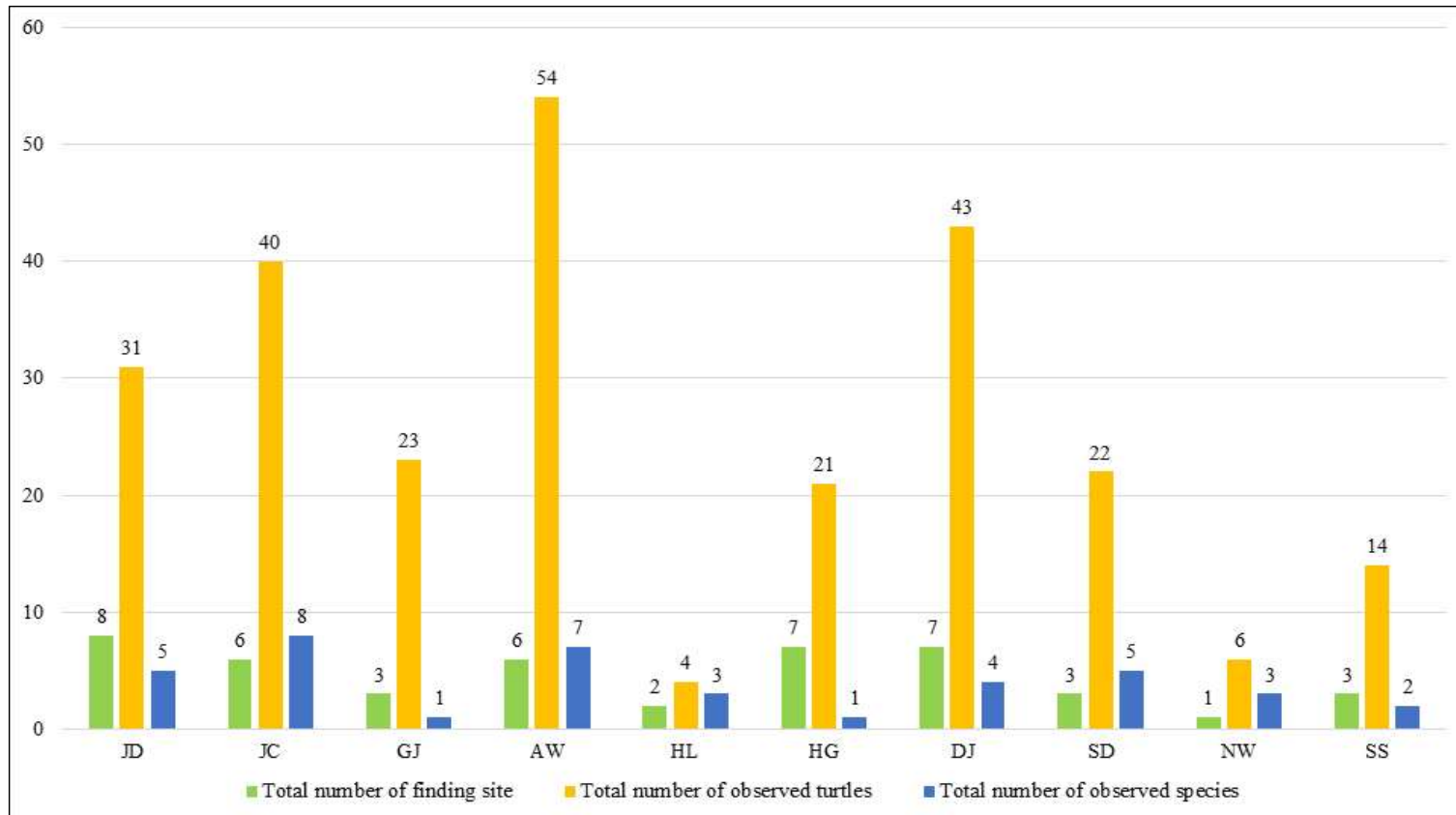


Fig. 7. The number and sites of alien turtles observed in each province. The total number of individuals is based on all alien turtles found at each site, regardless of species. JD, Jeju-si dong area; JC, Jocheon-eup; GJ, Gujwa-eup; AW, Aewol-eup; HL, Hallim-eup; HG, Hangyeong-myeon; DJ, Daejeong-eup; SD, Seogwipo-si dong area; NW, Namwon-eup; SS, Seongsan-eup.

2. 외래거북의 서식지점 비교

현재까지 제주도에서 확인된 외래거북 중 서식지가 확인된 종은 붉은귀거북, 노란배거북, 북부붉은배거북, 중국줄무늬목거북 등 4종이다(제주지역환경기술개발센터, 2006; 오와 홍, 2007; 국립생태원, 2015; 환경부, 2015; Koo *et al.*, 2020b). 제주지역 외래거북류의 서식 변화를 확인하기 위하여 기존에 서식지가 알려진 4종(붉은귀거북, 노란배거북, 붉은배거북, 중국줄무늬목거북)을 대상으로 서식지점의 변화를 비교하였다.

1) 붉은귀거북의 서식지점 비교

연구를 통해 붉은귀거북의 서식지로 확인된 곳은 41개 지점이며, 이전 연구(제주지역환경기술개발센터, 2006; 오와 홍, 2007; 국립생태원, 2015; 환경부, 2015)에서 알려진 서식지는 26개 지점이었다(Table 5, Fig. 8). 이 중 본 조사 결과와 문헌기록이 일치하는 곳은 19개 지점(J05, J06, J07, J08, J10, J17, J18, J19, J21, J24, J26, J29, J31, J33, J34, J36, J42, J43, J44)으로 확인되었으며, 붉은귀거북이 다수 확인된 곳은 남생이못(J08), 돛배물(J18), 애월읍 광령리 순두물(J19), 연화못(J21), 한경면 청수리 여귀못(J26), 대정읍 보성리 봉우못(J33), 대정읍 인성리 남문앞못(J34), 천지연폭포(J42), 성산읍 온평리 혼인지못(J44)이다. 남생이못은 유일하게 이전 연구들 모두에서 서식이 보고된 지점으로, 본 연구에서도 확인되었다. 본 연구를 통해 붉은귀거북의 서식이 처음으로 확인된 곳은 22개 지점(J01, J02, J03, J04, J09, J14, J15, J16, J20, J23, J27, J28, J30, J32, J35, J37, J38, J39, J40, J41, J45, J46)이었으며, 본 조사에서는 관찰되지 않았지만 문헌기록으로만 확인된 곳은 8개 지점(J12, J25, J47, J48, J49, J50, J51, J52)으로 나타났다. 제주도 붉은귀거북의 서식지는 제주지역환경기술개발센터(2006)가 8개 지점을 보고한 이후, 2007년 15개 지점(오와 홍, 2007), 2015년 15개 지점(국립생태원, 2015)과 16개 지점(환경부, 2015), 본 연구에서 41개 지점에서 확인되었다.

Table 5. Comparison of observation sites between *T. s. elegans* in this study and previous literatures

Site no.	Reference				This study	Coordinate
	JRETDC ¹ (2006)	Oh and Hong (2007)	ME ¹ (2015)	NIE ¹ (2015)		
J01	-	-	-	-	10	33°30'16.56"N 126°46'19.29"E
J02	-	-	-	-	1	33°28'56.97"N 126°44'44.53"E
J03	-	-	-	-	12	33°29'22.44"N 126°54'06.89"E
J04	-	-	-	-	3	33°29'55.36"N 126°39'17.04"E
J05	-	-	2	-	1	33°23'44.12"N 126°39'06.89"E
J06	-	-	-	n.d. ²	2	33°31'50.04"N 126°40'12.36"E
J07	-	3	-	n.d.	1	33°30'30.91"N 126°43'02.53"E
J08	n.d.	4	many	n.d.	11	33°31'59.54"N 126°36'51.90"E
J09	-	-	-	-	7	33°30'20.08"N 126°38'00.23"E
J10	-	-	5	-	1	33°29'36.29"N 126°25'38.73"E
J12	6	24	-	n.d.	n.f. ²	33°31'36.14"N 126°35'53.87"E
J14	-	-	-	-	1	33°28'13.07"N 126°29'17.32"E
J15	-	-	-	-	4	33°28'06.98"N 126°29'33.62"E
J16	-	-	-	-	4	33°28'07.07"N 126°29'33.04"E
J17	-	9	2	n.d.	4	33°28'06.10"N 126°29'33.77"E
J18	-	-	2	-	8	33°24'13.73"N 126°20'20.69"E
J19	-	1	6	-	6	33°27'38.99"N 126°26'23.58"E
J20	-	-	-	-	5	33°28'16.32"N 126°25'36.43"E
J21	-	2	-	n.d.	7	33°27'17.47"N 126°20'50.86"E
J23	-	-	-	-	5	33°28'20.20"N 126°23'24.32"E
J24	5	5	-	-	1	33°21'28.91"N 126°17'46.24"E
J25	1	3	2	-	n.f.	33°21'01.56"N 126°15'20.69"E
J26	8	15	5	n.d.	6	33°17'38.96"N 126°13'59.74"E
J27	-	-	-	-	1	33°18'59.95"N 126°15'44.96"E
J28	-	-	-	-	3	33°18'19.83"N 126°14'38.65"E

¹JRETDC, Jeju Regional Environmental Technology Development Center; ME, Ministry of Environment; NIE, National Institute of Ecology.

²n.d. is not described, and n.f. is not found in the present study.

Table 5. Continued

Site no.	Reference				This study	Coordinate
	JRETDC ¹ (2006)	Oh and Hong (2007)	ME ¹ (2015)	NIE ¹ (2015)		
J29	1	1	-	n.d.	2	33°21'11.52"N 126°11'08.88"E
J30	-	-	-	-	1	33°19'18.15"N 126°13'44.73"E
J31	1	1	many	-	2	33°19'14.51"N 126°13'27.29"E
J32	-	-	-	-	6	33°19'08.80"N 126°11'14.17"E
J33	-	3	-	n.d.	8	33°15'17.54"N 126°16'17.50"E
J34	-	-	2	n.d.	8	33°14'48.16"N 126°16'34.90"E
J35	-	-	-	-	6	33°16'40.96"N 126°12'35.49"E
J36	-	-	3	n.d.	3	33°17'21.92"N 126°14'53.31"E
J37	-	-	-	-	7	33°13'49.08"N 126°16'40.52"E
J38	-	-	-	-	1	33°17'06.36"N 126°11'46.63"E
J39	-	-	-	-	2	33°16'01.26"N 126°15'27.26"E
J40	-	-	-	-	4	33°14'42.46"N 126°33'14.85"E
J41	-	-	-	-	2	33°14'40.59"N 126°33'20.63"E
J42	-	19	6	n.d.	9	33°14'41.82"N 126°33'34.01"E
J43	-	-	3	-	4	33°16'50.91"N 126°42'31.30"E
J44	-	-	7	n.d.	10	33°24'54.55"N 126°53'37.42"E
J45	-	-	-	-	2	33°24'53.81"N 126°53'44.92"E
J46	-	-	-	-	1	33°22'36.35"N 126°50'36.69"E
J47	-	-	-	n.d.	n.f.	33°31'23.67"N 126°40'04.48"E
J48	-	1	-	-	n.f.	33°19'19.79"N 126°13'36.37"E
J49	1	-	-	n.d.	n.f.	33°19'31.23"N 126°13'39.60"E
J50	-	1	-	-	n.f.	33°19'17.19"N 126°13'26.71"E
J51	-	-	1	-	n.f.	33°15'02.86"N 126°32'22.99"E
J52	-	-	1	-	n.f.	33°16'06.36"N 126°14'19.46"E
Total number of sites	8	15	16	15	41	
Total number of individuals	>23	92	>48	>15	182	

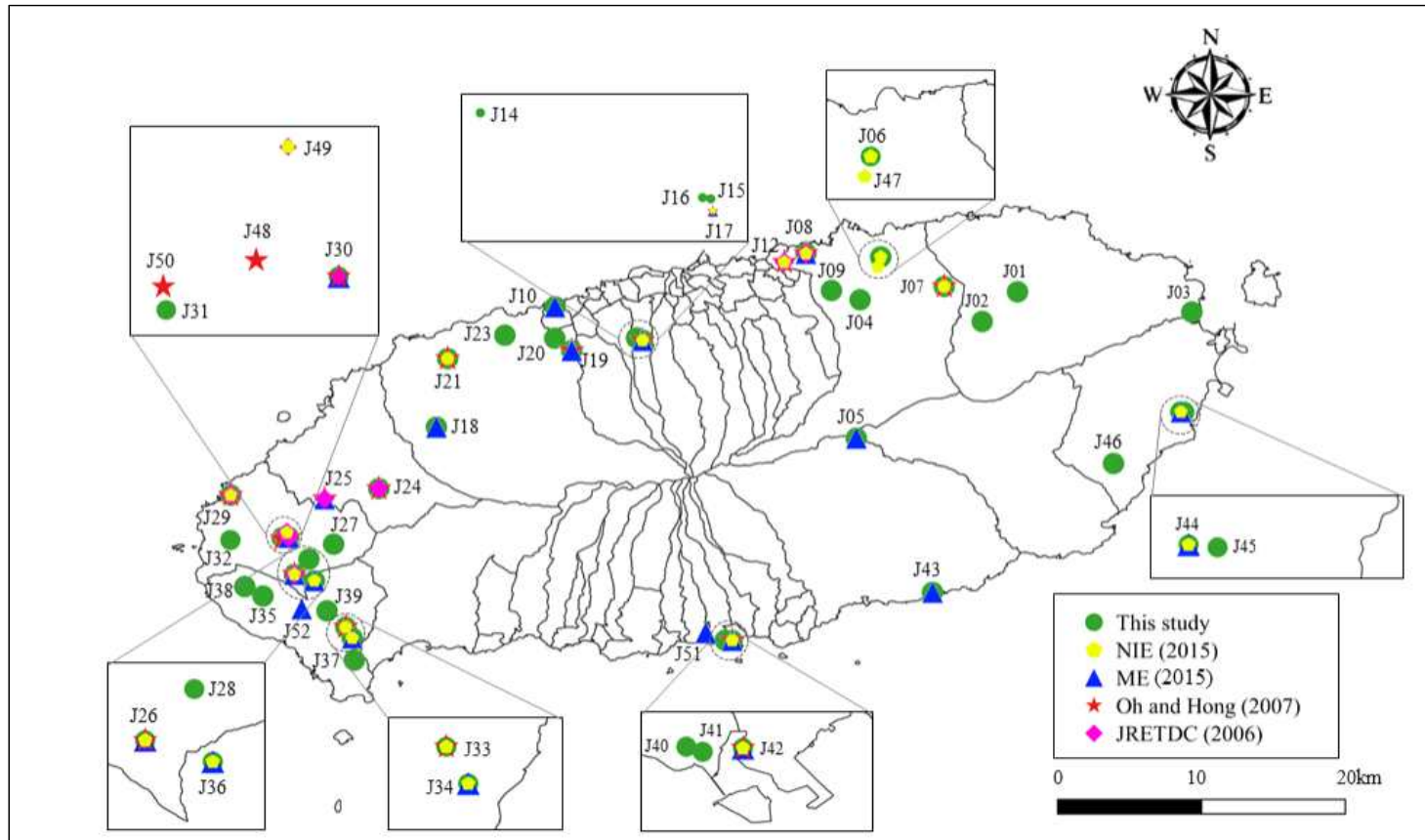


Fig. 8. Comparison of previous literatures and current study on the distribution of *T. s. elegans* in Jeju Island. JRETDC, Jeju Regional Environmental Technology Development Center; ME, Ministry of Environment; NIE, National Institute of Ecology.

2) 노란배거북의 서식지점 비교

연구를 통해 노란배거북의 서식지로 확인된 곳은 7개 지점이며, 이전 연구(환경부, 2015; 국립생태원, 2015; Koo *et al.*, 2020b)에서 알려진 서식지는 4개 지점이었다(Table 6, Fig. 9). 이 중 이전 연구에서 확인된 지점과 동일한 장소는 마이못(J10), 칠십리공원(J39)이었으며, 이를 제외한 연화못(J21), 한림읍 월림리 물거리못(J25), 천지연폭포(J42), 광지못(J43), 미와미못(J46) 등 5개 지점은 본 연구에서 처음으로 확인된 장소이다. 마이못과 혼인지못(J44)(환경부, 2015), 한림읍 금악리 병딴못(J24)과 칠십리공원(국립생태원, 2015; Koo *et al.*, 2020b)에서 노란배거북의 서식이 확인된 바 있으나, 본 연구에서는 병딴못과 혼인지못에서 노란배거북이 관찰되지 않았다.

Table 6. Comparison of observation sites between *T. s. scripta* in this study and previous literatures

Site no.	Reference				Coordinate
	ME ¹ (2015)	NIE ¹ (2015)	Koo <i>et al.</i> (2020b)	This study	
J10	n.d. ²	-	-	1	33°29'36.29"N 126°25'38.73"E
J21	-	-	-	1	33°27'17.47"N 126°20'50.86"E
J24	-	1	n.d.	n.f. ²	33°21'28.91"N 126°17'46.24"E
J25	-	-	-	1	33°21'01.56"N 126°15'20.69"E
J40	-	2	n.d.	2	33°14'42.46"N 126°33'14.85"E
J42	-	-	-	2	33°14'41.82"N 126°33'34.01"E
J43	-	-	-	1	33°16'50.91"N 126°42'31.30"E
J44	n.d.	-	-	n.f.	33°24'54.55"N 126°53'37.42"E
J46	-	-	-	1	33°22'36.35"N 126°50'36.69"E
Total number of sites	2	2	2	7	
Total number of individuals	>2	3	>2	9	

¹ME, Ministry of Environment; NIE, National Institute of Ecology.

²n.d. is not described, and n.f. is not found in the present study.

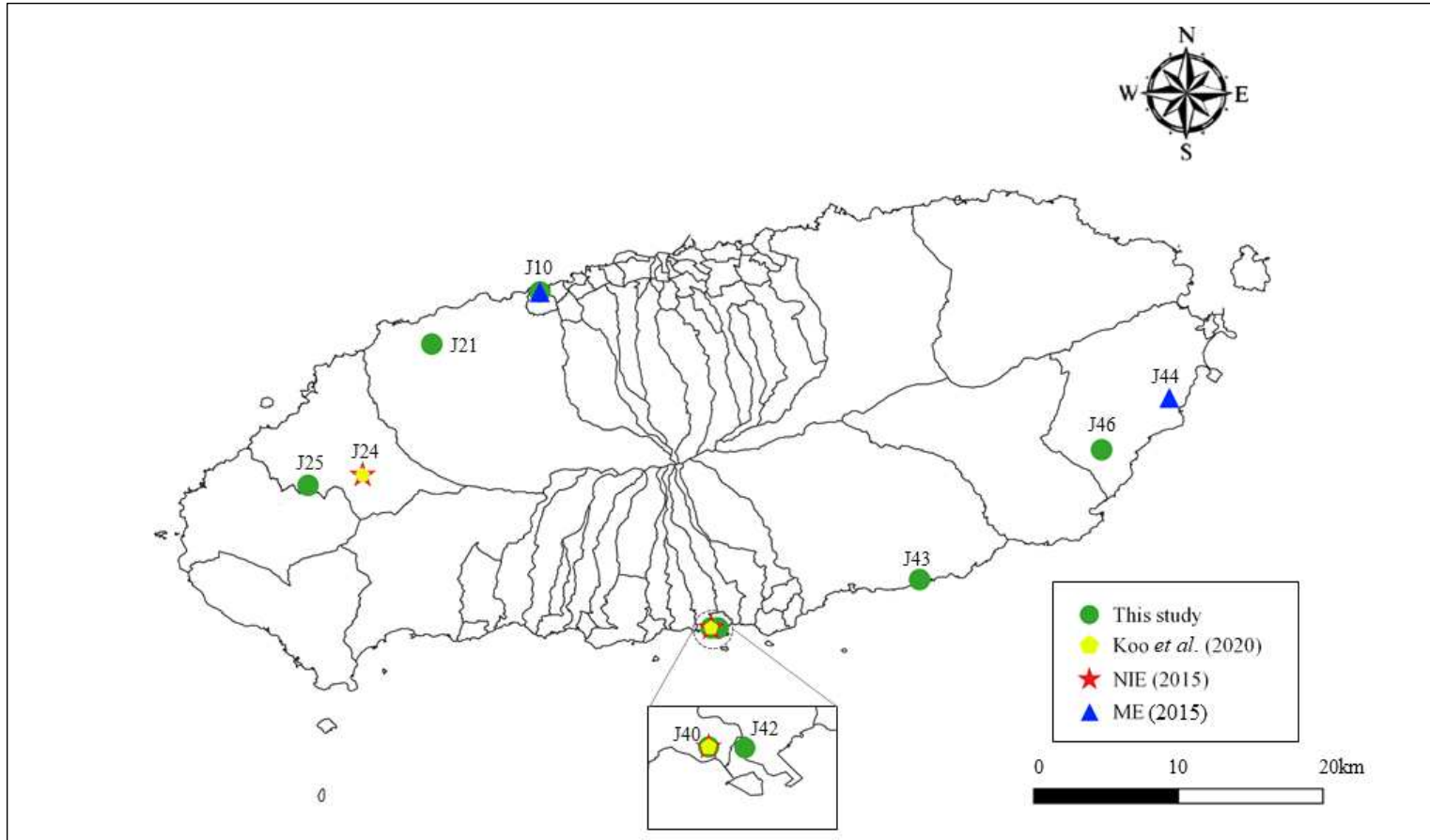


Fig. 9. Comparison of previous literatures and current study on the distribution of *T. s. scripta* in Jeju Island. ME, Ministry of Environment; NIE, National Institute of Ecology.

3) 중국줄무늬목거북의 서식지점 비교

연구를 통해 중국줄무늬목거북이 확인된 장소는 남생이못(J08), 제주시 오라동 한라도서관(J11), 제주시 연동 한라수목원(J17), 순두물(J19), 연화못(J21), 봉우못(J33), 남문앞못(J34) 등 7개 지점으로 총 12개체가 관찰되었고, 이전 연구(환경부, 2015; 국립생태원, 2015; Koo *et al.*, 2020b)에서 알려진 서식지는 2개 지점(봉우못, 불탑사연못(J53))으로 확인되었다(Table 7, Fig. 10). 봉우못에서는 이전 연구에서 1개체의 서식이 보고된 바 있으나(국립생태원, 2015), 본 연구에서는 2개체가 확인되었다. 불탑사연못에는 중국줄무늬목거북 1개체가 서식하는 것으로 보고되었으나(국립생태원, 2015), 본 연구에서는 관찰되지 않았다.

Table 7. Comparison of observation sites between *M. sinensis* in this study and previous literatures

Site no.	Reference			Coordinate
	NIE ¹ (2015)	Koo <i>et al.</i> (2020b)	This study	
J08	-	-	2	33°31'59.54"N 126°36'51.90"E
J11	-	-	2	33°28'33.97"N 126°30'56.03"E
J17	-	-	3	33°28'06.10"N 126°29'33.77"E
J19	-	-	1	33°27'38.99"N 126°26'23.58"E
J21	-	-	1	33°27'17.47"N 126°20'50.86"E
J33	1	n.d. ²	2	33°15'17.54"N 126°16'17.50"E
J34	-	-	1	33°14'48.16"N 126°16'34.90"E
J53	1	n.d.	n.f. ²	33°31'42.50"N 126°35'52.08"E
Total number of sites	2	2	7	
Total number of individuals	2	>2	12	

¹NIE, National Institute of Ecology.

²n.d. is not described, and n.f. is not found in the present study.

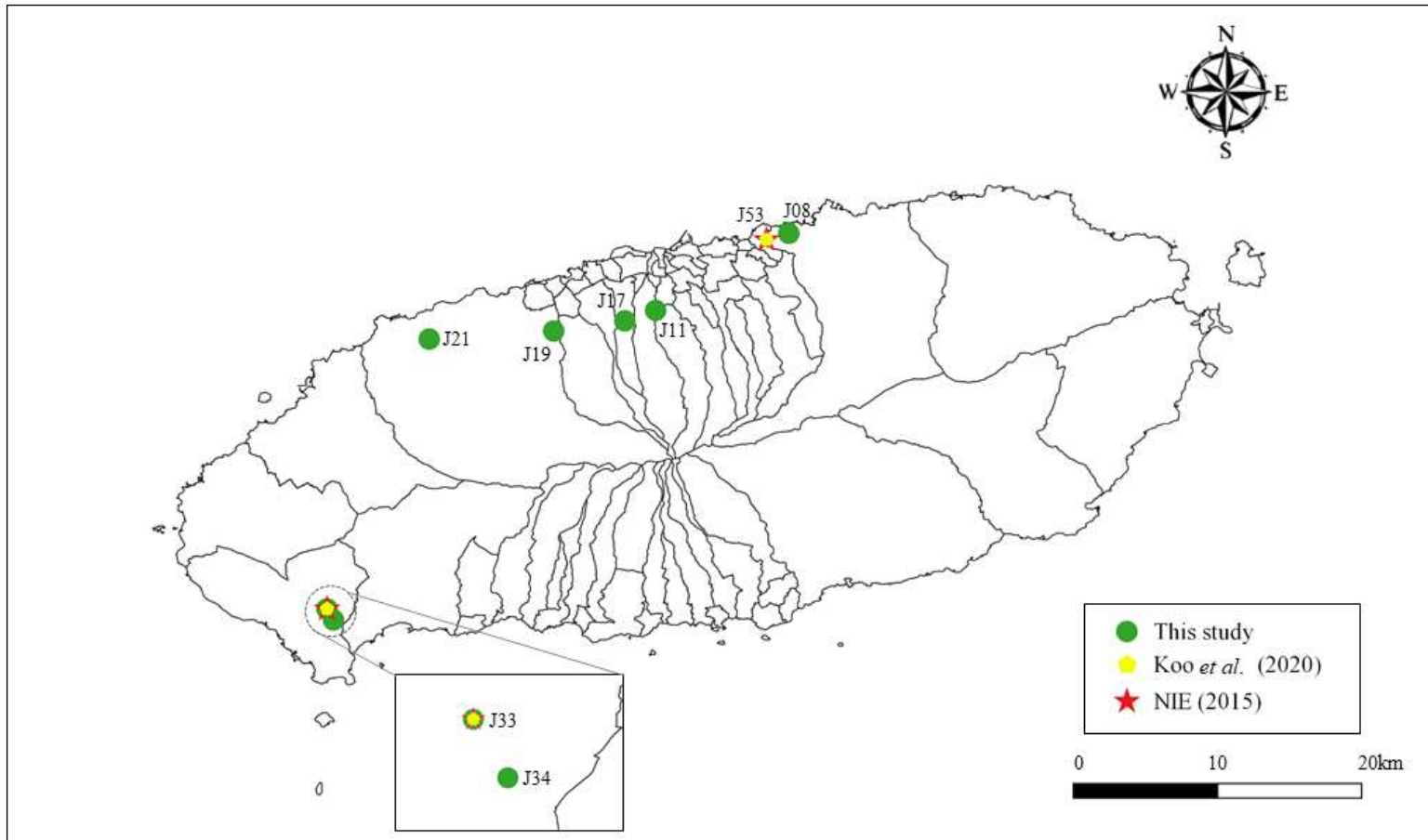


Fig. 10. Comparison of previous literatures and current study on the distribution of *M. sinensis* in Jeju Island. NIE, National Institute of Ecology.

4) 북부붉은배거북의 서식지점 비교

연구를 통해 확인된 북부붉은배거북의 서식지는 3개 지점이었으며, 이전 연구에서는 1개 지점에서 확인되었다(Table 8, Fig. 11). 남생이못(J08)은 Koo *et al.* (2020b)의 연구와 본 연구에서 공통으로 서식이 확인된 곳이며, 2개체가 확인되었다. 돛배물(J18)과 연화지(J21)는 본 연구에서만 서식이 확인된 장소이며, 돛배물에서 2개체가 관찰되었고, 연화지에서는 8개체가 관찰되어 총 11개체의 북부붉은배거북이 확인되었다.

Table 8. Comparison of observation sites between *P. rubriventris* in this study and previous literatures

Site no.	Reference		Coordinate
	Koo <i>et al.</i> (2020b)	This study	
J08	n.d.	2	33°31'59.54"N 126°36'51.90"E
J18	-	2	33°24'13.73"N 126°20'20.69"E
J21	-	8	33°27'17.47"N 126°20'50.86"E
Total number of sites	1	3	
Total number of individuals	>1	12	

n.d. is not described.

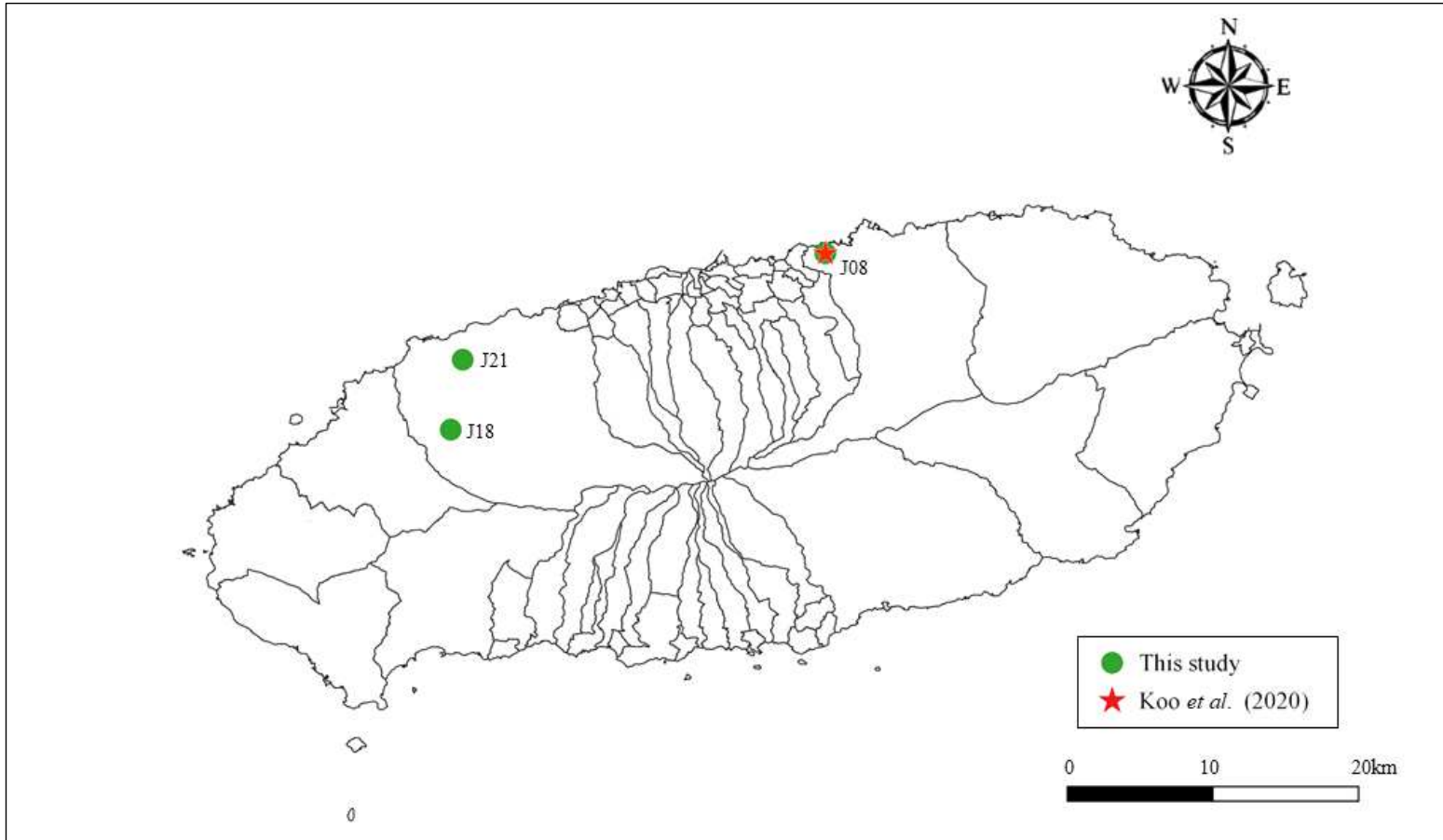


Fig. 11. Comparison of previous literatures and current study on the distribution of *P. rubriventris* in Jeju Island.

3. 외래거북의 서식지 유형

제주도 내 외래거북의 서식지는 연못(Pond), 저수지(Reservoir), 하천(Stream), 웅덩이(Puddle), 오름분화구 습지(Crater lake) 등 총 5가지 유형으로 구분되었다(Table 9). 가장 높게 나타난 서식지 유형은 35개(76.09%) 지점이 확인된 연못(Fig. 12A and 12B)이었다. 다음으로 저수지(Fig. 12D)가 8개(17.40%) 지점에서 관찰되어 두 번째로 높은 서식지 유형으로 나타났으며, 웅덩이(Fig. 12C), 하천(Fig. 12E), 오름분화구 습지(Fig. 12F)가 각각 1지점으로 확인되었다.

지역별로 제주시 동지역, 한림읍, 남원읍, 성산읍 지역에서는 연못에서만, 구좌읍, 애월읍, 대정읍은 연못과 저수지에서, 조천읍은 연못과 오름분화구 습지에서, 서귀포시 동지역은 연못과 하천에서 각각 관찰되었다. 한경면에서 발견된 서식지 중 4개 지점은 연못이었으며, 저수지는 2개 지점, 웅덩이는 1개 지점이었다.

외래거북이 관찰된 각 지점의 서식지 유형, 고도, 면적, 도로와의 거리 및 주변 환경은 Table 10에 제시하였다. 서식지 주변환경은 도로(n=11), 도로 및 인가(n=13), 도로 및 농경지(n=9), 농경지(n=3), 공원(n=3), 사찰(n=2), 숲(n=2), 농경지 및 인가(n=2), 도로 및 과수원(n=1)의 순으로 나타났다. 이 중 농경지 비율은 한경면과 대정읍 지역이 높았다. 서식지 고도는 조천읍 교래리 물чат오름습지(J05)를 제외하면 대부분 200 m 이하였다. 46개 지점의 평균 고도는 100.56 ± 16.07 m였으며, 물чат오름습지가 684 m로 가장 높았고, 구좌읍 종달리 저류지(J03)가 가장 낮은 것으로 나타났다. 서식지 고도에 따른 외래거북의 관찰 개체수는 통계적으로 유의한 차이는 없는 것으로 나타났다($p=0.193$). 외래거북이 확인된 연못의 면적은 최소 55 m^2 , 최대 $12,000 \text{ m}^2$ 범위 내에 있는 것으로 나타났으며, 제주시 애월읍 연화못이 가장 넓었다. 저수지의 면적은 최소 710 m^2 , 최대 $137,000 \text{ m}^2$ 였으며, 제주시 한경면 용수저수지가 가장 큰 것으로 나타났다. 서식지 면적에 따른 외래거북의 관찰 개체수는 통계적으로 유의하지 않았다($p=0.936$).

Table 9. Number of observed individuals of alien turtles according to habitat types in Jeju Island

Province	Habitat site				
	Pond	Reservoir	Stream	Puddle	Crater lake
Gujwa-eup	2	1			
Jocheon-eup	5				1
Jeju-si	8				
Aewol-eup	4	2			
Hallim-eup	2				
Hangyeong-myeon	4	2		1	
Daejeong-eup	4	3			
Seogwipo-si	2		1		
Namwon-eup	1				
Seongsan-eup	3				
Total	35 (76.09%)	8 (17.40%)	1 (2.17%)	1 (2.17%)	1 (2.17%)

Table 10. Habitat information of alien turtles observed in study sites

Site no.	Location	Habitat types	Altitude (m)	Area (m ²)	Surrounding condition
J01	Doeckcheon-ri, Gujwa-eup, Jeju-si	Pond	127	1,700	RD/RSA
J02	Doeckcheon-ri, Gujwa-eup, Jeju-si	Pond	235	1,810	Road
J03	Jongdal-ro, Gujwa-eup, Jeju-si	Reservoir	1	2,650	AC/RSA
J04	Daheul-ri, Jocheon-eup, Jeju-si	Pond	153	370	RD/RSA
J05	Gyora-ri, Jocheon-eup, Jeju-si	Crater lake	684	3,600	Forest
J06	Hamdeok-ri, Jocheon-eup, Jeju-si	Pond	15	1,400	Road
J07	Seonheul-ri, Jocheon-eup, Jeju-si	Pond	125	1,900	Road
J08	Sinchon-ri, Jocheon-eup, Jeju-si	Pond	21	2,820	RD/AC
J09	Waheul-ri, Jocheon-eup, Jeju-si	Pond	125	770	RD/RSA
J10	Oedo-dong, Jeju-si	Pond	3	3,000	RD/RSA
J11	Ora-dong, Jeju-si	Pond	152	150	Road
J12	Samyang-dong, Jeju-si	Pond	104	1,300	Temple
J13	Yoen-dong, Jeju-si	Pond	178	465	Temple
J14	Yoen-dong, Jeju-si	Pond	163	30	Road
J15	Yoen-dong, Jeju-si	Pond	189	200	Park
J16	Yoen-dong, Jeju-si	Pond	189	150	Park
J17	Yoen-dong, Jeju-si	Pond	195	520	Park
J18	Eocum-ri, Aewol-eup, Jeju-si	Pond	201	950	RD/AC
J19	Gwangnyeong-ri, Aewol-eup, Jeju-si	Pond	160	110	RD/RSA
J20	Gwangnyeong-ri, Aewol-eup, Jeju-si	Reservoir	76	22,500	Road
J21	Haga-ri, Aewol-eup, Jeju-si	Pond	69	12,000	Road
J22	Nabeup-ri, Aewol-eup, Jeju-si	Pond	64	1,500	RD/RSA

RD/RSA, Road and residential area; AC/RSA, Agricultural land and residential area;

RD/AC, Road and agricultural land; RSA/OCH, Residential area and orchard.

n.d. is not defined.

Table 10. Continued

Site no.	Location	Habitat types	Altitude (m)	Area (m ²)	Surrounding condition
J23	Susan-ri, Aewol-eup, Jeju-si	Reservoir	47	89,780	Road
J24	Geumak-ri, Hallim-eup, Jeju-si	Pond	211	2,260	RD/RSA
J25	Wollim-ri, Hallim-eup, Jeju-si	Pond	92	300	RD/RSA
J26	Cheongsu-ri, Hangyeong-myeon, Jeju-si	Pond	97	1,000	RD/RSA
J27	Cheongsu-ri, Hangyeong-myeon, Jeju-si	Puddle	122	80	RSA/OCH
J28	Cheongsu-ri, Hangyeong-myeon, Jeju-si	Pond	83	250	RD/AC
J29	Dumo-ri, Hangyeong-myeon, Jeju-si	Pond	10	1,050	RD/RSA
J30	Nakcheon-ri, Hangyeong-myeon, Jeju-si	Pond	66	1,250	RD/AC
J31	Nakcheon-ri, Hangyeong-myeon, Jeju-si	Reservoir	69	710	RD/AC
J32	Yongsu-ri, Hangyeong-myeon, Jeju-si	Reservoir	25	137,000	Agricultural land
J33	Boseong-ri, Daejeong-eup, Seogwipo-si	Pond	39	4,710	RD/AC
J34	Inseong-ri, Daejeong-eup, Seogwipo-si	Pond	33	1,950	RD/AC
J35	Mureung-ri, Daejeong-eup, Seogwipo-si	Reservoir	32	14,500	Agricultural land
J36	Mureung-ri, Daejeong-eup, Seogwipo-si	Pond	78	1,600	RD/AC
J37	Sangmo-ri, Daejeong-eup, Seogwipo-si	Reservoir	21	10,800	Agricultural land
J38	Sindo-ri, Daejeong-eup, Seogwipo-si	Pond	34	900	RD/AC
J39	Sinpyeong-ri, Daejeong-eup, Seogwipo-si	Reservoir	52	2,300	AC/RSA
J40	Seohong-dong, Seogwipo-si	Pond	47	700	RD/RSA
J41	Seohong-dong, Seogwipo-si	Pond	48	1,180	RD/RSA
J42	Seohong-dong, Seogwipo-si	Stream	29	n.d.	Forest
J43	Namwon-ri, Namwon-eup, Seogwipo-si	Pond	33	630	RD/RSA
J44	Onpyeng-ri, Seongsan-eup, Seogwipo-si	Pond	34	1,600	Road
J45	Onpyeng-ri, Seongsan-eup, Seogwipo-si	Pond	27	800	Road
J46	Samdal-ri, Seongsan-eup, Seogwipo-si	Pond	68	1,300	Road

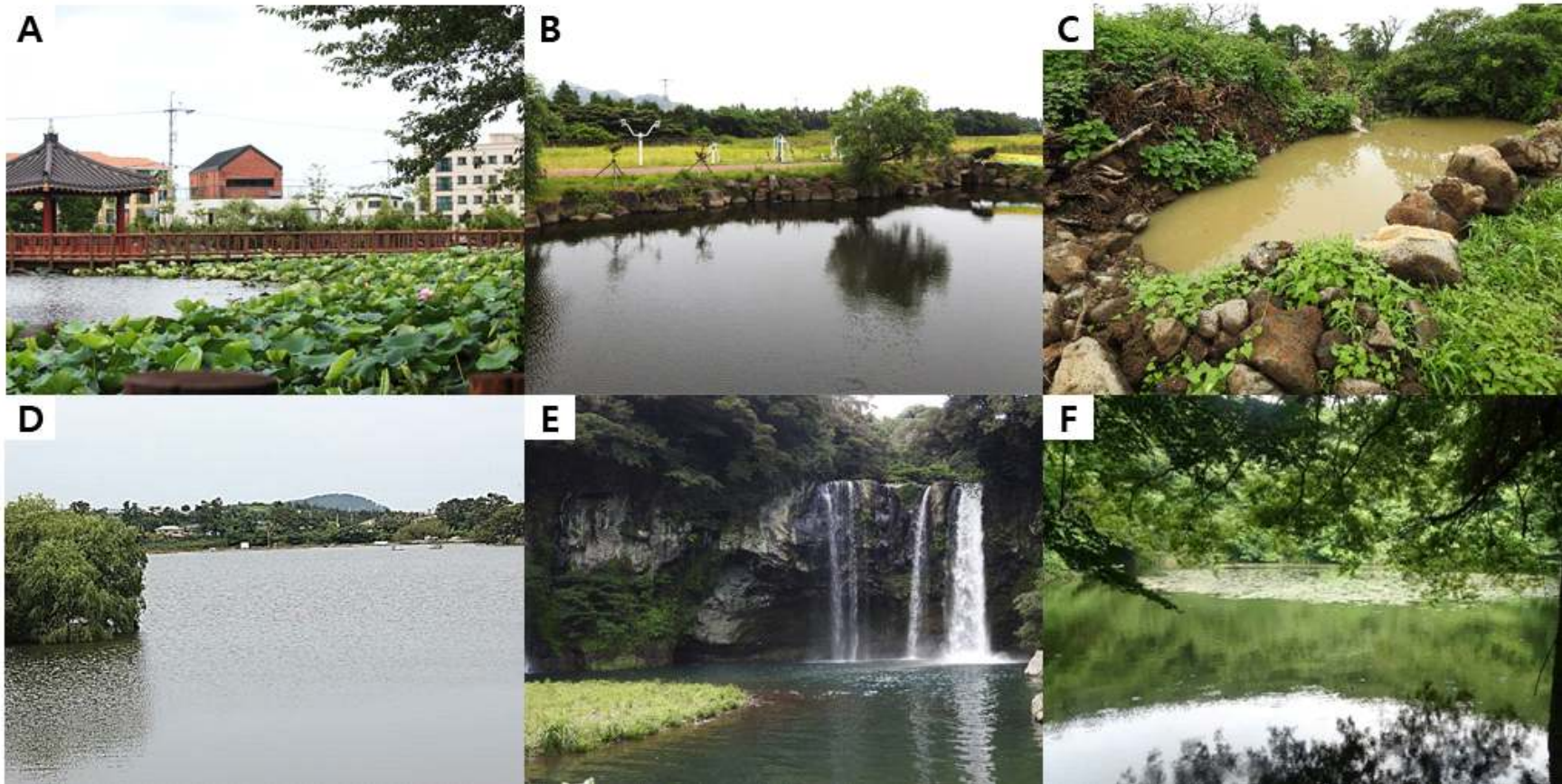


Fig. 12. Habitat types of alien turtles in this study. A, The pond adjacent to road and resident area; B, The pond with trail and sporting facilities; C, puddle; D, reservoir; E, The stream connected with Cheonjiyeon Falls; F, The crater lake in Mulchat-oreum.

외래거북의 서식지 내 수생식물은 수련(*Nymphaea tetragona* Georgi), 마름(*Trapa japonica* Flerow), 세모고랭이(*Schoenoplectus triqueter* (L.) Palla), 연(*Nelumbo nucifera* Gaertn.), 미나리(*Oenanthe javanica* (Blume) DC.), 부들(*Typha orientalis* C. Presl), 개구리밥(*Spirodela polyrhiza* (L.) Schleid.), 이삭사초(*Carex dimorpholepis* Steud.), 골풀(*Juncus effusus* L. var. *decipiens* Buchenau), 갈대(*Juncus effusus* L. var. *decipiens* Buchenau) 등 모두 24과 43종이 확인되었다(Table 11). 이 중 멸종위기 야생생물 2급인 순채가 구좌읍 덕천리 모산이못(J01)과 웃못(J02)에서 관찰되었고, 남생이못, 연화못, 한라수목원, 선림사못, 문강사못에는 연과 수련이 밀생하고 있었으며, 그 외 서식지에서는 육지와 연결된 주변부, 중앙 또는 일부 구역에 다양한 습지식물들이 드물게 자라고 있는 것이 확인되었다. 주로 서식하는 수생동물은 미꾸리(*Misgurnus anfullicaudatus*), 미꾸라지(*Misgurnus mizolepis*), 붕어(*Carassius carassius*), 금붕어(*Carassius auratus*), 잉어(*Cyprinus carpio*)로 확인되었고, 수서곤충은 소금쟁이(*Aquarius paludum paludum*), 물땡땡이(*Hyderophilus acuminatus*), 송장헤엄치게류(*Notonecta* sp.) 등이며, 모산이못에서 멸종위기 야생생물 2급인 물장군(*Lethocerus deyrolli*) 이 관찰되었다.

Table 11. List of hydrophytes observed in alien turtle habitats

No.	Family	Scientific name	Kor. name
1	Isoetaceae	<i>Isoetes japonica</i> A. Braun	물부추
2	Marsileaceae	<i>Marsilea quadrifolia</i> L.	네가래
3	Cabombaceae	<i>Brasenia schreberi</i> J. F. Gmel.	순채
4	Nymphaeaceae	<i>Nymphaea tetragona</i> Georgi	수련
5	Nelumbonac	<i>Nelumbo nucifera</i> Gaertn.	연
6	Lythraceae	<i>Lythrum anceps</i> (Koehne) Makino	부처꽃
7	Lythraceae	<i>Trapa japonica</i> Flerow	마름
8	Onagraceae	<i>Ludwigia ovalis</i> Miq.	눈여뀌바늘
9	Apocynaceae	<i>Apocynum cannabinum</i> L.	수궁초
10	Plantaginaceae	<i>Limnophila sessiliflora</i> (Vahl) Blume	구와말
11	Menyanthaceae	<i>Nymphoides indica</i> (L.) Kuntze	어리연
12		<i>Nymphoides peltata</i> (S. G. Gmel.) Kuntze	노랑어리연
13	Apiaceae	<i>Oenanthe javanica</i> (Blume) DC.	미나리
14	Ceratophyllaceae	<i>Ceratophyllum demersum</i> L.	붕어마름
15	Acoraceae	<i>Acorus calamus</i> L.	창포
16	Alismataceae	<i>Alisma canaliculatum</i> A. Braun & C. D. Bouché	택사
17		<i>Caldesia parnassifolia</i> (Bassi ex L.) Parl.	둥근일택사
18	Araceae	<i>Lemna perpusilla</i> Torr.	좁개구리밥
19		<i>Spirodela polyrhiza</i> (L.) Schleid.	개구리밥
20	Hydrocharitaceae	<i>Hydrilla verticillata</i> (L. f.) Royle	검정말
21	Potamogetonaceae	<i>Potamogeton crispus</i> L.	말즘
22		<i>Potamogeton cristatus</i> Regel & Maack	가는가래
23	Iridaceae	<i>Iris pseudacorus</i> L.	노랑꽃창포
24	Cyperaceae	<i>Carex dimorpholepis</i> Steud.	이삭사초
25		<i>Carex scabrifolia</i> Steud.	천일사초
26		<i>Eleocharis congesta</i> D. Don var. <i>japonica</i> (Miq.) T. Koyama	바늘골
27		<i>Eleocharis dulcis</i> (Burm. f.) Trin. ex Hensch.	남방개
28		<i>Eleocharis mamillata</i> H. Lindb. var. <i>cyclocarpa</i> Kitag.	물꼬챙이골
29		<i>Schoenoplectiella juncooides</i> (Roxb.) Lye	울챙이골
30		<i>Schoenoplectiella triangulata</i> (Roxb.) J. Jung & H. K. Choi	송이고랭이
31		<i>Schoenoplectus tabernaemontani</i> (C. C. Gmel.) Palla	큰고랭이
32		<i>Schoenoplectus triqueter</i> (L.) Palla	세모고랭이
33		<i>Scirpus wichurae</i> Boeckeler	방울고랭이
34	Eriocaulaceae	<i>Eriocaulon cinereum</i> R. Br. var. <i>sieboldianum</i> (Siebold & Zucc. ex Steud.) T. Koyama	곡정초
35		<i>Eriocaulon miquelianum</i> Körn.	개수염
36	Juncaceae	<i>Juncus effusus</i> L. var. <i>decipiens</i> Buchenau	골풀
37		<i>Juncus krameri</i> Franch. & Sav.	비녀골풀
38		<i>Juncus papillosus</i> Franch. & Sav.	청비녀골풀
39	Poaceae	<i>Glyceria acutiflora</i> Torr.	육절보리풀
40		<i>Isachne globosa</i> (Thunb.) Kuntze	기장대풀
41		<i>Phragmites australis</i> (Cav.) Trin. ex Steud.	갈대
42	Typhaceae	<i>Typha angustifolia</i> L.	애기부들
43		<i>Typha orientalis</i> C. Presl	부들

4. 외래거북의 유전적 종 동정

제주도에서 수집한 외래거북류에서 결정된 28개의 *CYTb* 서열들을 BLAST 한 결과, 16개 서열은 기존에 보고된 붉은귀거북의 서열과 99.91-100%의 유사도를 나타내었고, 8개 서열은 쿠터류와 99.82-100% 유사하였으며, 4개 서열은 중국줄무늬목거북과 99.73-100% 유사한 것으로 확인되었다(Table 12). 붉은귀거북과 유사도를 보인 서열들 중 7개의 *CYTb* 서열들(MW717637, MW717638, MW717642, MW717644, MW774599-MW774601)은 국내에서 보고된 붉은귀거북 서열(MW019443)과 일치하였고, 1개 서열(MW717641)은 중국에서 보고된 붉은귀거북 서열(KM217648)과 일치하였다. 리버쿠터와 유사도를 보인 서열들 중 5개의 *CYTb* 서열(MW774602, MW774605-MW774607, MZ043614)은 기존에 보고된 리버쿠터 서열(HE590306)과 일치하였고, 2개 서열(MW774603, MZ043615)은 99.91% 유사도를 나타냈으며, 나머지 1개의 서열(MW774604)은 북부붉은배거북(HE590309)과 99.82% 유사한 것으로 확인되었다. 중국줄무늬목거북과 유사도를 보인 서열들 중 2개의 *CYTb* 서열(MW774608, MW774609)은 중국에서 보고된 중국줄무늬목거북의 서열(FJ871126)과 일치하였으며, 나머지 2개 서열(MW774610, MW774611)은 각각 99.73%, 99.91% 유사한 것으로 확인되었다. 붉은귀거북과 유사도를 보인 16개의 *CYTb* 유전자 서열은 1,140-bp 중 8개 부위에서 염기치환 현상이 확인되었고, 쿠터류와 유사도를 보인 8개 서열은 1,140-bp 중 4개 부위에서, 중국줄무늬목거북과 유사도를 보인 4개 서열은 1,130-bp 중 3개 부위에서 염기치환 현상이 확인되었다.

제주도 외래거북 집단에서 결정된 26개 *COI* 서열들 중 14개 서열은 기존에 보고된 붉은귀거북의 *COI* 서열과 99.16-100% 유사한 것으로 확인되었고, 8개 서열은 기존에 보고된 쿠터류 서열들과 일치하였으며, 4개 서열은 모두 동일한 서열들로, 중국에서 보고된 중국줄무늬목거북 *COI* 서열(FJ871126, KC333650)과 일치하였다(Table 13). 붉은귀거북의 *COI* 서열과 유사도를 보인 14개 서열 중 7개의 서열(MW774622, MW774624, MW774625, MW774630, MW774631, MW774634, MW774635)은 캐나다에서 보고된 붉은귀거북 서열(FJ392294) 및 국내에서 보고된 콤버랜드 서열(MW122292)과 일치하였다. 2개 서열(MW774626, MW774627)은 국

내에서 보고된 붉은귀거북 서열(MW122291)과 일치하였고, 또 다른 2개 서열 (MW774633, MW774636)은 99.93% 유사한 것으로 확인되었으며, 나머지 3개 서열(MW774623, MW774628, MW774629)는 중국에서 보고된 붉은귀거북 서열 (KM216748)과 99.93% 유사도를 보였다. 쿠터류와 유사도를 보인 *COI* 서열들 중 7개 서열(MW774613-MW774617, MZ043616, MZ043617)의 756-bp가 *P. c. floridana*, *P. alabamensis* 두 종과 모두 일치하였으며, 나머지 1개 서열 (MW774612)은 *P. c. concinna*와 일치하였다. 붉은귀거북과 유사도를 보인 14개의 *COI* 유전자 서열은 1,296-bp 중 4개 부위에서 염기치환 현상이 확인되었고, 쿠터류와 유사도를 보인 8개 서열은 1,521-bp 중 4개 부위에서 염기치환 현상이 확인되었다.

Table 12. Similarity search results of *CYTB* sequences for alien turtles in Jeju Island

Sample no.	Specimen type	This study	High similar sequence	Identity	Identification result
JJT01	Blood	MW717633	MW019443	1139/1140 (99.91%)	<i>T. s. elegans</i>
JJT02	Blood	MW717634	KM216748	1139/1140 (99.91%)	<i>T. s. elegans</i>
JJT03	Blood	MW717635	KM216748	1139/1140 (99.91%)	<i>T. s. elegans</i>
JJT04	Blood	MW717636	KM216748	1139/1140 (99.91%)	<i>T. s. elegans</i>
JJT05	Blood	MW717637	MW019443	1140/1140 (100%)	<i>T. s. elegans</i>
JJT06	Blood	MW717638	MW019443	1140/1140 (100%)	<i>T. s. elegans</i>
JJT07	Blood	MW717639	FR717131	1139/1140 (99.91%)	<i>T. s. elegans</i>
JJT08	Tail tissue	MW717640	KM216748	1139/1140 (99.91%)	<i>T. s. elegans</i>
JJT09	Blood	MW717641	KM216748	1140/1140 (100%)	<i>T. s. elegans</i>
JJT10	Tail tissue	MW717642	MW019443	1140/1140 (100%)	<i>T. s. elegans</i>
JJT11	Tail tissue	MW717643	MW019443	1139/1140 (99.91%)	<i>T. s. elegans</i>
JJT12	Tail tissue	MW717644	MW019443	1140/1140 (100%)	<i>T. s. elegans</i>
JJT13	Blood	MW774598	FR717131	1139/1140 (99.91%)	<i>T. s. elegans</i>
JJT14	Blood	MW774599	MW019443	1140/1140 (100%)	<i>T. s. elegans</i>
JJT15	Tail tissue	MW774600	MW019443	1140/1140 (100%)	<i>T. s. elegans</i>
JJT16	Tail tissue	MW774601	MW019443	1140/1140 (100%)	<i>T. s. elegans</i>
JJT17	Tail tissue	MW774602	HE590306	1140/1140 (100%)	<i>P. concinna</i>
JJT18	Tail tissue	MW774603	HE590306	1139/1140 (99.91%)	<i>P. concinna</i>
JJT19	Tail tissue	MW774604	HE590309	1138/1140 (99.82%)	<i>P. rubriventris</i>
JJT20	Tail tissue	MW774605	HE590306	1140/1140 (100%)	<i>P. concinna</i>

Table 12. Continued

Sample no.	Specimen type	This study	High similar sequence	Identity	Identification result
JJT21	Tail tissue	MW774606	HE590306	1140/1140 (100%)	<i>P. concinna</i>
JJT22	Tail tissue	MW774607	HE590306	1140/1140 (100%)	<i>P. concinna</i>
JJT23	Tail tissue	MZ043614	HE590306	1140/1140 (100%)	<i>P. concinna</i>
JJT24	Tail tissue	MZ043615	HE590306	1139/1140 (99.91%)	<i>P. concinna</i>
JJT25	Tail tissue	MW774608	FJ871126	1130/1130 (100%)	<i>M. sisnensis</i>
JJT26	Tail tissue	MW774609	FJ871126	1130/1130 (100%)	<i>M. sisnensis</i>
JJT27	Tail tissue	MW774610	FJ871126	1127/1130 (99.73%)	<i>M. sisnensis</i>
JJT28	Tail tissue	MW774611	FJ871126	1129/1130 (99.91%)	<i>M. sisnensis</i>

Table 13. Similarity search results of *COI* sequences for alien turtles in Jeju Island.

Sample no.	Specimen type	This study	High similar sequence	Identity	Identification result
JJT01	Blood	MW774622	FJ392294	1538/1538 (100%)	<i>T. s. elegans</i>
			MW122292	1538/1538 (100%)	<i>T. s. troostii</i>
JJT02	Blood	MW774623	KM216748	1537/1538 (99.93%)	<i>T. s. elegans</i>
JJT03	Blood	MW774624	FJ392294	1538/1538 (100%)	<i>T. s. elegans</i>
			MW122292	1538/1538 (100%)	<i>T. s. troostii</i>
JJT04	Blood				Failed
JJT05	Blood	MW774625	FJ392294	1538/1538 (100%)	<i>T. s. elegans</i>
			MW122292	1538/1538 (100%)	<i>T. s. troostii</i>
JJT06	Blood	MW774626	MW122291	1538/1538 (100%)	<i>T. s. elegans</i>
JJT07	Blood	MW774627	MW122291	1538/1538 (100%)	<i>T. s. elegans</i>
JJT08	Tail tissue	MW774628	KM216748	1538/1538 (99.93%)	<i>T. s. elegans</i>
JJT09	Blood	MW774629	KM216748	1537/1538 (99.93%)	<i>T. s. elegans</i>
JJT10	Tail tissue	MW774630	FJ392294	1538/1538 (100%)	<i>T. s. elegans</i>
			MW122292	1538/1538 (100%)	<i>T. s. troostii</i>
JJT11	Tail tissue	MW774631	FJ392294	1538/1538 (100%)	<i>T. s. elegans</i>
			MW122292	1538/1538 (100%)	<i>T. s. troostii</i>
JJT12	Tail tissue				Failed
JJT13	Blood	MW774633	MW122291	1537/1538 (99.93%)	<i>T. s. elegans</i>
JJT14	Blood	MW774634	FJ392294	1538/1538 (100%)	<i>T. s. elegans</i>
			MW122292	1538/1538 (100%)	<i>T. s. troostii</i>
JJT15	Tail tissue	MW774635	FJ392294	1538/1538 (100%)	<i>T. s. elegans</i>
			MW122292	1538/1538 (100%)	<i>T. s. troostii</i>
JJT16	Tail tissue	MW774636	MW122291	1537/1538 (99.93%)	<i>T. s. elegans</i>

Table 13. Continued

Sample no.	Specimen type	This study	High similar sequence	Identity	Identification result
JJT17	Tail tissue	MW774612	KC687269	756/756 (100%)	<i>P. c. concinna</i>
JJT18	Tail tissue	MW774613	KC687252	756/756 (100%)	<i>P. alabamensis</i>
			KC687290	756/756 (100%)	<i>P. c. floridana</i>
JJT19	Tail tissue	MW774614	KC687252	756/756 (100%)	<i>P. alabamensis</i>
			KC687290	756/756 (100%)	<i>P. c. floridana</i>
JJT20	Tail tissue	MW774615	KC687252	756/756 (100%)	<i>P. alabamensis</i>
			KC687290	756/756 (100%)	<i>P. c. floridana</i>
JJT21	Tail tissue	MW774616	KC687252	756/756 (100%)	<i>P. alabamensis</i>
			KC687290	756/756 (100%)	<i>P. c. floridana</i>
JJT22	Tail tissue	MW774617	KC687252	756/756 (100%)	<i>P. alabamensis</i>
			KC687290	756/756 (100%)	<i>P. c. floridana</i>
JJT23	Tail tissue	MZ043616	KC687252	756/756 (100%)	<i>P. alabamensis</i>
			KC687290	756/756 (100%)	<i>P. c. floridana</i>
JJT24	Tail tissue	MZ043617	KC687252	756/756 (100%)	<i>P. alabamensis</i>
			KC687290	756/756 (100%)	<i>P. c. floridana</i>
JJT25	Tail tissue	MW774618	KC333650	1510/1510 (100%)	<i>M. sisnensis</i>
			FJ871126	1510/1510 (100%)	<i>M. sisnensis</i>
JJT26	Tail tissue	MW774619	KC333650	1510/1510 (100%)	<i>M. sisnensis</i>
			FJ871126	1510/1510 (100%)	<i>M. sisnensis</i>
JJT27	Tail tissue	MW774620	KC333650	1510/1510 (100%)	<i>M. sisnensis</i>
			FJ871126	1510/1510 (100%)	<i>M. sisnensis</i>
JJT28	Tail tissue	MW774621	KC333650	1510/1510 (100%)	<i>M. sisnensis</i>
			FJ871126	1510/1510 (100%)	<i>M. sisnensis</i>

5. 외래거북의 *CYTB*, *COI* haplotype 서열의 계통 유연관계

1) 붉은귀거북 집단의 계통 유연관계

붉은귀거북의 계통 유연관계를 분석하기 위하여 본 연구에서 결정된 서열과 분석에 이용된 모든 유전자 서열 정보는 Table 14에 제시하였다. 제주도 붉은귀거북 집단과 국내 및 해외에서 보고된 붉은귀거북의 *CYTB* 유전자 서열은 7가지 haplotype (HTC01-HTC07)으로 구분되었고, *COI* 유전자 서열은 5가지 haplotype (HTO01-HTO05)으로 구분되었다(Table 15). 가장 많은 서열이 출현하는 HTC03은 제주도, 미국, 독일, 캐나다, 중국에서 보고된 서열이 포함되었다. 제주도 서열들은 5개의 haplotype (HTC01-HTC04, HTC06)에서 확인되었다. 미국에서 보고된 11개의 서열들은 3가지 haplotype (HTC03-HTC05)으로 구분되었고, 독일에서 보고된 서열은 HTC03, 캐나다 서열은 HTC03과 HTC07에 포함되었으며, 중국에서 보고된 2개의 서열은 각각 HTC03, HTC04로 구분되었다. *COI* 유전자 서열들의 5가지 haplotype에서 제주도 서열은 4개의 haplotype (HTO01, HTO02, HTO04, HTO05)에 출현하였고, 국내에서 보고된 2개의 서열은 각각 HTO02, HTO03으로 구분되었다. 붉은귀거북의 *CYTB* 서열의 Hd 값은 0.721 ± 0.051 , π 값은 0.00252 ± 0.00050 으로 확인되었고, *COI* 서열의 Hd 값은 0.732 ± 0.073 , π 값은 0.00125 ± 0.00024 로 확인되었다(Table 16).

유전적 거리지수를 바탕으로 붉은귀거북 *CYTB* haplotype의 계통 유연관계를 분석하기 위하여 Maximum-likelihood tree를 작성하였다(Fig. 13). 계통수 작성에 이용한 모든 붉은귀거북속 서열들은 outgroup인 *C. picta*와 뚜렷하게 구분되어 단계통적(monophyletic)인 양상을 보였다. 본 연구에서 결정된 제주도 서열과 국내 및 해외에서 보고된 붉은귀거북 서열들은 *T. scripta*의 범위 내에서 분지하였으며, 붉은귀거북속 내에서는 *T. gaigeae*와 가장 가까운 근연 관계로 분지하였다. 붉은귀거북 *CYTB* haplotype들은 크게 3개의 그룹으로 분지되었으며, HTC05와 HTC07은 다른 haplotype들과는 다소 먼 위치에서 확인되었다. 제주도 서열을 포함하는 5개의 haplotype들 중, HTC03은 HTC02와 함께 콤버랜드와 근연으로 분지되었고, HTC05 및 HTC07과는 먼 위치에서 분지하였다. 제주도를 포함한 국내 및 해외에

서 보고된 붉은귀거북의 *COI* haplotype 서열들은 outgroup인 *C. pacta*와 뚜렷하게 구분되는 별개의 그룹을 형성하였으며, *CYTb* 분지 양상과 비슷하게 확인되었다 (Fig. 14). 붉은귀거북속 내에서도 *T. scripta*는 단계통적인 양상으로 분지하였으며, *T. gaiageae*와 가장 근연의 관계를 보였다. HTO01, HTO03, HTO04는 모두 HTO02와 함께 분지되었다. 유전적 거리지수가 근연이었던 HTO01과 HTO03은 콤버랜드와 가까운 위치에서 분지되었으며, HTO04는 HTO05와 가깝게 분지하였다.

Table 14. Accession numbers and information of the *CYTB* and *COI* sequences for *Trachemys* species used in this study

Species	<i>CYTB</i>			<i>COI</i>		
	Locality	Accession no.	Reference	Locality	Accession no.	Reference
<i>T. s. elegans</i>	Jeju Island	MW717633	This study	Jeju Island	MW774622	This study
<i>T. s. elegans</i>	Jeju Island	MW717634	This study	Jeju Island	MW774623	This study
<i>T. s. elegans</i>	Jeju Island	MW717635	This study	Jeju Island	MW774624	This study
<i>T. s. elegans</i>	Jeju Island	MW717636	This study	Jeju Island	MW774625	This study
<i>T. s. elegans</i>	Jeju Island	MW717637	This study	Jeju Island	MW774626	This study
<i>T. s. elegans</i>	Jeju Island	MW717638	This study	Jeju Island	MW774627	This study
<i>T. s. elegans</i>	Jeju Island	MW717639	This study	Jeju Island	MW774628	This study
<i>T. s. elegans</i>	Jeju Island	MW717640	This study	Jeju Island	MW774629	This study
<i>T. s. elegans</i>	Jeju Island	MW717641	This study	Jeju Island	MW774630	This study
<i>T. s. elegans</i>	Jeju Island	MW717642	This study	Jeju Island	MW774631	This study
<i>T. s. elegans</i>	Jeju Island	MW717643	This study	Jeju Island	MW774632	This study
<i>T. s. elegans</i>	Jeju Island	MW717644	This study	Jeju Island	MW774634	This study
<i>T. s. elegans</i>	Jeju Island	MW774598	This study	Jeju Island	MW774635	This study
<i>T. s. elegans</i>	Jeju Island	MW774599	This study	Jeju Island	MW774636	This study
<i>T. s. elegans</i>	Jeju Island	MW774600	This study	South Korea	MW122291	Moon <i>et al.</i> , 2020
<i>T. s. elegans</i>	Jeju Island	MW774601	This study	South Korea	MW019443	Moon <i>et al.</i> , 2020
<i>T. s. elegans</i>	South Korea	MW122291	Moon <i>et al.</i> , 2020	Canada	FJ392294	Russell <i>et al.</i> , 2008
<i>T. s. elegans</i>	South Korea	MW019443	Moon <i>et al.</i> , 2020	China	KM216748	Yu <i>et al.</i> , 2014
<i>T. s. elegans</i>	Germany	FR717131	Fritz <i>et al.</i> , 2011			
<i>T. s. elegans</i>	Germany	HE590359	Fritz <i>et al.</i> , 2011			
<i>T. s. elegans</i>	USA	HE590360	Fritz <i>et al.</i> , 2011			

n.d. indicates not described the locality information.

Table 14. Continued

Species	CYTB			COI		
	Locality	Accession no.	Reference	Locality	Accession no.	Reference
<i>T. s. elegans</i>	USA	HE590361	Fritz <i>et al.</i> , 2011			
<i>T. s. elegans</i>	USA	FJ770617	Spinks <i>et al.</i> , 2009			
<i>T. s. elegans</i>	USA	EU787024	Spinks <i>et al.</i> , 2008			
<i>T. s. elegans</i>	USA	JN615019	McGaugh, 2011			
<i>T. s. elegans</i>	USA	JN615020	McGaugh, 2011			
<i>T. s. elegans</i>	USA	JN615021	McGaugh, 2011			
<i>T. s. elegans</i>	USA	JN615022	McGaugh, 2011			
<i>T. s. elegans</i>	USA	JN615023	McGaugh, 2011			
<i>T. s. elegans</i>	USA	JN615024	McGaugh, 2011			
<i>T. s. elegans</i>	USA	GQ395730	Jackson <i>et al.</i> , 2009			
<i>T. s. elegans</i>	Canada	AF207750	Willmore <i>et al.</i> , 1999			
<i>T. s. elegans</i>	Canada	FJ392294	Russell <i>et al.</i> , 2008			
<i>T. s. elegans</i>	China	KM216748	Yu <i>et al.</i> , 2014			
<i>T. s. elegans</i>	China	HQ442420	Xia <i>et al.</i> , 2010			
<i>T. s. elegans</i>	n.d.	NC011573	Beckenvach and Russell, 2008			
<i>T. s. scripta</i>	USA	HE590358	Fritz <i>et al.</i> , 2011	China	KM216749	Yu <i>et al.</i> , 2015
<i>T. s. troostii</i>	South Korea	MW122292	Moon <i>et al.</i> , 2020	South Korea	MW122292	Moon <i>et al.</i> , 2020
<i>T. venusta</i>	Guatemala	HE590362	Fritz <i>et al.</i> , 2011	n.d.	HQ329669	Reid <i>et al.</i> , 2010
<i>T. ornata</i>	Maxico	HE590355	Fritz <i>et al.</i> , 2011	n.d.	HQ329665	Reid <i>et al.</i> , 2010
<i>T. gaigeae</i>	USA	HE590350	Fritz <i>et al.</i> , 2011	n.d.	HQ329663	Reid <i>et al.</i> , 2010
<i>T. stejnegeri</i>	USA	FJ770621	Spinks <i>et al.</i> , 2009	USA	KX559047	Spinks <i>et al.</i> , 2016
<i>T. taylori</i>	USA	JN615048	McGaugh, 2011	n.d.	HQ329667	Reid <i>et al.</i> , 2010

Table 14. Continued

Species	CYTB			COI		
	Locality	Accession no.	Reference	Locality	Accession no.	Reference
<i>T. emolli</i>	Nicaragua	HE590349	Fritz <i>et al.</i> , 2011	n.d.	HQ329662	Reid <i>et al.</i> , 2010
<i>T. adiutrix</i>	Brazil	HE590312	Fritz <i>et al.</i> , 2011			
<i>T. callirostris</i>	Venezuela	HE590330	Fritz <i>et al.</i> , 2011			
<i>T. decussata</i>	Cuba	HE590332	Fritz <i>et al.</i> , 2011			
<i>T. yaquia</i>				n.d.	HQ329670	Reid <i>et al.</i> , 2010
<i>T. terrapen</i>				n.d.	HQ329668	Reid <i>et al.</i> , 2010
<i>T. decorata</i>				n.d.	HQ329661	Reid <i>et al.</i> , 2010
<i>T. terrapen</i>				n.d.	HQ329668	Reid <i>et al.</i> , 2010
<i>T. decorata</i>				n.d.	HQ329661	Reid <i>et al.</i> , 2010

Table 15. Haplotype distribution of *CYTb* and *COI* sequences for *T. s. elegans* populations used in this study

Haplotype		<i>T. s. elegans</i> population							Total
		Jeju Island	South Korea	USA	Germany	Canada	China	ND ¹	
<i>CYTb</i>	HTC01	3							3
	HTC02	2							2
	HTC03	7		3	2	1	1	1	15
	HTC04	3	2	6			1		12
	HTC05			2					2
	HTC06	1							1
	HTC07					1			1
Total		16	2	11	2	2	2	1	36
<i>COI</i>	HTO01	7				1			8
	HTO02	4	1						5
	HTO03		1						1
	HTO04	2					1		3
	HTO05	1							1
Total		14	2			1	1		18

¹, ND; unknown the locality information.

Table 16. Population genetic diversities of the *CYTb* and *COI* genes within *T. s. elegans* in Jeju Island and other countries

Gene	No. of sequences tested	No. of haplotype	Haplotype diversity		Nucleotide diversity		Nucleotide difference
			<i>Hd</i>	SD	π	SD	<i>k</i>
<i>CYTb</i>	36	7	0.721	0.051	0.00252	0.00050	1.36032
<i>COI</i>	18	5	0.732	0.073	0.00125	0.00024	1.61438

Hd, mean of pairwise differences between all haplotypes.

π , mean of pairwise differences between all sequences.

k, mean of average number of nucleotide differences between all sequences.

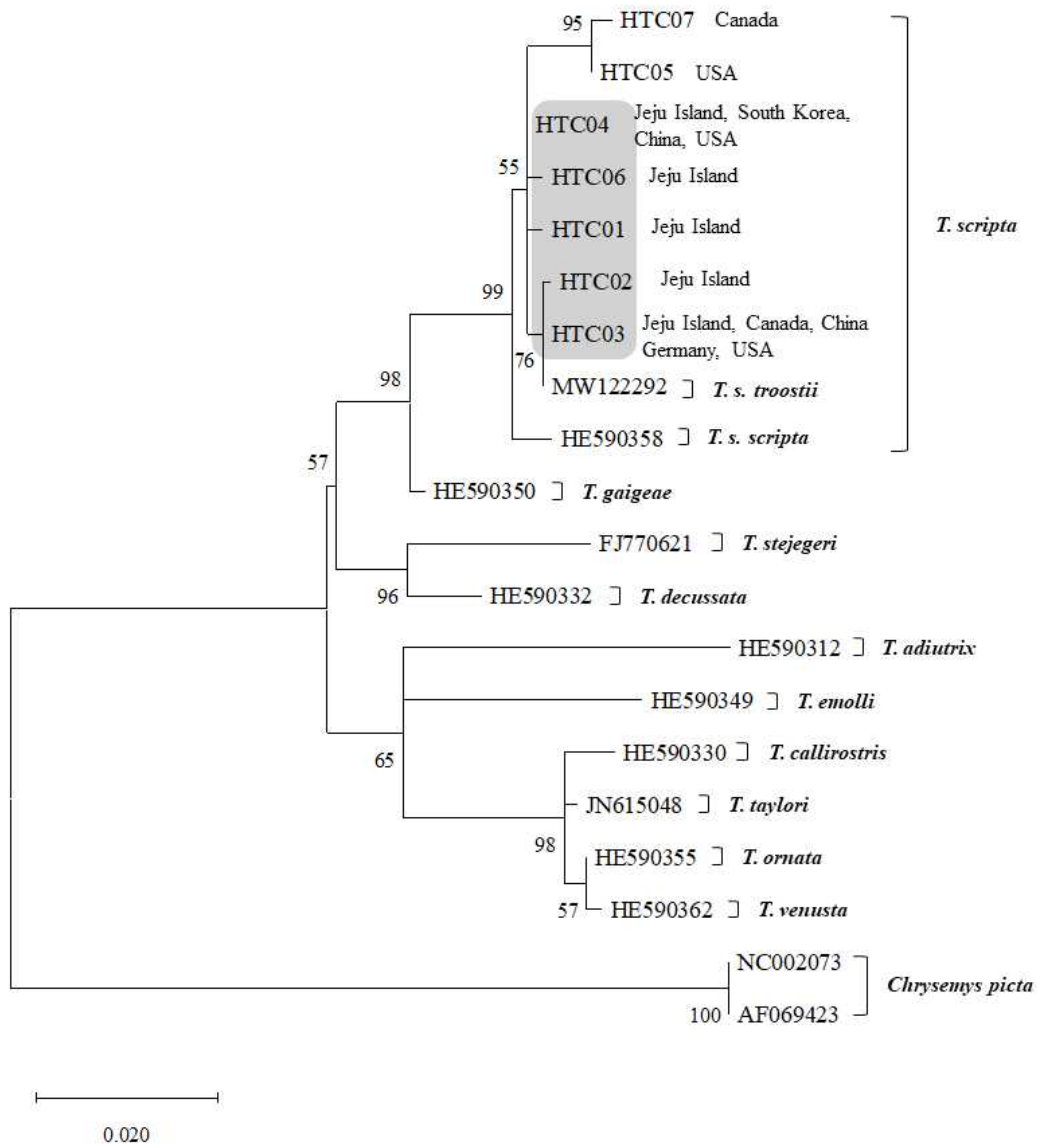


Fig. 13. The phylogenetic tree for the *CYTb* haplotype sequences of *Trachemys*. The evolutionary history was inferred by using the Maximum likelihood method and Tamura-Nei model (Tamura and Nei, 1993). A discrete Gamma distribution was used to model evolutionary rate differences among sites (5 categories (+G, parameter = 0.1716)). The *CYTb* sequence of *Chrysemys picta* was used for outgroup rooting. Evolutionary analyses were conducted in MEGA-X program (Kumar *et al.*, 2018).

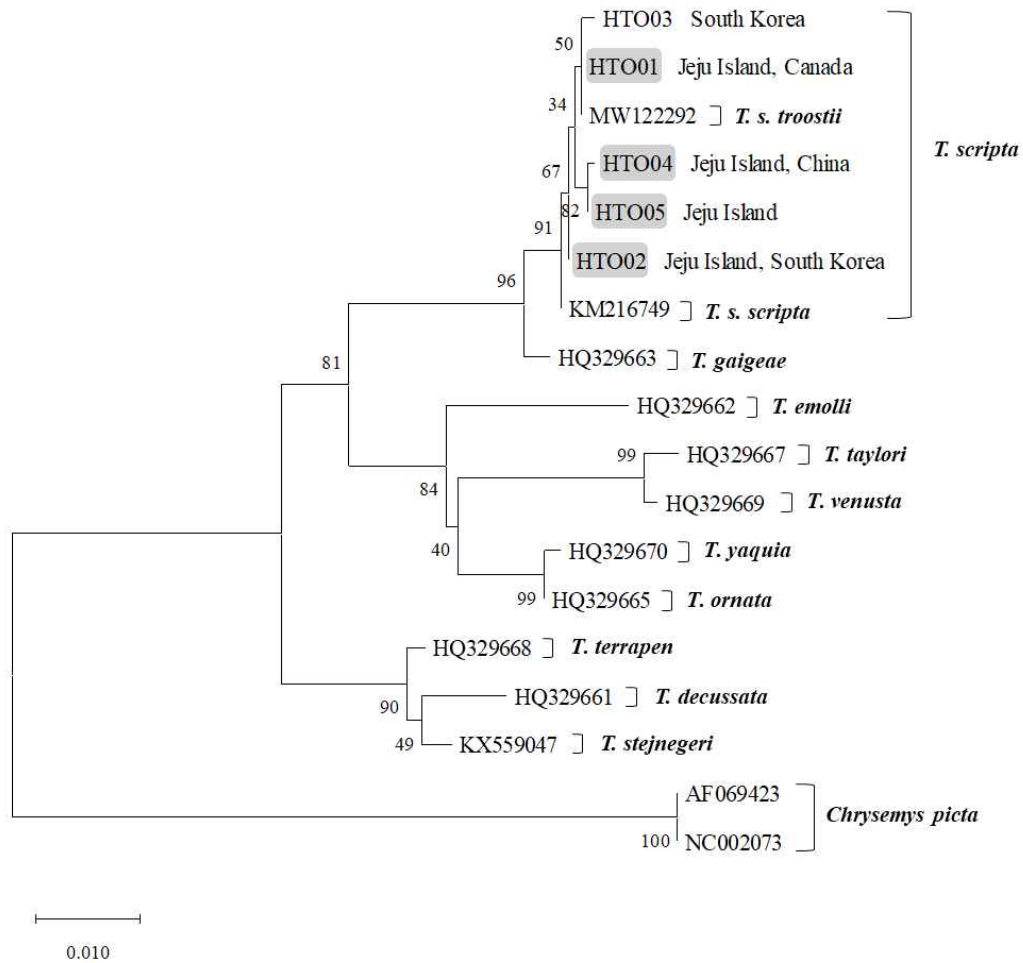


Fig. 14. The phylogenetic tree for the *COI* haplotype sequences of *Trachemys*. The evolutionary history was inferred by using the Maximum likelihood method and Tamura-Nei model (Tamura and Nei, 1993). A discrete Gamma distribution was used to model evolutionary rate differences among sites (5 categories (+G, parameter = 0.1638)). The *COI* sequence of *C. picta* was used for outgroup rooting. Evolutionary analyses were conducted in MEGA-X program (Kumar *et al.*, 2018).

2) 리버쿠터 집단의 계통 유연관계

리버쿠터의 계통 유연관계를 분석하기 위하여 본 연구에서 결정된 서열과 분석에 이용된 모든 유전자 서열 정보는 Table 17에 제시하였다. 제주도 및 해외에서 보고된 리버쿠터 집단의 *CYTb* 유전자 서열은 7가지 haplotype (HPC01-HPC07)으로 구분되었고, *COI* 서열은 5가지 haplotype (HPO01-HPO05)으로 구분되었다 (Table 18). 제주도 리버쿠터의 6개 *CYTb* 서열들은 HPC01, HPC03, HPC04에 출현하였다. 가장 많은 서열이 출현하는 HPC03에는 제주도 서열 4개와 미국과 독일에서 보고된 서열이 포함되었고, HPC01에는 제주도 서열과 미국에서 보고된 서열이 포함되었다. 미국에서 보고된 서열들은 HPC04를 제외한 모든 haplotype에 포함되었다. 제주도 리버쿠터 집단의 *COI* 서열들은 HPO01과 HPO02에 출현하였다. 가장 많은 서열을 포함하는 HPO02에는 5개의 제주도 서열이 포함되었고, 미국에서 보고된 6개의 *COI* 서열이 함께 포함되었다. 리버쿠터 *CYTb* 서열의 *Hd* 값은 0.771 ± 0.100 , π 값은 0.00259 ± 0.00051 로 확인되었고, *COI* 서열의 *Hd* 값은 0.581 ± 0.131 , π 값은 0.00119 ± 0.00035 로 확인되었다 (Table 19).

리버쿠터 집단의 *CYTb* haplotype의 계통 유연관계를 분석하기 위하여 Maximum-likelihood tree를 작성하였다 (Fig. 15). 계통수 상에서 리버쿠터 집단은 늑거복속 내 *P. gorzugi*와는 독립적으로 구분되어 분지하였으나, 그 외 다른 종들과는 독립된 분지를 형성하지 않았다. 그러나, 본 연구에서 분석한 제주도 붉은귀거복 서열과 중국줄무늬목거복의 서열과는 뚜렷하게 구분되는 단계통적인 분지 양상을 보였다. 리버쿠터 집단의 *COI* haplotype은 계통 분지도상에서 제주도 붉은귀거복과 중국줄무늬목거복의 *COI* 서열들과 구분되어 분지하며 *CYTb* haplotype 분석과 동일하게 나타났으나, 늑거복속 내 종들과의 관계에서는 독립적으로 분지하지 않았다 (Fig. 16). HPO05는 HTO01-HTO04와 거리가 다소 멀게 분지하였으며, HPO01, HPO02, HPO04는 페닌슐라쿠터와 동일하거나 근연으로 분지하였다.

Table 17. Accession numbers and information of the *CYTB* and *COI* sequences for *Pseudemys* species used in this study

Species	<i>CYTB</i>			<i>COI</i>		
	Locality	Accession no.	Reference	Locality	Accession no.	Reference
<i>P. concinna</i>	Jeju Island	MW774602	This study	Jeju Island	MW774612	This study
<i>P. concinna</i>	Jeju Island	MW774603	This study	Jeju Island	MW774613	This study
<i>P. concinna</i>	Jeju Island	MW774604	This study	Jeju Island	MW774614	This study
<i>P. concinna</i>	Jeju Island	MW774605	This study	Jeju Island	MW774615	This study
<i>P. concinna</i>	Jeju Island	MW774606	This study	Jeju Island	MW774616	This study
<i>P. concinna</i>	Jeju Island	MW774607	This study	Jeju Island	MW774617	This study
<i>P. concinna</i>	Germany	HE590306	Fritz <i>et al.</i> , 2011	USA	KC687300	Spinks <i>et al.</i> , 2013
<i>P. concinna</i>	USA	FJ770603	Spinks <i>et al.</i> , 2009	USA	KC687301	Spinks <i>et al.</i> , 2013
<i>P. c. concinna</i>	USA	GQ395724	Jackson <i>et al.</i> , 2009	USA	KC687261	Spinks <i>et al.</i> , 2013
<i>P. c. concinna</i>	USA	GQ395723	Jackson <i>et al.</i> , 2009	USA	KC687262	Spinks <i>et al.</i> , 2013
<i>P. c. concinna</i>	USA	GQ395722	Jackson <i>et al.</i> , 2009	USA	KC687264	Spinks <i>et al.</i> , 2013
<i>P. c. floridana</i>	USA	GQ395729	Jackson <i>et al.</i> , 2009	USA	KC687287	Spinks <i>et al.</i> , 2013
<i>P. c. floridana</i>	USA	FJ770605	Spinks <i>et al.</i> , 2009	USA	KC687288	Spinks <i>et al.</i> , 2013
<i>P. c. floridana</i>	Germany	HE590307	Fritz <i>et al.</i> , 2011	USA	KC687289	Spinks <i>et al.</i> , 2013
<i>P. c. suwanniensis</i>	USA	GQ395711	Jackson <i>et al.</i> , 2009	USA	KC687308	Spinks <i>et al.</i> , 2013
<i>P. c. suwanniensis</i>				USA	KC687310	Spinks <i>et al.</i> , 2013
<i>P. c. suwanniensis</i>				USA	KC687311	Spinks <i>et al.</i> , 2013
<i>P. peninsularis</i>	Jeju Island	MZ043614	This study	Jeju Island	MZ043616	This study
<i>P. peninsularis</i>	Jeju Island	MZ043615	This study	Jeju Island	MZ043617	This study
<i>P. peninsularis</i>	USA	FJ770606	Spinks <i>et al.</i> , 2009	USA	KC687325	Spinks <i>et al.</i> , 2013
<i>P. rubriventris</i>	Germany	HE590309	Fritz <i>et al.</i> , 2011	USA	KC687330	Spinks <i>et al.</i> , 2013
<i>P. nelsoni</i>	Germany	HE590308	Fritz <i>et al.</i> , 2011	USA	KC687320	Spinks <i>et al.</i> , 2013

Table 17. Continued

Species	CYTB			COI		
	Locality	Accession no.	Reference	Locality	Accession no.	Reference
<i>P. gorzugi</i>	USA	GQ395700	Jackson <i>et al.</i> , 2009	USA	KC687316	Spinks <i>et al.</i> , 2013
<i>P. texana</i>	USA	GQ395712	Jackson <i>et al.</i> , 2009	USA	KC687333	Spinks <i>et al.</i> , 2013
<i>P. alabamensis</i>	USA	GQ395717	Jackson <i>et al.</i> , 2009	USA	KC687257	Spinks <i>et al.</i> , 2013

Table 18. Haplotype distribution of *CYTb* and *COI* sequences for *P. concinna* populations used in this study

Haplotype		<i>P. concinna</i> population			Total
		Jeju Island	USA	Germany	
<i>CYTb</i>	HPC01	1	2		3
	HPC02		1		1
	HPC03	4	1	2	7
	HPC04	1			1
	HPC05		1		1
	HPC06		1		1
	HPC07		1		1
Total		6	7	2	15
<i>COI</i>	HPO01	1			1
	HPO02	5	6		11
	HPO03		1		1
	HPO04		2		2
	HPO05		2		2
Total		6	11		17

Table 19. Population genetic diversities of the *CYTB* and *COI* genes within *P. concinna* in Jeju Island and other countries

Gene	No. of sequences tested	No. of haplotype	Haplotype diversity		Nucleotide diversity		Nucleotide difference
			<i>Hd</i>	SD	π	SD	<i>k</i>
<i>CYTB</i>	15	7	0.771	0.100	0.00259	0.00051	2.03810
<i>COI</i>	17	5	0.581	0.131	0.00119	0.00035	0.89706

Hd, mean of pairwise differences between all haplotypes.

π , mean of pairwise differences between all sequences.

k, mean of average number of nucleotide differences between all sequences.

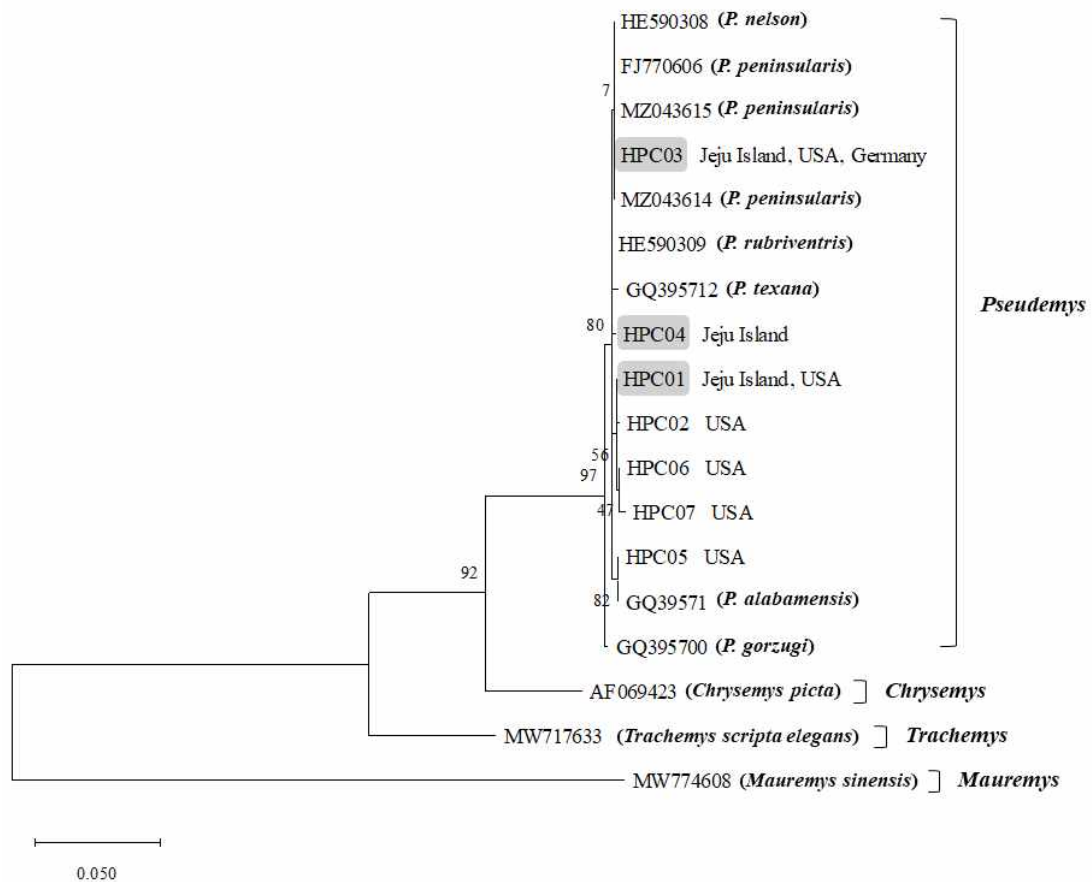


Fig. 15. The phylogenetic tree for the *CYTB* haplotype sequences of *Pseudemys*. The evolutionary history was inferred by using the Maximum likelihood method and Tamura-Nei model (Tamura and Nei, 1993). A discrete Gamma distribution was used to model evolutionary rate differences among sites (5 categories (+G, parameter = 0.3953)). The *CYTB* sequences of *C. picta*, *T. s. elegans* and *M. sinensis* were used for outgroup rooting. Evolutionary analyses were conducted in MEGA-X program (Kumar *et al.*, 2018).

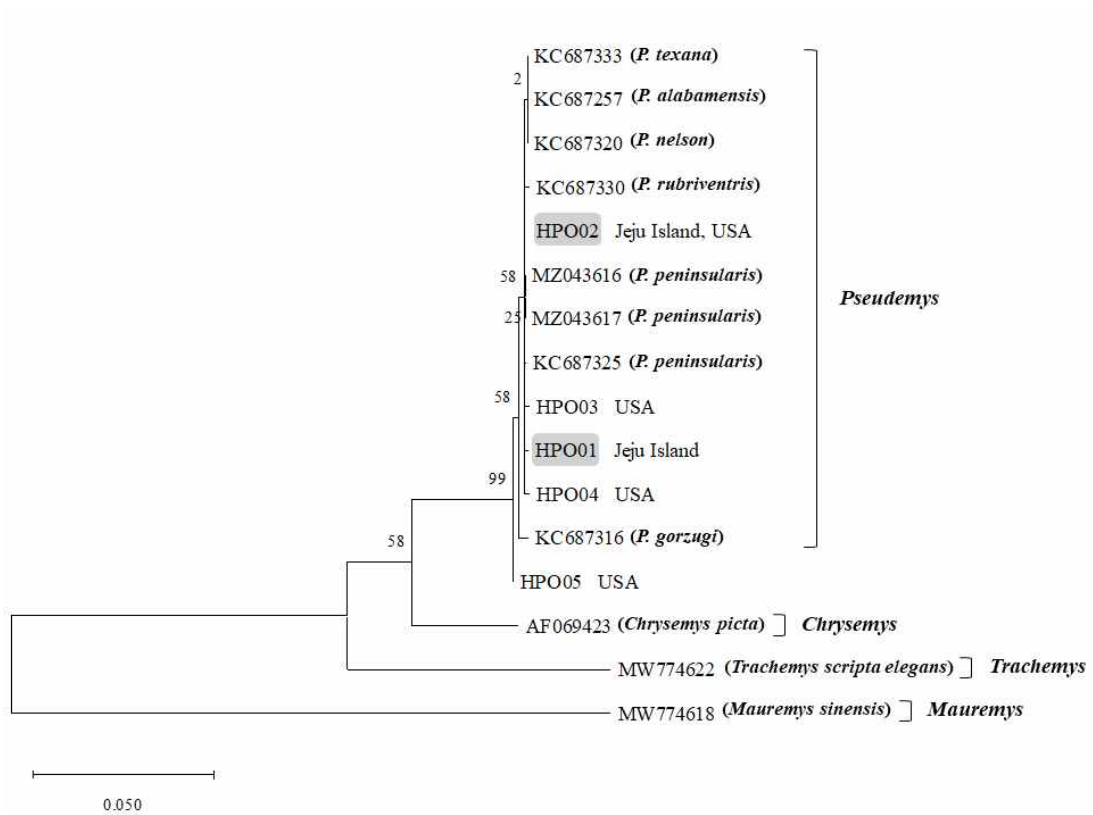


Fig. 16. The phylogenetic tree for the *COI* haplotype sequences of *Pseudemys*. The evolutionary history was inferred by using the Maximum likelihood method and Tamura-Nei model (Tamura and Nei, 1993). A discrete Gamma distribution was used to model evolutionary rate differences among sites (5 categories (+G, parameter = 0.1639)). The *COI* sequences of *C. picta*, *T. s. elegans* and *M. sinensis* were used for outgroup rooting. Evolutionary analyses were conducted in MEGA-X program (Kumar *et al.*, 2018).

3) 중국줄무늬목거북 집단 의 계통 유연관계

중국줄무늬목거북의 계통 유연관계 분석을 위하여 본 연구에서 결정된 서열과 분석에 이용된 모든 유전자 서열 정보는 Table 20에 제시하였다. 제주도 중국줄무늬목거북 집단과 중국, 대만, 미국, 독일에서 보고된 *CYTb* 유전자 서열은 12가지 haplotype (HMC01-HMC12)으로 구분되었다(Table 21). 제주도와 중국에서 보고된 서열은 각각 3가지 haplotype으로 구분되었으며, 대만에서 보고된 서열은 8가지 haplotype으로 구분되었다. 대부분의 서열들이 HMC03 (n=8)과 HMC04 (n=10)에 포함되었다. 제주도 서열이 확인된 haplotype 중에서 HMC03과 HMC04는 중국과 대만에서 보고된 서열도 함께 확인되었다. HMC02는 중국 서열만 확인되었으며, 대만 서열은 6개의 haplotype (HMC07-HMC12)에서 단독으로 출현하였다. 중국줄무늬목거북 집단의 haplotype 다양성과 염기서열의 다양성을 분석한 결과, *CYTb* 서열들의 *Hd* 값은 0.828 ± 0.050 , π 값은 0.00266 ± 0.00063 으로 확인되었고, *COI* 서열들은 단일 haplotype으로 *Hd* 값과 π 는 산출되지 않았다(Table 22).

중국줄무늬목거북 *CYTb* haplotype의 유전적 거리지수를 바탕으로 계통 유연관계를 분석하기 위하여 Maximum-likelihood tree를 작성한 결과, 12개의 *CYTb* haplotype들은 남생이속 내에서 단계통적인 양상을 보였다(Fig. 17). 중국줄무늬목거북 집단은 남생이와 중간 거리가 가장 가깝게 확인되었으며, 계통수 상에서도 가장 가까운 근연으로 분지하였다. 특히, 한국 남생이 서열(KR921566)보다 중국 남생이 서열(KR921503)과 더 가까운 거리에서 확인되었다. HMC09는 나머지 haplotype들과 구분되어 분지하였고, 제주도 서열이 포함된 HMC03-HMC05는 대만에서 보고된 서열들이 출현하는 haplotype들과 혼재하며 분지하였다. 미국, 중국, 독일에서 보고된 서열인 HMC01, HMC02, HMC06은 나머지 haplotype들과 다소 먼 분지 양상을 보였다. 중국줄무늬목거북 *COI* haplotype들은 독립적인 그룹을 이루며, 남생이속 내 단계통적인 분지 양상을 보였으며, *CYTb* 결과와 동일하게 확인되었다(Fig. 18).

Table 20. Accession numbers and information of the *CYTB* and *COI* sequences for *Mauremys* species used in this study

Species	<i>CYTB</i>			<i>COI</i>		
	Locality	Accession no.	Reference	Locality	Accession no.	Reference
<i>M. sinensis</i>	Jeju Island	MW774608	This study	Jeju Island	MW774618	This study
<i>M. sinensis</i>	Jeju Island	MW774609	This study	Jeju Island	MW774619	This study
<i>M. sinensis</i>	Jeju Island	MW774610	This study	Jeju Island	MW774620	This study
<i>M. sinensis</i>	Jeju Island	MW774611	This study	Jeju Island	MW774621	This study
<i>M. sinensis</i>	China	AF043261	Wu <i>et al.</i> , 1998	China	FJ871126	Nei and Jiang, 2009
<i>M. sinensis</i>	China	JN860648	Nei and Xia, 2011	China	KC333650	Fang <i>et al.</i> , 2012
<i>M. sinensis</i>	China	FJ871126	Nei and Jiang, 2009			
<i>M. sinensis</i>	China	HQ442409	Xia <i>et al.</i> , 2010			
<i>M. sinensis</i>	China	HQ442408	Xia <i>et al.</i> , 2010			
<i>M. sinensis</i>	Taiwan	KT763401	Lee and Lin, 2015			
<i>M. sinensis</i>	Taiwan	KT763402	Lee and Lin, 2015			
<i>M. sinensis</i>	Taiwan	KT763403	Lee and Lin, 2015			
<i>M. sinensis</i>	Taiwan	KT763404	Lee and Lin, 2015			
<i>M. sinensis</i>	Taiwan	KT763405	Lee and Lin, 2015			
<i>M. sinensis</i>	Taiwan	KT763406	Lee and Lin, 2015			
<i>M. sinensis</i>	Taiwan	KT763407	Lee and Lin, 2015			
<i>M. sinensis</i>	Taiwan	KT763408	Lee and Lin, 2015			
<i>M. sinensis</i>	Taiwan	KT763409	Lee and Lin, 2015			
<i>M. sinensis</i>	Taiwan	KT763410	Lee and Lin, 2015			
<i>M. sinensis</i>	Taiwan	KT763411	Lee and Lin, 2015			
<i>M. sinensis</i>	Taiwan	KT763412	Lee and Lin, 2015			
<i>M. sinensis</i>	Taiwan	KT763413	Lee and Lin, 2015			

Table 20. Continued

Species	CYTB			COI		
	Locality	Accession no.	Reference	Locality	Accession no.	Reference
<i>M. sinensis</i>	Taiwan	KT763414	Lee and Lin, 2015			
<i>M. sinensis</i>	Taiwan	KT763415	Lee and Lin, 2015			
<i>M. sinensis</i>	Taiwan	KT763416	Lee and Lin, 2015			
<i>M. sinensis</i>	Taiwan	KT763417	Lee and Lin, 2015			
<i>M. sinensis</i>	Taiwan	KT763418	Lee and Lin, 2015			
<i>M. sinensis</i>	Taiwan	KT763419	Lee and Lin, 2015			
<i>M. sinensis</i>	USA	AY434615	Spinks <i>et al.</i> , 2003			
<i>M. sinensis</i>	Germany	AJ564463	Barth <i>et al.</i> , 2003			
<i>M. reevesii</i>	South Korea	KR921566	Park <i>et al.</i> , 2015	South Korea	FJ469674	Jang and Hwang, 2008
<i>M. reevesii</i>	China	KR921503	Park <i>et al.</i> , 2015	China	AY676201	Nei <i>et al.</i> , 2004
<i>M. japonica</i>	Japan	AP019397	Asami <i>et al.</i> , 2019	Japan	AP019397	Asami <i>et al.</i> , 2019
<i>M. nigricans</i>	China	KT951839	Zhao <i>et al.</i> , 2015	China	KT951839	Zhao <i>et al.</i> , 2015
<i>M. caspica</i>	China	KC692465	Nie and Zhou, 2013	China	KC692465	Nie and Zhou, 2013
<i>M. rivulata</i>	China	KP100054	Nie and Zhou, 2014	China	KP100054	Nie and Zhou, 2014
<i>M. leprosa</i>	China	KP100055	Nie and Zhou, 2014	China	KP100055	Nie and Zhou, 2014
<i>M. mutica</i>	China	DQ453753	Nie and Song, 2006	China	DQ453753	Nie and Song, 2006
<i>M. annamensis</i>	China	HM131942	Nie and Dai, 2010	China	HM131942	Nie and Dai, 2010

Table 21. Haplotype distribution of *CYTb* sequences for *M. sinensis* populations used in this study

Haplotype	<i>M. sinensis</i> population					Total
	Jeju Island	USA	Germany	China	Taiwan	
HMC01		1				1
HMC02				1		1
HMC03	1			2	5	8
HMC04	2			2	6	10
HMC05	1					1
HMC06			1			1
HMC07					1	1
HMC08					2	2
HMC09					1	1
HMC10					2	2
HMC11					1	1
HMC12					1	1
Total	4	1	1	5	19	30

Table 22. Population genetic diversities of the *CYTB* and *COI* genes within *M. sinensis* in Jeju Island and other countries

Gene	No. of sequences tested	No. of haplotype	Haplotype diversity		Nucleotide diversity		Nucleotide difference
			<i>Hd</i>	SD	π	SD	<i>k</i>
<i>CYTB</i>	30	12	0.828	0.050	0.00266	0.00063	2.21149
<i>COI</i>	6	1	0.000	0.000	0.00000	0.00000	0.00000

Hd, mean of pairwise differences between all haplotypes.

π , mean of pairwise differences between all sequences.

k, mean of average number of nucleotide differences between all sequences.

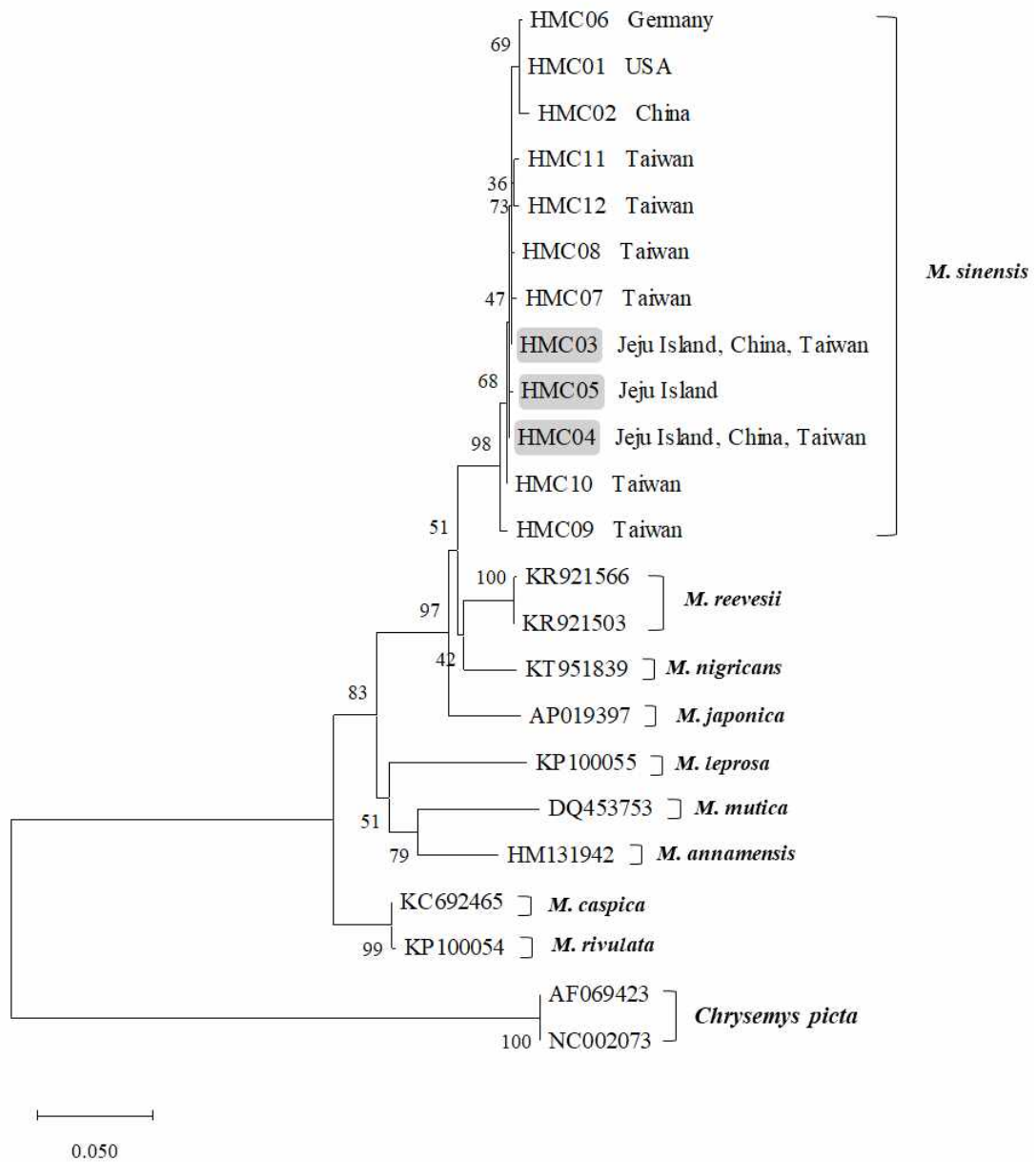


Fig. 17. The phylogenetic tree for the *CYTb* haplotype sequences of *Mauremys*. The evolutionary history was inferred by using the Maximum likelihood method and Tamura-Nei model (Tamura and Nei, 1993). A discrete Gamma distribution was used to model evolutionary rate differences among sites (5 categories (+G, parameter = 0.3807)). The *CYTb* sequence of *C. picta* was used for outgroup rooting. Evolutionary analyses were conducted in MEGA-X program (Kumar *et al.*, 2018).

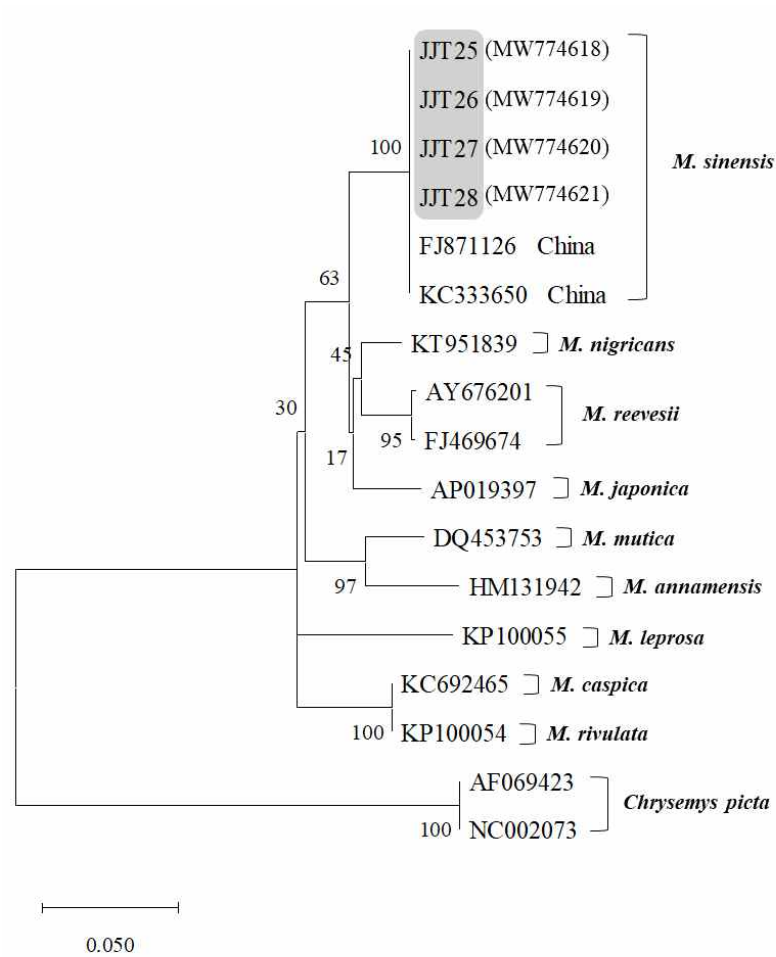


Fig. 18. The phylogenetic tree for the *COI* haplotype sequences of *Mauremys*. The evolutionary history was inferred by using the Maximum likelihood method and Tamura-Nei model (Tamura and Nei, 1993). A discrete Gamma distribution was used to model evolutionary rate differences among sites (5 categories (+G, parameter = 0.1965)). The *COI* sequence of *C. picta* was used for outgroup rooting. Evolutionary analyses were conducted in MEGA-X program (Kumar *et al.*, 2018).

IV. 고찰

1. 제주도 내 외래거북류의 개체군 분포 특징

제주도 내륙습지 조사를 통해 46개 지점에서 11종, 258개체의 외래거북의 서식이 확인되어, 2015년 제주지역에서 5종, 152개체의 외래거북이 서식하고 있음을 보고한 결과(국립생태원, 2015)보다 증가된 양상으로 나타났다. 확인된 8종(붉은귀거북, 노란배거북, 콤버랜드, 북부붉은배거북, 페닌슐라쿠터, 플로리다붉은배거북, 리버쿠터, 중국줄무늬목거북)은 전국의 외래거북 서식을 보고한 Koo *et al.* (2020b)의 연구와 동일한 종이며, 나머지 3종(비단거북, 중국자라, 아마존노란점거북)은 본 연구에서만 확인된 종으로 현재 제주도 수계에는 붉은귀거북 이외에도 다양한 종류의 외래거북이 꾸준히 유입되고 있다고 판단된다.

제주도에는 붉은귀거북이 가장 많이 서식하고 있으며, 그 다음 리버쿠터와 중국줄무늬목거북 순으로 서식이 확인된 결과는 붉은귀거북이 다른 외래거북들과는 달리 관찰 빈도 및 서식 범위가 넓고(구 등, 2017), 전국적으로 붉은귀거북과 리버쿠터의 발견 빈도가 높게 나타난 Koo *et al.* (2020b)의 연구와 일치한다. 붉은귀거북은 2001년 생태계교란 생물로 지정되었고, 2005년 붉은귀거북속의 전 종에 대한 수입과 거래가 금지되었다(환경부 2006b, 국립생태원2016c). 이후 붉은귀거북을 대체하기 위한 늘거북속의 다양한 쿠터류의 거래가 증가하였고, 중국과 아시아지역에서 대부분의 거북류가 수입되면서 중국줄무늬목거북의 거래도 급증하였다(국립생태원, 2016b; 이 등, 2016). 최근에는 붉은귀거북뿐만 아니라 다양한 외래거북들이 국내 수계로 유입되어 야생에서도 빈번하게 관찰되고 있으며(국립생태원, 2015, 2016b, 2016c, 2017a, 2017b, 2018b, 2018c, 2019), 붉은귀거북, 리버쿠터, 중국줄무늬목거북은 본 연구와 이전 연구 모두 야생에서 관찰되는 빈도가 높았던 종으로 외래거북의 야생 유입이 인간에 의한 방사가 주된 원인임을 고려한다면, 애완거북 거래량이 많은 종일수록 자연생태계로 유입될 가능성이 높아진다는 것을 의미하는 결과라 하겠다.

연구를 통해 확인된 제주도 내 외래거북의 서식지 중 물참오름 습지와 혼인지못, 천지연폭포와 연결된 하천을 제외하면, 대부분은 인가 주변, 올레길과 산책로, 도심 내 공원 등에 위치한 연못으로 도로와 인접하고 있는 것으로 나타났으며, 이전 연구(오와 흥, 2007; 국립생태원, 2015; 환경부, 2015; 오 등, 2017)에서 확인된 서식지와 비슷한 양상을 보인다 할 수 있다. 연못은 수생태계의 비오톱(biotop)이며(Oertli *et al.*, 2005), 해당 지점에는 습지정비사업을 통해 거북류의 서식에 반드시 필요한 일광욕과 은신처로 이용할 수 있는 바위 및 인공구조물, 다양한 습지식물이 잘 조성되어 있어 외래거북의 정착이 쉽게 이루어질 것이 예상된다. 거북류는 종에 따라 육식성 또는 초식성의 먹이 선호도에 차이를 보이기는 하나, 대부분 잡식성으로 서식지 내에서 가장 풍부하고 쉽게 얻을 수 있는 먹이원을 이용하며, 이용 가능한 자원과 계절에 따라 먹이가 달라지기도 한다(Dreslik, 1999; Alcalde *et al.*, 2010). 연구를 통해 확인된 외래거북은 서식지 내에 존재하는 수생식물과 수서곤충들을 섭식하여 제주도의 습지 환경에 적응 및 확산될 가능성이 크며, 이는 수서생물의 종다양성 감소로 이어질 수 있기에 수생태계에 미치는 영향에 대한 연구가 이루어져야 할 것이다.

인구가 많거나 인구밀도가 높을수록 외래종의 수는 증가하며(Spear *et al.*, 2013), 국내에서 외래거북은 도로와 인접하여 사람들의 접근이 용이한 곳, 도심과 가까운 곳에서 주로 발견된다(구 등, 2017). 제주시 지역이 서귀포시 지역과 비교하여 외래거북의 서식지와 개체수가 2배 이상 확인된 점, 외래거북의 서식지점은 인구 밀집 지역인 제주시 동지역이 가장 많았다는 점, 조천읍과 애월읍에서 종다양도가 높게 확인되었다는 점은 이와 부합하였다. 연구를 통해 관찰된 외래거북의 개체수는 서식지 고도 및 면적과 직접적인 관련성은 없었고, 서식지 주변환경은 대부분 도로와 인접해 있는 것으로 확인되었는데, 이는 제주도 자연생태계에 서식하는 외래거북이 접근성이 편리한 장소에 인간의 인위적 방사로 유입되었다는 것을 말해주는 결과라 할 수 있다. 특히 애월읍 연화지와 조천읍 남생이못은 차량 접근이 쉽고, 두 지점 모두 연못 주변을 산책할 수 있도록 연못 둘레와 중앙부를 가로지르는 산책로가 있었으며, 산책로 중간에는 정자가 있어 휴식 장소도 잘 정비되어 있었다. 해당 지점들은 연못 주변에 위치한 식당과 카페를 이용하는 제주도민과 관광객들의 방문이 많았던 곳이었고, 인근에 외래거북이 관찰된

다른 수계가 존재하지 않았기에, 두 지점에서 확인된 외래거북들은 자연적 확산으로 인한 서식이 아닌 것으로 보여지며, 애완용으로 길렀던 개체들이 도심과 상대적으로 가까운 지역의 연못으로 방사한 결과라 생각된다.

제주도 서부지역의 대정읍과 한경면은 과거 붉은귀거북이 인위적으로 방사된 이후 인근 연못이나 연결된 수계를 따라 자연이주와 확산의 가능성이 제기되었던 곳이다(오와 홍, 2007; 국립생태원 2015). 제주도에서 붉은귀거북의 번식지 주변환경은 밭의 비율이 높고, 산란을 위해 밭을 이용한 번식 가능성이 보고된 바 있다(구와 성, 2019). 연구를 통해 확인된 한경면과 대정읍 지역의 서식지 주변환경은 농경지 또는 도로와 인접한 농경지였으며, 일부 지점들은 농수로에 의해 연결되어 있음이 확인되어 해당 지점들에서 관찰된 다수의 붉은귀거북은 인위적인 방사 이후, 번식과 자연이주에 의한 서식지 확산이 원인이라고 판단된다. 두 지역에서 붉은귀거북 이외에 리버쿠터, 페닌슐라쿠터, 중국줄무늬목거북 등 새롭게 서식이 확인된 종들은 최근에 국내로 유입된 개체들인 만큼 해당 서식지에 최근에 인위적으로 방사된 것으로 여겨지나, 이 개체들 역시 주변 농수로 및 농경지를 이용한 번식과 확산 가능성이 있기에 대정읍과 한경면 지역에서는 자연 확산에 대한 정밀조사가 필요하다고 판단된다.

2. 제주도에서 외래거북의 분포지 변화

1) 붉은귀거북의 분포지 변화

붉은귀거북의 서식지로 알려진 지점 중 이번 연구에서 확인되지 않은 제주시 삼양동 문강사연못(J12)과 서귀포시 호근동 봉림사연못(J51)은 종교시설 내 위치한 연못으로 최근에 연못이 재정비되어 있었고, 조천읍 함덕리 괴못(J48)은 기존 습지 형태에서 농수저류지로 변형되었으나 물이 없는 마른 상태로 바닥이 노출되어 있어 붉은귀거북의 서식이 불가능한 환경이었다. 한경면 저갈물(J49)과 농로 옆 저류지(J50), 대정읍 구시홀못(J52)은 습지정비사업으로 기존 습지의 형태가 변형되어 있었고, 습지정비사업 당시 붉은귀거북이 생태계교란 생물로 관리되고 있

어 퇴치되었을 가능성이 높았을 것으로 판단된다.

전국 자연환경영향평가조사에서 확인된 외래거북류의 경우, 일반적으로 잘 알려져 있는 붉은귀거북이나 노란배거북으로 오인되어 보고되는 경우가 많으며(국립생태원, 2016c), 제주도에서 관찰된 거북류 중 일부 개체들은 정확한 동정이 아닌 추정개체로 보고되었다(국립생태원, 2015). 한림읍 물거리못(J25)에서 붉은귀거북이 관찰된 바 있으며(국립생태원, 2015), 본 연구에서는 붉은귀거북은 확인되지 않았고, 노란배거북이 관찰되어 이전 연구의 결과가 붉은귀거북으로 잘못 동정된 것인지, 붉은귀거북이 사라지고 다른 종이 유입되어 서식하게 된 것인지에 대해서는 지금까지의 연구결과만으로는 정확하게 판단할 수 없으나, 제주도 붉은귀거북 서식에 대한 기존 연구들은 장기간에 걸쳐 주기적으로 이루어진 조사가 아닌 1회 또는 단기간에 이루어진 조사로, 붉은귀거북의 서식 여부와 개체수 확인 등에 오류가 있었을 가능성이 높았을 것으로 추측된다.

붉은귀거북이 다수 서식하는 것으로 확인된 지점 중 오와 홍(2007)의 연구 결과와 비교하면 해당 지점에서 모두 개체수가 증가된 양상을 보였으며, 이 장소들에서 유체의 서식이 확인된 것으로 보아 추가적인 방생에 의해 개체수가 증가했을 가능성보다는 번식에 의한 확산의 결과로 판단된다. 돛배물에서도 성체와 유체의 서식이 확인되었고, 연못 주변에서 붉은귀거북 성체로 추정되는 뺨와 등갑이 발견되었으며, 붉은귀거북 유체 1개체가 사체로 발견되어, 과거에는 지금의 개체수 보다 더 많은 개체가 서식했을 것으로 추측된다.

한라수목원과 여뀌못, 천지연폭포에서는 본 연구에서 관찰된 개체가 이전 연구(오와 홍, 2007)에서 보고된 개체수보다 적게 확인되었으며, 이러한 결과는 2015년에 제주지역에서 수행된 붉은귀거북 포획사업으로 약 50마리를 포획·제거하였고(환경부, 2015), 이후에는 일부 남아있던 개체들만 서식하게 되면서 개체수가 줄어든 것으로 보인다. 그러나 이 지점에서도 유체가 확인되었고, 확인된 유체들은 기존 개체들의 번식 활동으로 생겨난 것으로 추정되며, 이 지점들도 여전히 번식에 의한 확산 우려가 있기에 개체수 조절 및 관리가 필요하다고 판단된다.

혼인지에는 약 1,600 m²의 자연습지인 혼인지못과 이곳으로부터 직선거리 150 m 정도 떨어진 위치에 인공연못이 조성되어 있었으며, 자연습지에서는 이전 연구(환경부, 2015)와 동일하게 집단 서식과 활발한 번식이 확인되어 번식과 확산에

대한 지속적인 모니터링이 이루어져야 할 것이다. 혼인지 내 두 지점은 붉은귀거북의 자연적 이동이 가능한 근거리로 인공연못에 서식하는 개체들이 혼인지 자연습지에서 자연적인 이주에 의해 서식할 가능성도 생각해 볼 수 있으나, 인공연못 둘레에는 약 1.5 m 높이로 돌담이 쌓여있어 자연적인 이동은 불가능한 환경이었기에 인위적인 방사에 의해 서식하게 된 것으로 판단된다.

환경면 청수리의 농로 옆에 위치한 웅덩이(J27)에서는 유체 1개체만 관찰된 지점으로 인근에는 붉은귀거북이 서식할만한 수계가 없었고, 주변은 과수원과 인가로 둘러싸인 지역으로 번식이나 자연이주에 의한 유입 가능성은 없다고 판단된다. 따라서 이 개체는 최근에 인위적으로 방생된 개체로 추정되며, 이는 여전히 불법 방사가 이루어지고 있음을 보여주는 결과이다.

연구를 통해 새롭게 확인된 붉은귀거북의 서식지들은 대부분 제주도 동부지역에 위치하였으며, 이 중 조천읍 와흘리 넓은못, 구좌읍 덕천리 모산이못, 종달리 저류지 등에서 붉은귀거북 유체가 다수 서식하고 있었기에, 해당 지점에서는 번식이 이루어지고 있다고 추정된다. 제주특별자치도 테크노파크 생물종다양성연구소는 2011년 모산이못에 멸종위기 야생생물 2급인 물장군을 방사한 바 있으며(제주녹색환경지원센터, 2013), 본 연구에서 순채와 물장군이 서식하는 것으로 확인되었기에, 외래거북의 서식으로 인한 피해가 예상되므로 보다 정밀한 습지생태계 현황 파악 및 보호를 위한 관리가 이루어져야 할 것이다. 또한, 제주도 동부지역에서 붉은귀거북 서식지가 새롭게 다수 확인된 만큼 향후 동부지역 습지들을 대상으로 외래거북의 서식에 대한 현황 파악과 번식 및 확산 연구가 필요하다고 판단된다.

제주도 붉은귀거북의 서식지 변화들을 종합해 보면, 제주지역환경기술개발센터(2006)의 보고에서 8개 지점이 확인된 이래, 2007년 15개 지점(오와 흥, 2007), 2015년 15개(국립생태원, 2015)와 16개 지점(환경부, 2015)으로 확인되었고, 본 연구에서는 41개 지점으로 확인되어 붉은귀거북의 서식지가 증가된 양상을 보였으며, 이러한 결과는 과거에 수행된 붉은귀거북의 서식 현황 연구들이 문헌 기록에 제시된 서식지를 중심으로 모니터링이 수행되어 대부분 조사 지역이 비슷했기 때문에 새로운 서식지를 발견하기에는 한계가 있었을 것으로 보인다. 그러나 본 연구는 제주녹색환경지원센터(2013)의 제주지역 내륙습지 D/B 구축 자료를 바탕

으로 제주도 전역의 습지를 조사 지역으로 설정하였기에 이전 연구들과 비교했을 때, 더 많은 서식지를 확인할 수 있었다고 판단된다. 제주도 내 붉은귀거북의 서식지 중 성체와 유체가 동시에 관찰된 21개 지점들에서는 대부분 이전 기록보다 개체수가 증가된 양상을 보였으며, 붉은귀거북의 거래금지가 15년이 지났음에도 불구하고 본 연구에서 붉은귀거북의 유체가 다수 발견된 결과는 인위적인 방생에 의한 유입이 아니라 서식지 내 번식 활동이 진행되고 있음을 보여주는 것이다. 따라서, 성체가 다수 관찰된 지점 및 유체와 성체가 동시에 발견된 지점에 대하여 번식 여부와 확산에 대한 연구가 지속적으로 이루어져야 할 것이며, 확산을 방지하기 위한 다양한 노력들을 기울여야 할 것이다.

2) 노란배거북의 분포지 변화

제주지역에서 노란배거북의 서식지와 개체수가 모두 증가된 양상을 보였다. 병덕못에서 관찰된 개체는 눈 측면으로 붉은귀거북의 형태학적 특징인 선명한 붉은색 줄무늬가 확인되어 붉은귀거북으로 동정하였기에 기존에 노란배거북 1개체가 서식하고 있는 것으로 보고된 결과(국립생태원, 2015)는 동정의 오류인 것으로 판단된다. 칠십리공원에서는 노란배거북 2개체의 서식이 보고된 바 있으며(국립생태원, 2015), 본 연구에서도 동일하게 확인되어 지금까지 번식은 이루어지지 않은 것으로 보여지나, 향후 번식 가능성은 완전히 배제할 수 없다. 이곳은 노란배거북 이외에 붉은귀거북도 다수 서식하고 있어 붉은귀거북속 내 잡종 형성 가능성이 있기에 교잡과 번식에 대한 지속적인 모니터링이 필요할 것으로 판단된다.

3) 중국줄무늬목거북의 분포지 변화

중국줄무늬목거북은 제주도 내 2개 지점에서 서식이 보고된 바 있으나(국립생태원, 2015; Koo *et al.*, 2020b), 본 연구에서는 7개 지점에서 12개체가 확인되어 중국줄무늬목거북 역시 서식지와 개체수가 급격한 증가 양상을 보였다. 국내로 유입된 중국줄무늬목거북은 붉은귀거북속의 모든 종들에 대한 수입과 유통이 전

면 금지되면서 정월대보름 방생용, 애완용 등 붉은귀거북의 대체 거북으로 수입되었다(국립생태원, 2018c; 한국외래생물정보시스템, 2020). 최근 인위적 방생으로 인한 자연생태계 내 발견 빈도가 증가하고 있으며, 국내에서는 이미 중국줄무늬목거북의 자연 유입과 정착이 확인되었다(이 등, 2016). 원서식지에서는 동면을 하지 않는 거북으로 알려져 있으나(Chung *et al.*, 2009), 국내 겨울철 야생에서도 생존이 가능한 것으로 보고되어(구와 송, 2020), 제주도에서 관찰된 개체들도 정착 및 번식이 충분히 가능할 것으로 예측된다. 남생이못, 한라도서관, 한라수목원, 봉우못에 서식하는 개체들은 성별이 다를 경우 번식의 가능성이 있기에, 해당 지점에서 개체수 확산에 대한 관리가 필요하다고 판단된다.

4) 북부붉은배거북의 분포지 변화

제주지역에서 북부붉은배거북의 서식지와 개체수가 모두 증가된 양상을 보였다. 연화못은 8개체가 집단으로 관찰되어 북부붉은배거북의 번식에 대한 조사가 필요해 보인다. 또한, 남생이못과 연화못에는 북부붉은배거북과 같은 속으로 분류되는 리버쿠터와 플로리다붉은배거북이 다수 서식하고 있어, 늪거북속 내 잡종형성으로 인한 외래거북의 유전적 오염도 우려되는 상황으로 번식과 교잡 형성에 대한 관리가 필요하다고 판단된다.

결론적으로 제주도 내륙습지 내 외래거북은 서식지, 개체수, 종다양도 등 모든 측면에서 증가된 양상을 보였으며, 현재 제주지역에는 외래거북의 유입과 정착이 빠른 속도로 증가하고 있다고 판단된다. 최근 중국줄무늬목거북과 리버쿠터(환경부, 2020b), 플로리다붉은배거북(환경부, 2020c)이 생태계교란 생물로 지정되어 수입과 사육이 금지되었다. 기존 사육자는 기준에 부합하는 사육시설을 갖추어 거주지역 지방환경청에 사육이행계획서를 제출하고 허가를 받아야 한다. 이러한 법적 조치는 절차가 까다롭고 복잡하여 사육자가 사육을 포기하고 야생으로 무단 방사할 가능성이 매우 높으며, 앞으로 더 많은 개체들이 국내 수계로 유입되어 서식할 것으로 예측된다. 외래거북류의 야생 유입으로 인해 수생태계에 많은 피해가 발생할 것으로 예상되는 바, 외래거북의 초기 유입을 막기 위한 선제적 대

응이 반드시 필요할 것이다. 따라서, 본 연구에서 확인된 지점들을 정밀조사 지역으로 선정하여 개체수 조절을 위한 포획과 함께 번식 여부, 먹이원, 수서생물 상, 외래거북의 서식 및 번식활동에 요구되는 다양한 조건 등에 대한 정밀한 연구가 수행되어야 할 것이다.

3. *CYTb*, *COI* haplotype 분석에 의한 모계 다양성 및 유입경로

1) 붉은귀거북 집단의 모계 다양성 및 유입경로

붉은귀거북 집단의 모든 haplotype들은 단계통적인 양상을 나타내어, 붉은귀거북 모계선조가 단일 모계에서 기원했다는 것을 알 수 있다. 또한, *T. scripta*의 아종인 붉은귀거북, 노란배거북, 콤버랜드가 계통수 상에서 붉은귀거북속의 종들과 독립적으로 분지된 양상은 세 아종들이 *T. scripta* 공통의 선조에서 유래한 동일 집단임을 나타내는 결과임과 동시에 mtDNA 분석만으로도 붉은귀거북속에서 종 수준의 분류가 가능하다는 것을 의미한다. *T. scripta*가 *T. gaigeae*와 가장 가까운 근연으로 분지된 양상은 두 종이 공통조상으로부터 분화되었다고 보고한 Parham *et al.* (2020)의 연구와 일부 연구자들(Seidel, 2002; Jackson *et al.*, 2008)이 제안한 북미지역 내 *T. gaigeae*와 *T. scripta* 종의 관계를 지지하는 결과라 하겠다.

붉은귀거북과 같은 외래종에 대한 분자유전학적 분석은 침입 경로와 개체군 수를 결정하는데 중요한 요소로 작용한다(Handley *et al.*, 2011). 계통수상에서 붉은귀거북의 *CYTb*, *COI* 유전자 서열의 haplotype들은 노란배거북과 공통조상으로부터 유전적 분화가 진행되어 분리된 집단인 것임을 보여주고 있다. 이는 붉은귀거북과 노란배거북이 mtDNA 분석에 차이를 보인다는 Fritz *et al.* (2012)의 연구와 동일한 결과이다. 한 가지 특이한 점은 HTC03, HTO01이 국내에서 보고된 콤버랜드 서열과 같은 분지상에 존재하는 것이다. 붉은귀거북은 본 서식지인 북미지역의 리오그란데강(Rio Grande)에서 미시시피강(Mississippi River) 하구까지 지리적으로 가장 큰 범위에 걸쳐 분포하며, 노란배거북은 동부 대륙에서 발생하지만, 붉은귀거북과 공유하는 서식지에서 잡종이 보고되기도 하였다(Mitchell, 1994;

Palmer and Braswell, 1995). 콤버랜드는 콤버랜드강(Cumberland River)과 테네시강(Tennessee River)이 원서식지로 미국 중동부 켄터키(Kentucky) 지역에서 붉은귀거북과 서식지가 중첩된다(Ernt and Jett, 1969). Parham *et al.* (2020)은 미국 동부지역의 형태학적 아종인 콤버랜드의 일부 개체가 붉은귀거북과 유전적으로 구별되지 않았으며, 또 다른 일부는 노란배거북과 형태적, 유전적으로 공유하고 있음을 보고하였다. 콤버랜드와 동일한 서열로 구분된 HTC03과 HTO01 개체들은 콤버랜드 서식지와 붉은귀거북의 서식지가 중첩되는 지역에서 접소성(parapatric)을 나타내는 붉은귀거북 집단이 수입되었을 가능성이 있다. 그러나 현재까지 학자들 사이에서 *T. scripta*의 아종에 대한 유전적 분석에 상이한 의견 차이들이 존재하여 (Jackson *et al.*, 2008; Fritz *et al.*, 2012; Parham *et al.*, 2020; Vamberger *et al.*, 2020), *T. scripta* 그룹에서 콤버랜드가 붉은귀거북 및 노란배거북과 아종으로 구분되는 분류체계에 대한 면밀한 검토가 필요할 것으로 판단된다.

모계유전을 하는 mtDNA haplotype의 다양성은 모계혈통의 다양성을 반영한다 (Oka *et al.*, 2007; Yue *et al.*, 2012). 특히, 단기간에 전 세계적으로 전파된 가축과 같이 다중모계와 짧은 이주 기간을 갖는 경우에는 다중이입에 의한 다양성 증가가 나타나며, 이러한 결과는 대부분 자연적인 이주보다는 인간 활동에 의한 인위적 이동의 원인으로 발생한다(Larson *et al.*, 2007, 2010). 제주도 붉은귀거북 개체들의 *CYTB*, *COI* 유전자 서열들은 여러 개의 haplotype으로 구분되어 제주도 개체들의 유입이 다중 도입(multiple introgression)에 적용되며, 다양한 모계의 붉은귀거북 집단이 여러 차례에 걸쳐 국내로 도입되었을 가능성이 있음을 의미한다. *CYTB* 서열은 5가지 haplotype으로 구분되어 제주도 붉은귀거북 집단의 모계는 적어도 5개 이상의 모계혈통에서 기원한 것으로 보이며, 국내에 서식하는 붉은귀거북은 번식을 제외하면 모두 수입된 개체들이라는 특성상, 적어도 5회 이상의 독립적인 유입이 있었던 것으로 추정된다. HTC03과 HTC04에 다양한 국가의 서열들이 미국에서 보고된 서열과 동시에 존재하면서 각각 분지하는 양상은 다수의 붉은귀거북이 1950년대 이후부터 남미 지역을 비롯하여 아프리카, 아시아, 오세아니아, 유럽 등 전 세계에 애완용과 식용을 목적으로 많은 거래가 이루어졌음 (Chen, 2006; Feldman, 2007; Perez-Santigosa *et al.*, 2008; Gonzalez *et al.*, 2018; Koren *et al.*, 2018)을 보여주는 결과이다.

HTC03, HTC04와 HTO04는 제주도 집단의 서열과 중국에서 보고된 서열이 포함된 그룹으로, 이는 제주도 집단이 중국을 중간 경유지로 이용하여 미국에서 중국으로 1차 수입된 이후, 중국에서 국내로 2차 수입이 이루어졌을 가능성도 생각해 볼 수 있으나, 붉은귀거북의 거래가 활발했던 1993년부터 2001년까지 거북류 수입의 97%가 미국에서 도입되었다는 보고(이 등, 2016)와 중국으로부터 대량 수입이 이루어진 시점이 2000년대 초반이며, 이 시기에는 붉은귀거북의 거래 금지가 시행되었다는 점에서 이러한 가능성은 매우 희박하다. 국내에서 보고된 붉은귀거북의 서열은 광주지역의 서열로, 이 서열과 제주도 서열은 HTC04로 동일하여 동일 모계 집단임을 알 수 있다. 분석에 이용한 국내 서열이 1개뿐이라는 점에서 전체적인 유입경로를 파악하기에는 한계가 있으나, 제주도 서열의 다양성 중 하나의 그룹에 국내 서열이 포함되어 분지하는 양상은 미국에서 수입될 당시 제주도를 거쳐 전국으로 유입되었을 가능성보다는 수도권을 중심으로 유입된 이후에, 국내 애완동물 시장 거래를 통해 제주도를 비롯한 각 지방으로 유입되었을 것으로 추정되며, 전라도 지역을 거쳐 제주도로 유입되었을 가능성도 있다. 이러한 유입과정에 대한 명확한 결론을 내리기 위하여 전국에 서식하는 다수의 붉은귀거북 mtDNA 유전자 서열에 대한 유전정보를 확보하고 추가 분석을 수행한다면, 국내에는 제주도 집단보다 훨씬 더 다양한 모계의 붉은귀거북 집단이 파악될 것으로 예상되며, 제주도 집단 및 국내 집단의 유입경로를 체계적으로 추적할 수 있을 것이다.

하나의 서식지에서 둘 이상의 haplotype을 갖는 개체들이 동시에 발견되는 것은 서식지 내 암컷-모계혈통들이 다수 존재함을 의미한다. 제주시 조천읍 남생이못에서 수집된 5개의 시료는 *CYTB* haplotype에서 HTC01(n=3), HTC02, HTC03으로 구분되었고, *COI* haplotype에서는 4개의 시료가 HTO01(n=3), HTO05로 구분되어 다양성을 나타냈으며, 현재 남생이못에는 다양한 모계집단이 서식하고 있는 결과로 해석된다. 제주시 어음리 돛배물에서 수집된 2개의 시료는 *CYTB*, *COI* 유전자 모두에서 동일한 haplotype으로 구분되어 HTC03과 HTO01로 분지하였으며, 이러한 결과는 자연생태계 내 거북류의 유입은 인위적인 방생에 의한 서식임을 감안할 때, 분석에 이용된 2개체가 같은 사육자에 의해 길러지던 동일 모계의 붉은귀거북이 돛배물로 방사되어 서식하게 된 개체인지, 서식지 내에서 동일 모

계의 번식에 의해 발생된 개체인지는 본 연구의 mtDNA 분석 결과만으로 단정지을 수 없다. 그러나 붉은귀거북 서식 현황 조사에서 돛배물은 성체와 유체가 동시에 확인되어 현재 번식이 이루어지고 있는 곳으로, 번식에 의한 결과일 가능성이 높아 보이나, mtDNA 분석 이외에 핵 DNA microsatellite (MS) 유전자형에 대한 분석이 추가적으로 수행된다면 보다 정확한 판단이 가능할 것이다.

2) 리버쿠터 집단의 모계 다양성 및 유입경로

리버쿠터 집단의 haplotype들은 독립적인 분지 양상을 나타내지 않아 유전적 분석을 이용하여 늪거북속 내 정확한 종 수준의 구분은 불가능한 것으로 판단되었다. 늪거북속은 미국 남동부에 널리 분포하는 거북류이나, 종 간 분류학적 관계는 현재까지도 불명확하다. Seidel (1994)은 형태학적 분석과 단백질 분석에 기초하여 늪거북속을 붉은배 집단과 쿠터 집단으로 구분하였고, Turtle Taxonomy Working Group (TTWG)은 리버쿠터 내 3개의 아종을 포함하여 9개 종으로 분류하였으며, 최근 많은 연구자들은 이 두 가지 분류를 바탕으로 붉은배 집단(*P. rubriventris*, *P. nelsoni*, *P. alabamensis*)과 쿠터 집단(*P. c. concinna*, *P. c. floridana*, *P. c. suwanniensis*, *P. peninsularis*, *P. texana*, *P. gorzugi*)으로 분류하여 공식화하였다(Spinks *et al.*, 2013; Rhodin *et al.*, 2017).

형태학적 분석에 의한 종의 분류(Seidel, 1994)와 유전적 분석(Jackson *et al.*, 2012; Spinks *et al.*, 2013)의 불일치는 이전에 인식되지 않았던 잡종 또는 유전적 침입을 보여주는 결과로 해석될 수 있다. 늪거북속 종들의 유전적 분석을 통한 분류가 현재 공식적인 분류체계와 일치하지 않는 결과는 시료 수집이나 방법적인 문제 이외에, 소수의 형태학적 진화 계통에 있어 지나친 분열이 원인이 된다(Spinks *et al.*, 2013). 제주도 리버쿠터 집단과 페닌슐라쿠터의 경우 형태학적 구분은 가능하였으나 늪거북속 내에서 유전적으로 구분되지 않은 분지 양상도 이에 상응하는 결과라 하겠다. 늪거북속은 현존하는 민물거북 중에서 비교적 큰 집단임에도 불구하고, 종 간 경계가 불확실하고 광범위하여 분류학적 혼란이 매우 높아(Seidel, 1994; Jackson, 1995; Jackson, 2008), mtDNA 분석 이외에 핵DNA의 추가적인 분석을 통한 종의 진화 및 분류학적 고찰이 필요할 것으로 보인다.

제주도 리버쿠터 집단의 *CYTb* 서열은 3가지 haplotype으로 확인되었고, *COI* 서열은 2가지 haplotype으로 구분되어 두 유전자 모두 모계혈통의 다양성이 확인되었으며, 수입 당시 적어도 3개 이상의 모계혈통에서 기원한 개체들이 유입된 것으로 추정된다. HPC04는 제주도 리버쿠터 4개체와 미국, 독일의 서열이 출현하는 haplotype이며, HPO02는 제주도 5개체와 미국의 서열이 포함되는 haplotype으로, 뉴멕시코, 텍사스, 플로리다, 메사추세츠 북부 등이 늑거복속의 원서식지임을 고려할 때, 미국 남동부에 서식하는 리버쿠터들이 다양한 국가들로 수출된 사실을 보여준다. 그러나, 본 연구에서 분석한 서열들이 매우 적었으며, 중간 경계가 불명확한 리버쿠터의 특성상 정확한 유입경로를 파악하기에는 한계가 있었다. 향후 다양한 국가들의 많은 유전적 정보들을 추가하여 분석이 수행된다면, 리버쿠터의 유입경로 및 유전적 다양성을 파악하는데 도움이 될 것으로 보인다.

3) 중국줄무늬목거북 집단의 모계 다양성 및 유입경로

제주도 및 중국, 대만, 독일, 미국에서 보고된 중국줄무늬목거북 *CYTb*, *COI* 유전자 서열의 모든 haplotype은 단계통적인 양상을 보여 중국줄무늬목거북 집단 전체가 공통 선조에서 유래한 동일종으로 판단된다. 본 연구에서 분석한 중국줄무늬목거북 집단이 남생이, *M. nigricans*, *M. japonica*와 근연관계를 보이며, 독립적으로 분지하는 양상은 Feldman and Parham (2004)의 연구 결과와 일치하는 결과이다.

COI 서열들의 단일 분지양상과는 다르게 *CYTb* 서열에서 3개의 haplotype으로 다양하게 분지된 결과는 제주도 집단이 단일 모계에 의해 형성된 집단이긴 하나, 모두 동일한 단일 모계선조에서 기원한 것이 아닌 국내로 수입되기 전, 공통 모계선조의 *CYTb* 서열의 유전적 분화에 의해 파생된 집단인 것으로 해석되며, 수입 당시 제주도 집단은 적어도 3개 이상의 모계혈통에서 기원한 것으로 보인다. 중국줄무늬목거북은 2000년대 초반 거래가 금지된 붉은귀거북을 대체하기 위해 국내에 수입된 거북류 중 하나로, 이 시기에 적어도 3회 이상의 독립적인 유입이 있었던 것으로 추측된다.

CYTb 서열의 계통 분지도 상에서 중국 서열이 미국과 독일의 서열과 가깝게 분지하였으며, 제주도 집단의 서열들도 대만 및 중국 서열들과 혼재하거나 근연

으로 분화되어 분지하고 있어, 중국과 대만의 집단이 세계 각국으로 전파되었다는 결과를 보여주는 것이라 할 수 있다. 또한, 1980년대 이후 중국의 경제 발전은 거북의 수요를 증가시켰으며, 중국과 대만의 애완동물 무역 거래를 통해 미국, 유럽, 아시아 지역으로의 거북류 수출이 증가했다는 보고들(Lau and Shi, 2000; Meng *et al.*, 2002)을 뒷받침해 주는 결과이기도 하다. HMC02와 가깝게 분지되는 미국, 독일의 haplotype이 대만, 중국, 제주도 집단이 분포하는 haplotype들과 다소 멀게 나타난 결과는 다양한 모계 집단이 존재하는 중국의 중국줄무늬목거북 집단에서 국내로 수입되는 경로와는 다른 경로로 유럽과 북미 지역에 수입되었을 것으로 추측된다.

HMC05는 제주도 2개체의 서열이 포함된 그룹으로 *CYTB*, *COI* 서열이 모두 동일하면서, 대만 서열인 HMC10에서 분화되어 나타나는 분지 양상으로 보아, 이 개체들은 대만의 동일 모계에서 발생된 개체들이 수입되어 애완동물 시장을 통해 동시에 제주도로 유입되었을 것으로 추정된다. 대만의 중국줄무늬목거북은 거북 농장에서 거북류의 번식에 필요한 개체로 이용하거나, 애완동물 거래, 인접 국가인 중국과의 불법 국경 무역과 밀수 등으로 야생 개체수가 급감하였다(Chen *et al.*, 2000). 중국 광저우에는 중국에서 가장 큰 애완동물 시장이 있고, 이 지역에서 대규모로 거북류의 무역 거래가 이루어지고 있으며(Lau and Shi, 2000; Shi *et al.*, 2008), 민물 거북에 대한 상업적 무역 활동의 대부분은 중국 본토와 관련된 아시아의 대규모 사업으로 알려져 있다(van Dijk *et al.*, 2000). 이는 대만과 중국 모두 중국줄무늬목거북의 원산지임에도 불구하고 두 국가 사이에서도 중국줄무늬목거북의 거래가 이루어지고 있다는 것을 보여주는 것이며, 앞서 언급한 내용들을 종합하면, 중국줄무늬목거북은 중국에서 대만으로, 대만에서 중국으로 유입되는 두 가지 가능성이 모두 존재하지만, 대만 지역의 개체들이 중국으로 유입되었을 가능성이 더 높아 보인다. 또한, 중국줄무늬목거북은 애완용, 식용, 전통 의학 등 중국의 높은 거북 수요를 충족시키기 위해 중국과 대만에서 대규모 번식을 위한 거북 농장이 운영되고 있다. 중국 내 거북 농장에서는 연간 180만 마리 이상의 중국줄무늬목거북이 사육되어 판매되고 있으며(Haitao *et al.*, 2008), 이러한 농장에서는 다양한 모계의 집단들이 존재할 가능성이 매우 크다. 본 연구의 계통 분지도 상에서도 제주도 집단을 포함, 중국과 대만의 집단들이 공통의 모계

선조로부터 HMC09가 단독으로 분지되었고, 나머지 haplotype들은 유전적 분화가 조금씩 진행되며 분지되는 양상을 보였다. 따라서 제주도 집단이 중국 및 대만 집단과 근연으로 분지되는 양상과 앞서 언급한 중국과 대만 사이의 거래를 고려한다면, 두 국가의 모계가 동시에 유입되었다고 판단된다. 향후 중국줄무늬목거북의 원서식지인 중국, 대만, 베트남 집단과 전국에 서식하는 중국줄무늬목거북의 다양한 mtDNA 서열들을 확보하여 비교한다면, 제주도 집단의 유입경로를 조금 더 명확하게 확인할 수 있을 것이다.

제주도에 서식하는 외래거북은 다양한 haplotype들이 출현하여 유전적 다양성이 확인되었으며, 이러한 결과는 제주도 내 외래거북이 진화의 과정을 거칠 만큼 아주 과거에 도입된 개체들이 아닌, 1970년대 이후 매우 짧은 기간 동안에 다양한 모계혈통들이 수입된 개체들임을 보여주는 것이다. 리버쿠터는 늑거북속 내 종 간 경계가 모호하여 mtDNA 분석으로 종 수준의 판별은 불가능하였으나, 늑거북과에서 속의 구분은 가능하였다. 붉은귀거북과 중국줄무늬목거북은 각각 독립적으로 분지되어 나타났으며, 이러한 결과는 모계유전을 하는 mtDNA 정보만으로도 붉은귀거북속, 남생이속에서 종의 구분이 가능함을 의미한다. 심 등(1990)은 몸의 크기와 체색 등 형태학적 기준에 의해 아종으로 분류되었던 제주관박쥐 (*Rhinolophus ferrumequinum quelpartis*)를 DNA 시료의 제한절편 길이다형성 (restriction fragment length polymorphism) 분석을 통해 다른 지역의 관박쥐와 동일 종임을 제시하였고, Han and Oh (2018)는 사수도에 서식하는 매(*Falco peregrinus*)의 먹이원을 확인하기 위하여 비침습적 mtDNA *CYTB*, *COI* 유전자 분석을 수행하였으며, DNA 기반 분자유전학적 방법이 새의 먹이원에 대한 종을 식별하는데 유용한 방법임을 결론지었다. 이 밖에도 종 간, 집단들 사이의 계통 유연관계 분석과 잠재종(cryptic species) 식별을 위한 분자 종 동정(molecular identification), 분자유전학적 분석을 이용한 친자확인, 멸종위기종과 외래종의 종 판별 등 유전적 분석을 이용한 다양한 연구들이 수행되고 있다(von Helversen *et al.*, 2001; Mayer *et al.*, 2007; Kim *et al.*, 2010; Stein *et al.*, 2014; 안, 2014; 한 등, 2015; Thomas *et al.*, 2016; 이 등, 2020). 침입외래종을 관리하기 위해서는 해당 종의 신속한 조기 탐지가 중요하며, 신뢰할 수 있는 정보를 통한 식별이 필요하지만, 기존의 형

태학적 접근 방식은 이용 가능한 전문 지식, 시간, 표본의 조각화, 종의 형태학적 유사성 또는 초기 종자나 유생 단계에서의 불확실한 확인 등에 의해 제한되는 경우가 많다. DNA 시퀀싱 기술은 이러한 한계를 극복할 수 있으며, 대부분의 종들을 식별하는데 신뢰할 수 있는 정보를 제공할 수 있다(Darling and Blum, 2007). DNA 바코드는 이 기술의 적용을 위한 표준화된 접근 방식과 보편적인 운영 체계를 제공하며, 최소한의 서열 정보를 이용하여 빠르고 저렴한 가격으로 형태학적으로 유사한 종을 확실하게 구별하고 대량 환경시료에서 종을 분리하는데 사용된다(Hebert *et al.*, 2003; Stein *et al.*, 2014). 이번 연구에서는 다양한 국가의 서열 비교를 통하여 haplotype의 다양성을 확인할 수 있었고, haplotype의 분지 양상으로 유입경로를 추적할 수 있었다. 그러나, 자연생태계로의 인위적 유입과 번식을 명확하게 규명하기 위해서는 핵 DNA에 대한 분석이 필요할 것으로 보인다. mtDNA와 핵 DNA microsatellite (MS) 유전자형 분석을 이용한 계통 유연관계의 분석은 외래거북의 종의 판별, 서식 현황 및 번식 등 외래거북의 연구 분야에 정확하고 과학적인 정보를 제공할 수 있다. 본 연구에서 분석한 제주지역 외래거북 집단에 대한 분자유전학적 결과와 데이터는 외래거북류의 모계계통을 파악하고, 유입경로를 추적하여 사전에 이입경로를 차단하기 위한 자료로 활용될 수 있을 것이다.

4. 제주지역에서의 외래거북의 관리방안

섬은 독특한 생물다양성을 보유하고 있는 생태계로 섬과 주변 연안에는 지구상에서 매우 드문 희귀생물들이 많이 서식하고 있으나, 과거 100여 년간 섬 생물다양성은 서식지 변화, 외래종의 유입, 기후변화와 오염으로부터 급속하게 변하고 있다(홍, 2014). 도서지역에 서식하는 대부분의 동물들은 포식자가 없는 환경에서 오랜 기간 동안 생태적 진화를 거쳤기 때문에 포식자 회피능력이 결여되어 있으며, 내륙에 서식하는 동물에 비해 번식능력이 낮은 이유로 다른 종과의 경쟁에 불리하게 작용한다. 또한, 강력한 육식 외래종의 침입에 의해 도서고유종이 압박되는 경우도 발생하며, 개체군 내 유전적 다양성이 낮은 경우가 많아 교배가

가능한 생물종의 유입으로 도서종과의 교잡이 일어나기도 하며, 외래의 병원체와 기생충의 침입으로 생물이 절멸하는 상황도 발생한다(제주지역환경기술개발센터, 2006). 전 세계적으로 생물다양성이 위협받고 있으나, 대륙보다는 도서지역과 그 연안에서 훨씬 더 많은 생물들이 멸종하고 있으며, 멸종 이유 중 가장 대표적인 것은 외래종의 유입이다(Whittaker, 1998; 홍, 2014). 시간이 지남에 따라 외래종이 섬 생태계에 미치는 영향은 더욱 증가할 것으로 예상되기에, 도서지역에서의 외래종 유입과 침입·확산 발생, 현황 파악 및 외래종 유입에 따른 영향 등을 포함한 모든 지표들은 지속적으로 수집되어 관리가 이루어져야 한다(Russell *et al.*, 2017).

지금까지 국내에서 외래종의 관리는 지역별 특성과 외래생물의 생태적 특성 등을 고려하지 않은 일률적인 모니터링 기법을 적용하여 기존에 유입된 외래생물 제거사업 및 단속과 같은 사후대응으로 관리되어져 왔다. 또한, 생태계교란 생물 퇴치작업은 지역별 관할 지방 환경청에서 직접사업으로 추진되었으나, 전담 관리인력의 부족, 지역의 세부특성 파악 미흡, 사업대상 지역 관할 지자체와의 협력 미흡 등 많은 한계점이 있었다(환경부, 2019b).

제주도는 2002년 유네스코(United Nations Education Scientific Cultural Organization, UNESCO) ‘생물권보전지역(Biosphere Reserve)’으로 지정된 독특하고 다양한 생물종이 서식하는 도서지역으로 외래생물이 자연생태계로 유입되는 등 많은 환경 변화로 인해 외부 위협에 취약한 고유 생물종이 멸종될 위기에 처할 수 있는 가능성이 매우 높다(Vitousek, 1988; Tershy *et al.*, 2015; Bellard *et al.*, 2016). 외래종의 확산으로 인한 생태적 영향이 큰 도서지역과 생태경관보전지역 등에서는 즉각적 관리계획을 수립하여 시행하는 적극적인 대응이 필요하다(이 등, 2016). 따라서, 외래종 이입에 따른 제주지역 실정에 적합한 관리방안을 수립하는 것이 반드시 필요하며, 제주지역에 이입되어 자연생태계에 서식하는 외래거북 및 외래종을 효과적으로 관리할 수 있는 몇 가지 방안을 제시하고자 한다.

1) 외래거북의 서식 현황 파악

외래거북의 주요 서식지 및 생태계교란 생물로 지정된 거북류의 출현 지점에 대해서는 별도의 정밀조사가 필요하며, 거북류가 다수 관찰되거나 번식이 이루어

지는 장소에서는 장기간 모니터링을 통해 개체수 변화 추이를 조사하거나 퇴치 사업을 실시하여 효과성 분석을 수행할 필요가 있다(환경부, 2019b). 제주도에 유입되어 서식하는 외래거북의 정보는 꾸준히 축적되어 연계성을 갖춘 관리가 필요하다. 본 연구를 통해 확인된 서식지를 중점조사 지역으로 선정하여 매년 정밀 조사를 실시하고, 제주도 전역에 분포하는 내륙습지 조사를 3-5년마다 실시하여 외래거북의 유입과 확산에 대한 지속적인 모니터링이 이루어져야 할 것이다. 여러 연구진에 의한 모니터링 조사의 대부분은 연속성이 결여되어 일회적 조사에 그치고 있으며, 그에 따른 관리방안과 대책들도 체계적으로 이루어지지 않고 있기에, 처음부터 지역 전문가 및 양서·파충류 전문인력 연구진을 구성하여 표준화된 방식을 갖춘 일관성 있는 모니터링 수행 및 외래거북의 서식 현황 정보가 지속적으로 누적·관리되어야 할 것이다. 제주시 동부지역에서 새롭게 확인된 지점인 제주시 구좌읍 덕천리 모산이뚝, 웃뚝, 종달리 저류지, 조천읍 대흘리 대흘뚝, 와흘리 넓은뚝, 서귀포시 성산읍 온평리 혼인지 생태연못, 삼달리 미와미뚝 등에서는 지속적인 조사를 통하여 외래거북의 종류 및 개체수 등 서식 현황을 면밀하게 조사할 필요가 있다. 특히, 모산이뚝에서는 멸종위기 야생생물 2급인 순채와 물장군이 서식하는 곳으로 다수의 붉은귀거북 유체 및 성체가 확인되었기에 습지생태계 전반에 대한 조사가 반드시 필요하다.

2) 외래거북의 개체수 조절

제주지역 내 외래거북의 포획 및 퇴치 작업의 필요성이 여러 차례 제시된 바 있다(오와 흥, 2007; 국립생태원, 2015; 환경부, 2015). 외래 양서·파충류는 대부분 수생태계의 최상위 포식자로 국내 생태계에는 개체군을 조절할 천적이 존재하지 않으며, 특히 외래거북류의 경우 수명이 10년 이상으로 매우 길고, 수생태계에 지속적인 영향을 끼치고 있어 포획을 통한 인위적인 제거가 유일한 방제 방법이다(환경부, 2020a). 붉은귀거북속, 늪거북속 등 늪거북과 거북들은 물가의 모래나 흙을 파고 산란하기 때문에 산란기인 4-7월에 산란지를 중심으로 알 또는 개체를 포획하거나, 주 활동시기인 6-8월에 집중포획을 실시하는 것이 효과적이다(환경부, 2007; 이 등, 2016). 또한, 거북이 전용 포획트랩을 주기적으로 운용하여 개체

밀도를 조절하거나, 물 밖의 바위와 나무 위에서 일광욕을 하는 거북류의 생태적 특징을 이용하여 일광 지점을 중심으로 투망을 이용한 포획을 실시할 수 있으며, 수초와 수련 등이 발달한 곳에서는 통발이나 낚시, 뜰채 등을 이용하여 포획할 수 있다. 발견되는 개체수가 많고 구체 지역이 광범위한 경우에는 정부의 수매 및 퇴치사업으로 효과를 볼 수 있으나, 늑대거북이나 악어거북 등 인간에게 해를 끼칠 수 있는 종의 서식이 확인될 경우에는 포획 당시 발생할 수 있는 위험성이 있기에 관련 기관에 신고하여 포획하는 것이 바람직하다(이 등, 2016).

본 연구에서 외래거북의 종다양도가 높았던 남생이못, 연화못, 천지연폭포와 붉은귀거북의 성체와 유체가 다수 확인된 지점인 모산이못, 종달리 저류지, 넓은 못, 한라수목원, 돛배물, 여뀌못, 봉우못, 남문앞못, 혼인지못 등에서는 번식이 활발하게 이루어지는 곳으로 향후 개체수가 증가하여 확산될 우려가 있어 종의 생태적 특징을 파악한 후 전문인력을 동원하여 포획을 통한 개체수 관리가 시급하게 이루어져야 할 것이다. 또한, 남생이못, 대홀못, 마이못, 연화못, 칠십리공원, 천지연폭포, 광지못, 미와미못 등 붉은귀거북속 내 잡종형성 가능성이 있는 종들이 다수 서식하고 있는 지점들과 남생이못, 돛배물, 연화못 등 늑대거북속 내 잡종형성이 가능한 종들의 서식이 확인된 지점들은 잡종으로 인한 유전적 오염이 우려되는 상황으로 번식과 확산을 막기 위한 관리가 이루어져야 한다. 환경면 지역과 대정읍 지역에서는 농수로에 의해 연결되어 있거나 주변 농경지와 인접한 지역의 연못과 저류지 등을 대상으로 자연 확산에 대한 모니터링이 필요하다. 이러한 관리를 위해서는 암컷 위주의 포획을 통하여 산란을 막거나, 산란지를 중심으로 알을 제거하여 번식을 방해하는 등 직접적인 관리가 방법이 된다. 또한, 추가적인 방사로 인한 확산을 막기 위하여 일반인들도 종을 정확하게 구분할 수 있도록 종의 생태적 특징을 설명하는 현수막 또는 입간판 설치를 통한 방사 금지 안내 등 간접적인 방법도 병행되어야 할 것이다.

3) 외래거북의 분자 종 동정 및 환경유전자 분석

국내에 도입된 외래거북은 총 9과 73종으로 알려져 있으며(이 등, 2016), 이 중 자연생태계에서 확인되는 거북류의 종은 해마다 증가하고 있다. 연구를 통해서

제주지역에서는 4과 6속 11종의 외래거북이 확인되었으며, 외래거북의 종류와 개체수가 증가하는 양상으로 확인되지만, 관찰되는 개체의 종 동정이 불가능한 경우가 발생하여(국립생태원, 2015), 외래거북의 현황 파악에 방해 요인으로 작용하고 있다. 따라서, 분자유전학적 방법으로 불분명한 개체들의 종을 명확하게 동정하고, 잡종을 판별하는 것이 필요하다. eDNA 분석은 다양한 생물들이 환경과 상호작용하면서 점액, 대변, 피부, 털, 사체, 기타 분비물 등이 생물이 서식하는 환경에 축적되었을 때, 그 안에 존재하는 환경시료를 이용하여 genomic DNA를 추출·분석하는 방법으로 멸종위기종의 모니터링, 침입외래종의 탐지를 위한 연구들에 이용된다(Ficetola *et al.*, 2008; Taberlet *et al.*, 2012; Gargan *et al.*, 2017; Adams *et al.*, 2019; Freshwater Habitat Trust, 2021). 최근에는 양서·과충류의 멸종위기종과 외래종의 서식 실태 파악에 eDNA 분석이 수행되고 있으며, 이러한 연구 방법의 효과성도 입증되었다(Dejean *et al.*, 2012; Olson *et al.*, 2012; Davy *et al.*, 2015; Feist *et al.*, 2018; Akre *et al.*, 2019; Kirtane *et al.*, 2019).

일반적인 거북류 조사에서 시각적 또는 물리적 탐지율은 생물종, 조사 방법 및 조사지 상황에 따라 결과에 차이를 보인다(Browne and Hecnar, 2007; Davy and Fenton, 2013). 외래거북 조사는 계절과 날씨에 많은 영향을 받기 때문에 일조량이 적거나 거북류의 동면 시기에는 조사가 불가능하고, 예민한 거북류의 특성상 포획의 어려움도 발생한다. 실제 조사에서는 외래거북의 탐지에 시간과 노력이 매우 많이 필요하며, 몇 시간의 집중적인 목견 조사와 추적 조사를 실시함에도 불구하고, 일부 종은 서식이 확인되지 않을 수도 있어 결과적 오류를 범할 수 있다. eDNA 분석은 계절과 날씨의 영향을 거의 받지 않으며, 외래거북을 직접 관찰하지 않아도 서식 여부와 종의 분포에 대한 모니터링이 가능하다. 대상 종의 풍부도, 유속, 자외선, 온도, pH 등 다양한 요인들이 eDNA 분석에 영향을 미칠 수 있으며, 서식지에 따라 분석 결과에 차이를 보이지만(Goldberg *et al.*, 2011; Stephen *et al.*, 2014; Wilson *et al.*, 2014; Thomsen and Willerslev, 2015), 서식 범위가 넓은 강, 호수, 바다 보다는 작은 연못에 사는 생물에서 검출되기 쉽다(Keele and Hosler, 2016). 연구를 통해 확인된 제주지역 외래거북의 서식지는 일부 대형 저수지를 제외하면 대부분 면적이 협소하고 유속이 느리거나 정체되어 있는 연못이었으며, 이러한 지점들에서는 eDNA 분석 방법이 외래거북의 서식 현황을 연

구하는데 효과가 높을 것으로 판단된다. 본 연구에서는 mtDNA *CYTB*, *COI* 유전자 분석과 서열의 유사도 확인을 통해 붉은귀거북과 중국줄무늬목거북의 종 동정이 가능하였다. 제주지역에 서식하는 외래거북의 종 특이적 primer를 제작하여 eDNA 분석 연구를 수행한다면 과학적인 방법으로 외래거북 서식 현황 파악에 있어 정확도를 크게 향상시킬 수 있을 것이다. 이러한 방법은 제주도 내 외래거북을 탐지하고 종을 식별하는데 명확하고 충분한 결과를 확보할 수 있을 것이며, 외래거북의 유전적 정보 축적으로 체계적이고 과학적인 관리가 이루어질 것이라 판단된다.

4) 외래거북의 유입과 유통 관리

외래종의 유입경로에 기초한 관리는 외래종으로 인한 피해가 유발되는 서식지 보전, 사전예방과 같은 근본적인 문제를 해결하기 위한 방법으로 이용될 수 있어 훨씬 더 포괄적으로 관리가 가능하다(Wittenberg and Cock, 2001). 그러나 과거에 유입된 외래종의 유입경로에 대한 공식적인 기록이나 보고가 거의 없으며, 최근에 발생하는 외래종의 유입도 여전히 체계적으로 문서화되어 있지 않는 문제점이 지적되었다(한국환경정책·평가연구원, 2004). 붉은귀거북이 생태계교란 생물로 지정됨에 따라 이와 생태적·생물적 특성이 유사한 규제대상에 포함되지 않은 쿠터류 거북의 반입이 증가하는 등 최근에는 제도의 미비점을 이용한 법적 관리대상종의 유사종을 반입하는 의도적인 유입이 증가하고 있다(환경부, 2019b).

거북류는 잡종과 유전자 침입(introgression), 집단 내 분자적 진화속도의 감소로 인한 낮은 정보 등 분류학적으로 문제가 있는 많은 종들이 존재하며(Shaffer *et al.*, 2013), 이처럼 종의 구분이 불명확한 계통발생학적 구조를 보이는 집단이나 잠재적 이종 교배를 포함하는 그룹의 유입은 생태계 내에서 많은 문제들이 발생하기에(Spinks *et al.*, 2013), 특별한 관리가 요구된다. 늪거북속은 ‘노던 레드벨리’, ‘플로리다 레드벨리’, ‘레드벨리 쿠터’, ‘플로리다 리버쿠터’ 등 국명이 매우 다양한 것으로 확인되어, 정확한 종을 구분하는데 어려움이 있으며(국립생태원, 2019), 사육자들도 자신이 애완거북으로 사육하는 종에 대한 정보를 알지 못한 상태로 사육하는 경우도 빈번하게 발생한다. 이러한 문제들을 해결하기 위해서는

유입경로와 유통과정에 대한 정확한 정보가 수집되어 관리되어야 할 것이다. 외래거북의 종명, 성별, 원산지, 구매처 등 모든 관련 정보에 대한 문서화, 판매자 및 구매자의 인적사항을 모두 기재하여 전산에 등록하는 등 체계적인 시스템을 구축하는 방안을 마련해야 할 것이다.

제주지역은 해외에서 직접적인 수입에 의해 거북류가 유입되는 경우는 없으며, 국내 애완동물 시장 거래를 통해 내륙지역으로부터 유입된다. 따라서, 제주도 자체적으로 거북류에 대한 유통과정을 강화하고, 일부종에 대해서는 도입을 제한할 필요가 있다. 본 연구에서는 외래거북의 서식 현황 파악을 통해 잡종 형성이 가능한 종들이 함께 서식하는 다수의 서식지를 확인하였다. 현재까지 생태계교란 생물로 지정되지 않은 늪거북속, 남생이속 일부종의 유입은 다양한 원인들에 의해 인위적으로 자연생태계에 유출될 가능성이 있으며, 이는 이미 제주지역 수계에 서식하는 종들과 함께 잡종형성과 확산 등 2차적인 문제를 초래할 수 있기에, 제주지역으로 이러한 종들의 유입을 엄격하게 제한하고 통제할 필요가 있다. 본 연구에서는 제주지역 수계에 서식하고 있는 외래거북의 mtDNA *CYTB*, *COI* 서열의 haplotype 분석을 통하여 유입경로 파악이 이루어졌다. 이는 분자유전학적 분석으로 유입경로에 대한 정확한 정보가 없는 외래거북의 유입경로를 추정할 수 있음을 의미한다. 따라서, 외래거북의 판매 및 유통에 대한 체계적인 관리와 자연생태계에 서식하는 개체들에 대한 유입경로 파악이 이루어져야 할 것이며, 이를 토대로 사전 유입 관리 체계를 강화한다면 제주지역으로 유입된 개체들의 자연 유출을 방지하기 위한 선제적 대응방법이 될 것이다.

외래종으로 발생하는 문제는 종 그 자체의 문제라기보다 인간의 활동에 의해 발생하거나 확산되고 있다는 점에서부터 시작해야 한다(환경부, 2006). 앞서 제시한 제주지역 실정에 적합한 관리방안을 바탕으로 국가 기관의 적극적인 대처와 관리, 대국민 홍보 및 교육을 통한 대중의 참여, 과학적인 기술에 대한 투자 등 모든 유관 기관의 연계성을 확보한 통합적인 시스템이 갖춰진다면, 외래거북을 비롯한 침입외래종의 위협에 대한 사전 예방과 통제, 고유종에 미치는 부정적인 영향 등을 해결하고, 제주지역 생물다양성을 보전하는데 크게 기여할 수 있을 것이다.

V. 적요

본 연구는 2015년 3월부터 2020년 11월까지 제주도 내륙습지에 대한 현장조사를 수행하여 외래거북의 분포 특성을 조사하고, 분자유전학적 분석을 통한 종 동정 및 유입경로를 파악함과 동시에, 제주지역 실정에 적합한 외래거북의 관리방안을 제시하기 위하여 이루어졌다.

제주도 습지에서 현장조사를 수행한 결과, 46개 지점에서 4과 6속 11종의 붉은귀거북(*Trachemys scripta elegans*), 노란배거북(*T. s. scripta*), 콤버랜드(*T. s. troostii*), 리버쿠테(*Pseudemys concinna*), 페닌슐라쿠테(*P. peninsularis*), 플로리다붉은배거북(*P. floridana*), 북부붉은배거북(*P. rubriventris*), 동부비단거북(*Chrysemys picta picta*), 중국줄무늬목거북(*Mauremys sinensis*), 중국자라(*Pelodiscus sinensis*), 아마존노란점거북(*Podocnemis unifilis*) 등 총 258개체의 서식이 확인되었다. 붉은귀거북은 41개 지점에서 182개체(70.54%)가 관찰되어 가장 넓게 분포하고 있었으며, 그 다음 리버쿠테(10.07%), 중국줄무늬목거북(4.65%)과 북부붉은배거북(4.65%)의 순으로 관찰되었다. 지역별 외래거북의 서식이 확인된 지점은 제주시 32개 지점, 서귀포시 14개 지점이었다. 제주시 조천읍에서는 6개 지점에서 8종 40개체의 외래거북이 관찰되었고, 애월읍의 6개 지점에서 7종 54개체가 관찰되어 조천읍과 애월읍에서 종다양도가 높게 확인되었다. 제주도 내 외래거북은 서식지, 개체수, 종다양도 등 모든 측면에서 증가된 양상을 보였으며, 현재 제주지역에는 외래거북의 유입과 정착이 빠른 속도로 증가하고 있다고 판단된다. 외래거북의 서식지 유형은 연못, 저수지, 하천, 웅덩이, 오름분화구 습지로 확인되었으며, 연못(76.09%)의 비중이 가장 높았다. 이곳에는 거북류의 서식에 반드시 필요한 일광욕과 은신처로 이용할 수 있는 바위 및 다양한 습지식물이 잘 구성되어 있어 외래거북의 정착이 쉽게 이루어질 것이 예상된다.

제주도 외래거북 집단의 mtDNA 유전자 서열을 분석한 결과, 28개 *CYTB* 서열들 중 16개체는 붉은귀거북 서열과 99.91-100% 유사하였고, 8개체는 늪거북속 종들과 99.82-100% 유사하였으며, 4개체는 중국줄무늬목거북과 99.73-100% 유사한 것으로 확인되었다. 26개 *COI* 서열들 중 14개체는 붉은귀거북 서열과

99.61-100% 유사하였고, 8개체는 늑거북속 종들과 일치하였으며, 4개체는 중국줄무늬목거북과 일치하는 것으로 확인되어, 각각 붉은귀거북, 늑거북속, 중국줄무늬목거북으로 유전적 종 동정이 가능하였다. 붉은귀거북과 중국줄무늬목거북은 단계통적인 양상을 보였다. 제주도 붉은귀거북 집단의 *CYTB* 서열은 5가지 haplotype (HTC01-04, HTC06)으로 구분되어 5개 이상의 모계혈통에서 기원한 개체들의 유입된 것으로 추정된다. 또한, 일부 서열이 국내에서 보고된 서열과 동일하여 이 개체들은 동일 모계 집단이며, 국내로 수입된 이후, 제주지역으로 유통된 것으로 판단된다. 제주도 리버쿠터 집단의 *CYTB* 서열은 3가지 haplotype (HPC01, HPC03, HPC04)으로 구분되었고, *COI* 서열은 2가지 haplotype (HPO01, HPO02)으로 구분되어 모계혈통의 다양성이 확인되었으며, 수입 당시 적어도 3가지 이상의 모계혈통에서 기원한 개체들이 유입된 것으로 보인다. 제주도 중국줄무늬목거북 집단의 *COI* 서열은 모두 동일하였고, *CYTB* 서열은 3가지 haplotype (HMC02-HMC04)으로 구분되었다. 이러한 결과는 제주도 집단이 단일 모계에 의해 형성된 집단이긴 하지만, 국내로 수입되기 전에 공통 모계선조의 *CYTB* 서열의 유전적 분화에 의해 파생된 집단이 유입된 것으로 해석된다. 제주도 외래거북 집단의 서열들과 미국, 중국, 대만, 독일 등 다양한 국가에서 보고된 서열들이 계통수 상에서 혼재하며 분지하는 양상은 붉은귀거북, 리버쿠터, 중국줄무늬목거북이 원서식지 내에서 국내를 포함한 다양한 국가로 수입이 이루어졌음을 보여주는 결과라 판단된다.

제주지역에 서식하는 외래거북의 효과적인 관리를 위해서는 외래거북의 서식 현황 파악을 위한 지속적인 모니터링을 수행해야 한다. 해당 종의 생태적 특징을 고려한 포획과 개체수 조절이 필요하며, 분자유전학적 분석을 통한 명확한 종 동정이 이루어져야 할 것이다. 제주도 자체적으로 거북류에 대한 유통과정을 강화하고, 현재 제주도 수계에 서식하는 종과 교잡이 가능한 일부종에 대해서는 도입을 제한해야 한다. 외래거북의 유입과 유통에 대한 체계적인 관리 시스템 마련하여 유입 관리 체계를 강화한다면, 자연 유출 방지에 선제적 대응이 가능할 것이다.

본 연구의 결과들은 제주지역 외래거북류의 서식 현황 연구 및 유입경로 파악에 정확하고 과학적인 기초자료를 제공할 수 있으며, 향후 제주지역 외래거북 집단의 효과적인 관리를 위한 방안으로 활용될 것이 기대된다.

VI. 참고문헌

- 구교성, 권세라, 도민석, 김수환. 2017. 국내 야생에서 발견되는 외래거북류의 분포 특성. 한국하천호수학회, 50(3): 286-294.
- 구교성, 박혜린, 최재혁, 성하철. 2020. 한국 온라인 펫샵에서 거래되는 외래 양서파충류 현황. 한국환경생태학회지, 34(2): 106-114.
- 구교성, 백혜준, 김수환, 장환진, 김대인, 성하철. 2019. 국내로 유입된 외래생물 붉은귀거북(*Trachemys scripta elegans*)의 자연적인 이동 첫 보고. 한국하천호수학회, 52(1): 9-12.
- 구교성, 성하철. 2019. 제주도에 서식하는 붉은귀거북(*Trachemys scripta elegans*) 번식에 중요한 환경적인 요소 분석. 한국하천호수학회, 52(4): 378-384.
- 구교성, 송재영. 2020. 국내로 유입된 외래거북들의 겨울철 생존 및 체중 변화에 대한 사례 연구. 한국양서파충류학회, 11: 30-34.
- 구본학. 2018. 습지생태학. 도서출판 조경.
- 국립생태원. 2014a. 생태계교란생물 모니터링(I). 189pp.
- 국립생태원. 2014b. 외래생물 정밀조사(I). 101pp.
- 국립생태원. 2015. 외래생물 전국 서식실태 조사(I). 342pp.
- 국립생태원. 2016a. 생태계교란생물 모니터링(III). 152pp.
- 국립생태원. 2016b. 외래생물 전국 서식실태 조사(II). 516pp.
- 국립생태원. 2016c. 외래생물 정밀조사(III). 154pp.
- 국립생태원. 2017a. 외래생물 전국 서식실태 조사(III). 671pp.
- 국립생태원. 2017b. 외래생물 정밀조사(IV). 123pp.
- 국립생태원. 2018a. 생태계교란생물 모니터링(V). 149pp.
- 국립생태원. 2018b. 외래생물 전국 서식실태 조사(IV). 705pp.
- 국립생태원. 2018c. 외래생물 정밀조사(V). 89pp.
- 국립생태원. 2019. 외래생물 정밀조사(VI). 100pp.
- 국립환경과학원. 2010. 생태계교란종 모니터링(IV). 208pp.

- 김동언. 2018. 국내 생물다양성 위협 외래생물의 관리제도 및 개선방향. 환경영향평가, 27(1): 33-55.
- 김은영, 송원경, 윤은주, 정예진. 2016. 침입교란종 개념 정립 및 영향요인 고찰. 한국환경복원기술학회지, 19(1): 155-170.
- 김필재, 연수정, 안현주, 김수환, 이효혜미. 2020. 법적지정 생태계교란생물의 사육 현황과 관리 개선 방안-리버쿠터와 중국줄무늬목거북을 중심으로. 응용생태공학회, 7(4): 388-395.
- 동북아생물다양성연구소. 2020. 한반도관속식물목록.
- 박선미, 오홍식. 2021. 제주 넓은못 습지에서 관찰된 아마존노란점거북 (*Podocnemis unifilis*)의 국내 첫 서식 보고. 한국습지학회, 23(2): 116-121.
- 박일국, 이경원, 정지현, 이현빈, 구교성. 2020. 국내 야생에서 처음 발견된 외래종, 서부비단거북(*Chrysemys picta bellii*)의 관찰 사례 보고. 한국환경생물학회, 38(1): 16-20.
- 식품의약품안전청. 2004. CITES 멸종위기에 처한 야생동식물종의 국제거래에 관한 협약. 70pp.
- 심재한, 백남극, 장서영. 1990. 한국산 관박쥐속(*Rhinolopus*) 2아종의 계통분류학적 연구. 인하대학교 기초과학연구소논문집, 11: 131-142.
- 안나현. 2014. 제주도와 한국 내륙에 서식하는 관박쥐(*Rhinolophus ferrumequinum*)의 유전자 다양성 및 보존: *cytochrome b* sequence analysis. 충북대학교 대학원. 석사학위논문.
- 오홍식, 박선미, Pradeep Adhikari, 김유경, 김태욱, 한상현. 2017. 침입외래종 붉은귀거북의 제주도 내 분포 및 현황. 한국환경생물학회, 35(1): 57-63.
- 오홍식, 홍창의. 2007. 제주도에 이입된 황소개구리 황소개구리(*Rana catesbeiana*)와 붉은귀거북(*Trachemys scripta elegans*)의 서식실태 및 관리방안. 한국환경생태학회지, 21: 311-317.
- 윤익준. 2011. 외래종 규제 및 피해구제에 관한 법적 연구. 한양대학교 대학원. 박사학위논문.
- 이도훈, 김영채, 장민호, 김수환, 김동언, 길지현. 2016. 외래거북의 국내 현황 및 관리방안. 환경영향평가, 25(5): 319-332.

- 이상훈, 강호찬, 이성수, 이진욱, 김은호, 명철현, 김관우, 임현대. 2020. 재래흑염소 개체식별과 친자확인을 위한 Microsatellite Marker Set 개발. 생명과학회지, 30(10): 912-918.
- 이영노. 1996. 원색한국식물도감. 교학사.
- 이창복. 2003. 대한식물도감. 향문사.
- 이태원, 박성준. 2011. 낮은 시선 느린 발걸음 거북. 씨밀레북스.
- 정지화. 2014. 안산갈대습지공원에 서식하는 붉은귀거북(*Trachemys scripta*)의 활동 요인 및 식이물 분석. 서울대학교 대학원. 석사학위논문.
- 정지화, 이우신. 2019. 안산갈대습지에 서식하는 붉은귀거북(*Trachemys scripta elegans*)의 활동 요인과 시기에 따른 활동 차이. 한국환경생태학회지, 33(6): 648-653.
- 제주지역환경기술개발센터. 2006. 제주지역 생태계 위해 외래동물의 분포현황 및 관리방안 연구. 412pp.
- 제주녹색환경지원센터. 2013. 제주특별자치도 내륙습지 D/B 구축 자료조사 연구. 442pp.
- 조신일, 나수미, 안치경, 김현정, 정유정, 임양목, 김선두, 송재영, 이훈복. 2017. 한국산 남생이와 외래종 붉은귀거북의 서식지 이용 패턴 비교 분석. 한국환경생태학회지, 31(4): 397-408.
- 한국외래생물정보시스템. 2020. <https://kias.nie.re.kr/home/main/main.do>. 2020. 3. 20.
- 한국환경정책·평가연구원. 2004. 생태계위해외래종의 통합관리 방안 연구. 340pp.
- 한상현, 김태욱, 김유경, 박준호, 김동민, Pardeep Adhikari, 박수곤, 박선미, 김가람, 이준원, 오홍식. 2015. 제주도에 도래하는 떼까마귀 집단에 대한 분자종 동정 및 계통 유연관계. 한국환경생태학회지, 29(5): 693-702.
- 홍선기. 2014. 생물다양성 협약과 섬 생물다양성, 그리고 한국의 전략. 한국도서연구, 26(1): 188-202.
- 환경부. 2006. 생태계 교란종에 대한 모니터링 체계 구축 및 관리방안 연구. 212pp.
- 환경부. 2007. 외래동물의 위해성 정보전달체계 및 교육·홍보 방안 수립 연구. 348pp.
- 환경부. 2010. 위해외래동물종의 생태계위해성평가기술 및 관리기술의 개발. 313pp.
- 환경부. 2015. 제주도내 생태계교란종(붉은귀거북) 모니터링 및 포획사업 보고서. 79pp.

- 환경부. 2019a. 외래생물 중장기계획 및 세부이행방안 마련. 323pp.
- 환경부. 2019b. 제2차 외래생물 관리계획(2019~2023). 77pp.
- 환경부. 2020a. 외래생물 관리 종합 대응 매뉴얼. 87pp.
- 환경부. 2020b. 환경부 고시 제2020-61호.
- 환경부. 2020c. 환경부 고시 제2020-285호.
- Adams, C. I., L. A. Hoekstra, M. R. Muell and F. J. Janzen. 2019. A brief review of non-avian reptile environmental DNA (eDNA), with a case study of painted turtle (*Chrysemys picta*) eDNA under field conditions. *Diversity*, 11(4): 50.
- Akre, T. S., L. D. Parker, E. Ruther, J. E. Maldonado, L. Lemmon and N. R. McInerney. 2019. Concurrent visual encounter sampling validates eDNA selectivity and sensitivity for the endangered wood turtle (*Glyptemys insculpta*). *PloS one*, 14(4): e0215586.
- Alcalde, L., N. N. Derocco and S. D. Rosset. 2010. Feeding in syntopy: diet of *Hydromedusa tectifera* and *Phrynops hilarii* (Chelidae). *Chelonian Conservation and Biology*, 9(1): 33-44.
- Angulo, F. J., J. R. Harris, K. P. Neil, C. B. Behraves, M. J. Sotir and F. J. Angulo. 2010. Recent multistate outbreaks of human *Salmonella* infections acquired from turtles: a continuing public health challenge. *Clinical Infectious Diseases*, 50(4): 554-559.
- Banks, N. C., D. R. Paini, K. L. Bayliss and M. Hodda. 2015. The role of global trade and transport network topology in the human-mediated dispersal of alien species. *Ecology letters*, 18(2): 188-199.
- Bellard, C., P. Cassey and T. M. Blackburn. 2016. Alien species as a driver of recent extinctions. *Biology letters*, 12(2): 20150623.
- Bickham, J. W., J. B. Iverson, J. F. Parham and H. D. Philippen. 2007. An Annotated List of Modern Turtle Terminal Taxa with Comments on Areas of Taxonomic Instability and Recent Change Turtle Taxonomy Working Group. *Chelonian research monographs*. 4: 173-199.

- Bonin, F., B. Devaux and A. Dupre. 2006. Turtles of the world. Johns Hopkins University Press.
- Bonnet, X., F. Lagarde, B. T. Henen, J. Corbin, A. Nagy, G. Naulleau, K. Balhoul, O. Chastel, A. Legrand and R. Cambag. 2001. Sexual dimorphism in steppe tortoises (*Testudo horsfieldii*): influence of the environment and sexual selection on body shape and mobility. *Biological Journal of the Linnean Society*, 72(3): 357-372.
- Bonnet, X., V. Delmas, H. El-Mouden, T. SliMani, B. Sterijovski and G. Kuchling. 2010. Is sexual body shape dimorphism consistent in aquatic and terrestrial chelonians?. *Zoology*, 113(4): 213-220.
- Browne, C. L. and S. J. Hecnar. 2007. Species loss and shifting population structure of freshwater turtles despite habitat protection. *Biological Conservation*, 138(3-4): 421-429.
- Bunnell, C. G. 2005. Field survey of red-eared sliders (*Trachemys scripta elegans*) in the lower fraser river valley, British Columbia, in 2005. *Wildlife Afield*, 2: 51-57.
- Cadi, A. and P. Joly. 2004. Impact of the introduction of the red-eared slider (*Trachemys scripta elegans*) on survival rates of the European pond turtle (*Emys orbicularis*). *Biodiversity and Conservation*, 13(13): 2511-2518.
- Chang, M. H., J. Y. Song and K. S. Koo. 2012. The status of distribution for native freshwater turtles in Korea, with remarks on taxonomic position. *Korean Journal of Environmental Biology*, 30(2): 151-155.
- Chen, T. H. 2006. Distribution and status of the introduced red-eared slider (*Trachemys scripta elegans*) in Taiwan. *Assessment and Control of Biological Invasion Risks*. Shoukadoh Book Sellers, Kyoto, Japan and IUCN, Gland, Switzerland, pp. 187-195.
- Chen, T. H. and K. Y. Lue. 1998. Ecological notes on feral populations of *Trachemys scripta elegans* in Northern Taiwan. *Chelonian Conservation and Biology*, 3(1): 87-90.

- Chen, T. H., H. C. Lin and H. C. Chang. 2000. Current status and utilization of the chelonians in Taiwan. *Chelonian Research Monographs*, 2: 45-51.
- Chung, C. S., C. H. Cheng, S. C. Chin, A. H. Lee and C. H. Chi. 2009. Morphologic and cytochemical characteristics of Asian yellow pond turtle (*Ocadia sinensis*) blood cells and their hematologic and plasma biochemical reference values. *Journal of Zoo and Wildlife Medicine*, 40: 76-85.
- Darling, J. A. and M. J. Blum. 2007. DNA-based methods for monitoring invasive species: a review and prospectus. *Biological Invasions*, 9(7): 751-765.
- Da Silva, E. and M. Blasco. 1995. *Trachemys scripta elegans* in Southwestern Spain. *Herpetological Review*, 26(3): 133-134.
- Davy, C. M. and M. B. Fenton. 2013. Side-scan sonar enables rapid detection of aquatic reptiles in turbid lotic systems. *European journal of wildlife research*, 59(1): 123-127.
- Davy, C. M., A. G. Kidd and C. C. Wilson. 2015. Development and validation of environmental DNA (eDNA) markers for detection of freshwater turtles. *PLoS ONE*, 10(7): e0130965.
- Dejean, T., A. Valentini, C. Miquel, P. Taberlet, E. Bellemain and C. Miaud. 2012. Improved detection of an alien invasive species through environmental DNA barcoding: the example of the American bullfrog *Lithobates catesbeianus*. *Journal of Applied Ecology*, 49(4): 953-959.
- Demkowska-Kutrzepa, M., M. Studzinska, M. Roczen-Karczmarz, K. Tomczuk, Z. Abbas and P. Rozanski. 2018. A review of the helminths co-introduced with *Trachemys scripta elegans*-a threat to European native turtle health. *Amphibia-Reptilia*, 39: 177-189.
- Dreslik, M. J. 1999. Dietary notes on the red-eared slider (*Trachemys scripta*) and river cooter (*Pseudemys concinna*) from southern Illinois. *Transactions of the Illinois State Academy of Science*, 92(3): 233-241.
- Ernst, C. H. and B. G. Jett. 1969. An Intergrade Population of *Pseudemys scripta elegans* x *Pseudemys scripta troosti* in Kentucky. *Journal of Herpetology*, 3:

103-103.

- Ernst, C. H. and J. E. Lovich. 2009. Turtles of the United States and Canada, Second Edition. John Hopkins University Press, Baltimore, MD. 827pp.
- Ernst, C. H., R. G. M. Altenburg and R. W. Barbour. 2000. Turtles of the World. World Biodiversity Database, CD-ROM Series, Windows, Version 1.2. Amsterdam: Biodiversity Center of ETI.
- Feist, S. M., R. L. Jones, J. L. Copley, L. S. Pearson, G. A. Berry and C. P. Qualls. 2018. Development and Validation of an Environmental DNA Method for Detection of the Alligator Snapping Turtle (*Macrochelys temminckii*). Chelonian Conservation and Biology, 17(2): 271-279.
- Feldman, M. 2007. The Red-eared slider turtle (*Trachemys scripta elegans*) in New Zealand. Turtle and Tortoise newsletter, 10: 15-18.
- Feldman, C. R. and J. F. Parham. 2004. Molecular systematics of Old World Stripe-Necked Turtles (Testudines: *Mauremys*). Asiatic Herpetological Research, 10: 28-37.
- Ficetola, G. F., C. Miaud, F. Pompanon and P. Taberlet. 2008. Species detection using environmental DNA from water samples. Biology Letter, 4: 423-425.
- Fong, J. J. and T. Chen. 2010. DNA evidence for the hybridization of wild turtles in Taiwan: possible genetic pollution from trade animals. Conservation Genetics, 11(5): 2061-2066.
- Freshwater Habitats Trust. 2021. <https://freshwaterhabitats.org.uk/projects/edna/edna/>. 2021. 2. 5.
- Fritz, U. 2001. *Mauremys* Gray, 1870 — Bachschildkroten. In U. Fritz (Ed.) Handbuch der Amphibien und Reptilien Europas: Land- und Sumpfschildkroten. Wiesbaden: AULA. pp. 35-42.
- Fritz, U., H. Stuckas, M. Vargas-Ramírez, A. K. Hundsdörfer, J. Maran and M. Päckert. 2012. Molecular phylogeny of Central and South American slider turtles: implications for biogeography and systematics (Testudines: Emydidae: *Trachemys*). Journal of Zoological Systematics and Evolutionary Research, 50(2): 125-136.

- Garcia-Diaz, P., J. V. Ross, A. P. Woolnough and P. Cassey. 2017. The illegal wildlife trade is a likely source of alien species. *A Journal of the Society for Conservation Biology*, 10(6): 690-698.
- Gargan, L. M., T. Morato, C. K. Pham, J. A. Finarelli, J. E. Carlsson and J. Carlsson. 2017. Development of a sensitive detection method to survey pelagic biodiversity using eDNA and quantitative PCR: a case study of devil ray at seamounts. *Marine Biology*, 164(5): 112.
- Gibbons, J. W. 1990. *Life History and Ecology of the Slider Turtle*. Smithsonian, Washington, DC, USA, 384pp.
- Gibbons, J. W. and J. E. Lovich. 1990. Sexual dimorphism in turtles with emphasis on the slider turtle (*Trachemys scripta*). *Herpetological Monographs*, 4: 1-29.
- Gibbons, J. W., J. L. Greene and J. D. Congdon. 1990. Temporal and spatial movement patterns of sliders and other turtles. In: Gibbons, J. W. (ed.), *Life History and Ecology of the Slider Turtle*. Smithsonian Institution Press, Washington, DC, pp. 201-215.
- Goldberg, C. S., D. S. Pilliod, R. S. Arkle and L. P. Waits. 2011. Molecular detection of vertebrates in stream water: a demonstration using Rocky Mountain tailed frogs and Idaho giant salamanders. *PloS one*, 6(7): e22746.
- Gonzalez, N., J. Ruiz, S. Puente and J. Nunez. 2018. On the status of red-eared slider, *Trachemys scripta elegans* (Wied, 1838) (Testudines, Emydidae) with evidences of its reproduction in the wild, Chile. *Biodiversity International Journal*, 2(3): 292-295.
- Haitao, S., J. F. Parham, F. Zhiyong, H. Meiling and Y. Feng. 2008. Evidence for the massive scale of turtle farming in China. *Oryx*, 42(1): 147-150.
- Hall, T. A. 2013. BioEdit 7.2.5. BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT/2K/XP7. *Nucleic acids Symposium Series*, 41: 95-98.
- Han, S. H. and H. S. Oh. 2018. Genetic identification for prey birds of the Endangered peregrine falcon (*Falco peregrinus*). *Mitochondrial DNA Part A*,

29(2): 175-180.

- Handley, L. J. L., A. Estoup, D. M. Evans, C. E. Thomas, E. Lombaert, B. Facon and H. E. Roy. 2011. Ecological genetics of invasive alien species. *BioControl*, 56(4): 409-428.
- Hebert, P. D., A. Cywinska, S. L. Ball and J. R. Dewaard. 2003. Biological identifications through DNA barcodes. *Proceedings of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences*, 270(1512): 313-321.
- Hidalgo-Vila, J., C. Diaz-Paniagua, C. de Frutos-Escobar, C. Jimenez-Martinez and N. Perez-Santigosa. 2007. Salmonella in free living terrestrial and aquatic turtles. *Veterinary Microbiology*, 119: 311-315.
- Hidalgo-Vila, J., C. Diaz-Paniagua, N. Perez-Santigosa, C. de Frutos-Escobar and A. Herrero-Herrero. 2008. Salmonella in free-living exotic and native turtles and in pet exotic turtles from SW Spain. *Research in Veterinary Science*, 85(3): 449-452.
- Hulme, P. E. 2009. Trade, transport and trouble: managing invasive species pathways in an era of globalization. *Journal of Applied Ecology*, 46(1): 10-18.
- Huxel, G. R. 1999. Rapid displacement of native species by invasive species: effects of hybridization. *Biological Conservation*, 89(2): 143-152.
- IUCN. 2017. The IUCN Red List of Threatened Species. Version 2017-3.
- Jablonski, D., D. Gula and J. Christophoryová. 2018. First record of *Mauremys sinensis* (Gray, 1834) and its natural overwintering in Central Europe. *Herpetology Notes*, 11: 949-951.
- Jackson, D. R. 1995. Systematics of the *Pseudemys concinna-floridana* complex (Testudines: Emydidae): An alternative interpretation. *Chelonian Conservation and Biology*, 1: 329-333.
- Jackson, D. R. 2008. *Pseudemys nelsoni* Carr 1983-Florida Red-Bellied Turtle. *Chelonian research monographs*, 5: 041.1-041.8.
- Jackson, D. C. and G. R. Utsch. 2010. Physiology of hibernation under the ice by turtles and frogs. *Journal of Experimental Zoology Part A*, 313(6): 311-327.

- Jackson, J. T., D. E. Starkey, R. W. Guthrie and M. R. Forstner. 2008. A mitochondrial DNA phylogeny of extant species of the genus *Trachemys* with resulting taxonomic implications. *Chelonian Conservation and Biology*, 7(1): 131-135.
- Jackson, T. G., D. H. Nelson and A. B. Morris. 2012. Phylogenetic relationships in the North American genus *Pseudemys* (Emydidae) inferred from two mitochondrial genes. *Southeastern Naturalist*, 11(2): 297-310.
- Keele, J. and D. Hosler. 2016. Report, The Use of eDNA to Test for Invasive and Endangered Species. Research and Development Office U.S. Department of the Interior, Bureau of Reclamation, 16pp.
- Kim, S., H. S. Eo, H. Koo, J. K. Choi and W. Kim. 2010. DNA barcode-based molecular identification system for fish species. *Molecules and cells*, 30(6): 507-512.
- Kirtane, A. A., M. L. Wilder and H. C. Green. 2019. Development and validation of rapid environmental DNA (eDNA) detection methods for bog turtle (*Glyptemys muhlenbergii*). *PLoS ONE*, 14(11): e0222883.
- Koo, K. S., S. M. Park, H. J. Kang, H. R. Park, J. H. Choi, J. S. Lee, B. K. Kim and H. C. Sung. 2020a. New record of the non-native snapping turtle *Chelydra serpentina* (Linnaeus, 1758) in the wild of the Republic of Korea. *Bioinvasions Records*, 9(2): 444-449.
- Koo, K. S., S. Song, J. H. Choi and H. C. Sung. 2020b. Current Distribution and Status of Non-Native Freshwater Turtles in the Wild, Republic of Korea. *Sustainability*, 12: 4042.
- Koren, T., A. Štin, I. Burić, K. Koller, B. Laus and M. Zadavec. 2018. The current distribution of pond slider *Trachemys scripta* (Reptilia: Emydidae) in Croatia. *NATURA SLOVENIAE*, 20(1): 33-44.
- Kumar, S., G. Stecher, M. Li, C. Knyaz and K. Tamura. 2018. MEGA X: molecular evolutionary genetics analysis across computing platforms. *Molecular biology and evolution*, 35(6): 1547-1549.

- Kundu, S., V. Kumar, B. A. Laskar, K. Tyagi and K. Chandra. 2018. Pet and turtle: DNA barcoding identified twelve Geoemydid species in northeast India. *Mitochondrial DNA Part B*, 3(2): 513-518.
- Larkin M. A., G. Blackshields, N. P. Brown, R. Chenna, P. A. McGettigan, H. McWilliam, F. Valentin, I. M. Wallace, A. Wilm, R. Lopez, J. D. Thompson, T. J. Gibson and D. G. Higgins. 2007. Clustal W and Clustal X version 2.0. *Bioinformatics* 23: 2947-2948.
- Larson, G., R. Liu, X. Zhao, J. Yuan, D. Fuller, L. Barton, K. Dobney, Q. Fan, Z. Gu, X. H. Liu, Y. Luo, P. Lv, L. Andersson and N. Li. 2010. Patterns of East Asian pig domestication, migration, and turnover revealed by modern and ancient DNA. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 107(17): 7686-7691.
- Larson, G., U. Albarella, K. Dobney, P. Rowley-Conwy, J. Schibler, A. Tresset, J. D. Vigne, C. J. Edward, A. Schlumbaum, A. Dinu, A. Balacsescu, G. Dolman, D. G. Bradley and A. Cooper. 2007. Ancient DNA, pig domestication, and the spread of the Neolithic into Europe. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 104(39): 15276-15281.
- Lau, M. W. N. and H. T. Shi. 2000. Conservation and trade of terrestrial and freshwater turtles and tortoises in the People's Republic of China. *Chelonian Research Monographs*, 2: 30-38.
- Levins, M. and C. M. D'Antonio. 2003. Forecasting biological invasions with increasing international trade. *Conservation Biology*, 17(1): 322-326.
- Liu, S., C. Newman, C. D. Buesching, D. W. Macdonald, Y. Zhang, K. Zhang, F. Li and Z. Zhou. 2020. E-commerce promotes trade in invasive turtles in China. *Oryx*, 1-4.
- Lowe, S., M. Browne, S. Boudjelas and M. De Poorter. 2000. 100 of the world's worst invasive alien species: a selection from the global invasive species database (Vol. 12). Auckland: Invasive Species Specialist Group.
- Luiselli, L., M. Capula, D. Capizzi, E. Filippi, V. Trujillo Jesus and C. Anibaldi.

1997. Problems for conservation of pond turtles (*Emys orbicularis*) in central Italy: is the introduced red-eared turtle (*Trachemys scripta*) a serious threat?. *Chelonian Conservation and Biology*, 2: 417-419.
- Mack, R. N. 2003. Plant naturalizations and invasions in the eastern United States: 1634-1860. *Annals of the Missouri Botanical Garden*, 90: 77-90.
- Mack, R. N., D. Simberloff, W. M. Lonsdale, H. Evans, M. Clout and F. Bazzaz. 2000. Biotic invasions: Causes, epidemiology, global consequences, and control. *Ecological Applications*, 10(3): 689-710.
- Mark, E. O. 2017. Red-eared Slider (*Trachemys scripta elegans*) Management Plan for Bermuda, Bermuda Government Department of Environment and Natural Resources. Personal communication. 26pp.
- Masin, S., A. Bonardi, E. Padoa-Schioppa, L. Bottoni and G. F. Ficetola. 2014. Risk of invasion by frequently traded freshwater turtles. *Biological Invasions*, 16(1): 217-231.
- Mayer, F., C. Dietz and A. Kiefer. 2007. Molecular species identification boots bat diversity. *Frontiers in Zoology*, 4(1): 1-5.
- Meng, X., Z. Zhou and B. L. Stuart. 2002. Recent actions by the People's Republic of China to better control international trade of turtles. *Turtle and Tortoise Newsletter*, 5: 15-16.
- Mitchell, J. 1994. *The Reptiles of Virginia*. Smithsonian Institution Press, Washington D.C.
- Newbery, R. 1984. The American red-eared terrapin in South Africa. *African Wildlife*, 38(5): 186-189.
- Nijman, V. and C. R. Shepherd. 2015. Analysis of a decade of trade of tortoises and freshwater turtles in Bangkok, Thailand. *Biodiversity and conservation*, 24(2): 309-318.
- Oertli, B., J. Biggs, R. Céréghino, P. Grillas, P. Joly and J. B. Lachavanne. 2005. Conservation and monitoring of pond biodiversity: introduction. *Aquatic Conservation: Marine and Freshwater Ecosystems*, 15(6): 535-540.

- Office of Technology Assessment. 1993. Harmful Non-Indigenous Species in the United States. 391pp.
- Oh, H. S., S. M. Park and S. H. Han. 2017. Mitochondrial haplotype distribution and phylogenetic relationship of an endangered species Reeve's turtle (*Mauremys reevesii*) in East Asia. Journal of Asia-Pacific Biodiversity, 10(1): 27-31.
- Oi, M., J. Araki, J. Matsumoto and S. Nogami. 2012. Helminth fauna of a turtle species introduced in Japan, the red-eared slider turtle (*Trachemys scripta elegans*). Research in Veterinary Science, 93(2): 826-830.
- Oka, T., Y. Ino, K. Nomura, S. Kawashima, T. Kuwayama, H. Hanada and F. Akishinomiya. 2007. Analysis of mtDNA sequences shows Japanese native chickens have multiple origins. Animal genetics, 38(3): 287-293.
- Olson, Z. H., J. T. Briggler and R. N. Williams. 2012. An eDNA approach to detect eastern hellbenders (*Cryptobranchus alleganiensis*) using samples of water. Wildlife Research, 39(7): 692-636.
- Palmer, W. M. and A. B. Braswell. 1995. Reptiles of North Carolina. The University of North Carolina Press, Chapel Hill.
- Parham, J. F., T. J. Papenfuss, A. B. Sellas, B. L. Stuart and W. B. Simison. 2020. Genetic variation and admixture of red-eared sliders (*Trachemys scripta elegans*) in the USA. Molecular phylogenetics and evolution, 145: 106722.
- Perez-Santigosa, N., C. Diaz-Paniagua and J. Hidalgo-Vila. 2008. The reproductive ecology of exotic *Trachemys scripta elegans* in an invaded area of southern Europe. Aquatic Conservation Marine and Freshwater Ecosystems, 18(7): 1302-1310.
- Pielou, E. C. 1966. The measurement of diversity in different types of biological collections. Journal of theoretical biology, 13: 131-144.
- Pimentel, D., R. Zuniga and D. Morrison. 2005. Update on the environmental and economic costs associated with alien invasive species in the United States. Ecological Economics, 52(3): 273-288.

- Platt, S. G. and L. W. Fontenot. 1992. The red-eared slider, *Trachemys scripta* (Wied) in South Korea. The Bulletin of the Chicago Herpetological Society, 27: 113-114.
- Pupins, M. 2007. First report on recording of the invasive species *Trachemys scripta elegans*, a potential competitor of *Emys obricularis* in Latvia. Acta Universitatis Larviensis, 723: 37-16.
- Ramsay, N. F., P. K. A. Ng, R. M. O'Riordan and L. M. Chou. 2007. The red-eared slider (*Trachemys scripta elegans*) in Asai: a review. Biological invaders in inland waters: profiles, distribution, and threats, 161-174.
- Rhodin, A. G. J., J. B. Iverson, R. Bour, U. Fritz, A. Georges, H. B. Shaffer and P. P. van Dijk. 2017. Turtles of the World, Annotated Checklist of Taxonomy, Synonymy, Distribution, and Conservation Status (8th Ed.). Chelonian Research Monographs. 292pp.
- Robey, J., S. Burgin, D. J. Hitchen and G. Ross. 2011. Status of an urban feral red-eared slider (*Trachemys scripta elegans*) population in Sideney a decade on. Zoologist, 35(3): 822-825.
- Rozas, J., A. Ferrer-Mata, J. C. Sánchez-DelBarrio, S. Guirao-Rico, P. Librado, S. E. Ramos-Onsins and A. Sánchez-Gracia. 2017. DnaSP 6: DNA sequence polymorphism analysis of large datasets. Molecular biology and evolution, 34(12): 3299-3302.
- Russell, J. C., J. Y. Meyer, N. D. Holmes and S. Pagad. 2017. Invasive alien species on islands: impacts, distribution, interactions and management. Environmental Conservation, 44(4): 359-370.
- Sancho, V., I. Lacomba, J. V. Bataller, J. Veríssimo and G. Velo-Antón. 2020. First report of hybridization between *Mauremys leprosa* and *Mauremys sinensis* highlights the risk of exotic *Mauremys* spp. pet trade. Basic and Applied Herpetology, 34: 75-81.
- Seidel, M. E. 1994. Morphometric analysis and taxonomy of cooter and red-bellied turtles in the North American genus *Pseudemys* (Emydidae). Chelon.

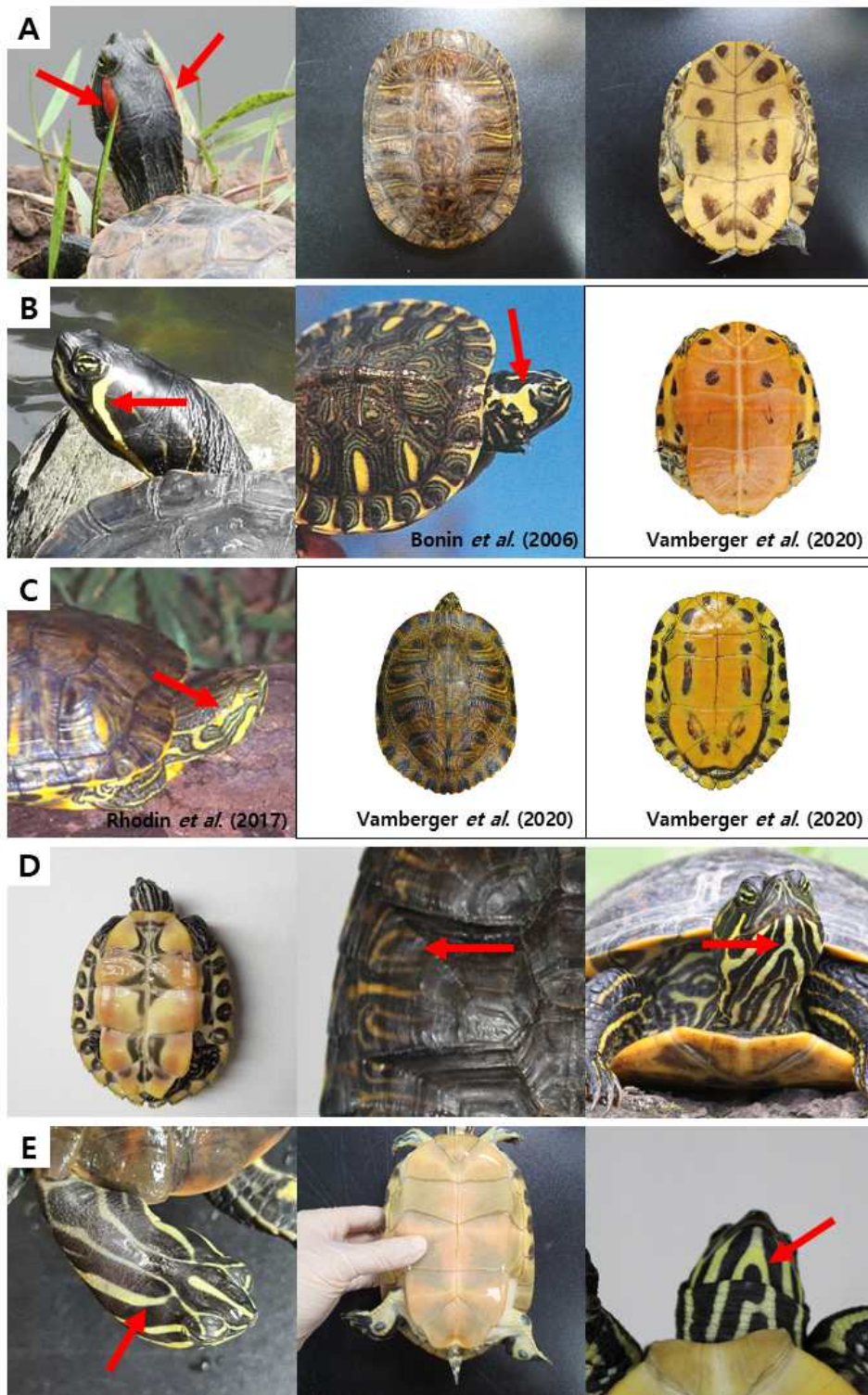
- Conservation and Biology, 1(2): 117-130.
- Seidel, M. E. 2002. Taxonomic observations on extant species and subspecies of slider turtles, genus *Trachemys*. Journal of Herpetology, 36(2): 285-292.
- Semenov, D. V. 2010. Slider turtle, *Trachemys scripta elegans*, as Invasive threat (Reptilia; Testudines). Russian Journal of Biological Invasions, 1(4): 296-300.
- Secretariat of the Convention on Biological Diversity. 2009. Review of the Literature on the Links Between Biodiversity and Climate Change: Impacts, Adaptation, and Mitigation. No. 42. UNEP/Earthprint.
- Secretariat of the Convention on Biological Diversity. 2010. Invasive Alien Species. Montréal, Canada.
- Shaffer, H. B., P. P. Minx, D. E. Warren, A. M. Shedlock, R. C. Thomson, N. Valenzuela, J. Abramyan, C. T. Amemiya, D. Badenhorst, K. K. Biggar, ... and R. K. Wilson. 2013. The western painted turtle genome, a model for the evolution of extreme physiological adaptations in a slowly evolving lineage. Genome biology, 14(3): 1-23.
- Shannon, C. E. and W. Weaver. 1949. The mathematical theory of communication. University Illinois Press, Urbana, IL. 326pp.
- Shi, H. T., J. F. Parham, Z. Y. Fan, M. L. Hong and F. Yin. 2008. Evidence for the massive scale of turtle farming in China. Oryx, 42(1): 147-150.
- Spear, D., L. C. Foxcroft, H. Bezuidenhout and M. McGeoch. 2013. Human population density explains alien species richness in protected areas. Biological Conservation, 159: 137-147.
- Spinks, P. Q., R. C. Thomson, G. B. Pauly, C. E. Newman, G. Mount and H. B. Shaffer. 2013. Misleading phylogenetic inferences based on single-exemplar sampling in the turtle genus *Pseudemys*. Molecular Phylogenetics and Evolution, 68(2): 269-281.
- Stein, E. D., M. C. Martinez, S. Stiles, P. E. Mille and E. V. Zakharov. 2014. Is DNA barcoding actually cheaper and faster than traditional morphological methods: results from a survey of freshwater bioassessment efforts in the United

- States?. PloS one, 9(4): e95525.
- Stephen, F. J., M. Taylor, K. S. Wilcox, M. K. McKelvey, M. K. Young, M. K. Schwartz, H. L. Winsor, B. H. Letcher and A. R. Whiteley. 2014. Distance, flow and PCR inhibition: eDNA dynamics in two headwater streams. *Molecular ecology resources*, 15(1): 216-227.
- Taberlet, P., E. Coissac, M. Hajibabaei and L. H. Rieseberg. 2012. Environmental DNA. *Molecular Ecology*, 21: 1789-1793.
- Tamura, L. and M. Nei. 1993. Estimation of the number of nucleotide substitutions in the control region of mitochondrial DNA in humans and chimpanzees. *Molecular Biology and Evolution*, 10(3): 512-526.
- Taniguchi, M., J. E. Lovich, K. S. Mine and N. Kamezaki. 2017. Unusual population attributes of invasive red-eared slider turtles (*Trachemys scripta elegans*) in Japan: do they have a performance advantage?. *Aquatic Invasions*, 12(1): 97-108.
- Tershy, B. R., K. W. Shen, K. M. Newton, N. D. Holmes and D. A. Croll. 2015. The importance of islands for the protection of biological and linguistic diversity. *Bioscience*, 65(6): 592-597.
- The Reptile Database. 2020. <http://www.reptile-database.org/>. 2020. 4. 12.
- Thomas, V. G., R. H. Hanner and A. V. Borisenko. 2016. DNA-based identification of invasive alien species in relation to Canadian federal policy and law, and the basis of rapid-response management. *Genome*, 59(11): 1023-1031.
- Thomsen, P. F. and E. Willerslev. 2015. Environmental DNA—An emerging tool in conservation for monitoring past and present biodiversity. *Biological conservation*, 183: 4-18.
- Uchida, I. 1989. The current status of feral turtles of Japan. *Anima*, 205: 80-85.
- Vamberger, M., F. Ihlow, M. Asztalos, J. E. Dawson, S. E. Jasinski, P. Praschag and U. Fritz. 2020. So different, yet so alike: North American slider turtles (*Trachemys scripta*). *Vertebrate Zoology*, 70: 87-96.
- van Dijk, P. P., B. L. Stuart and A. G. J. Rhodin. 2000. Asian Turtle Trade:

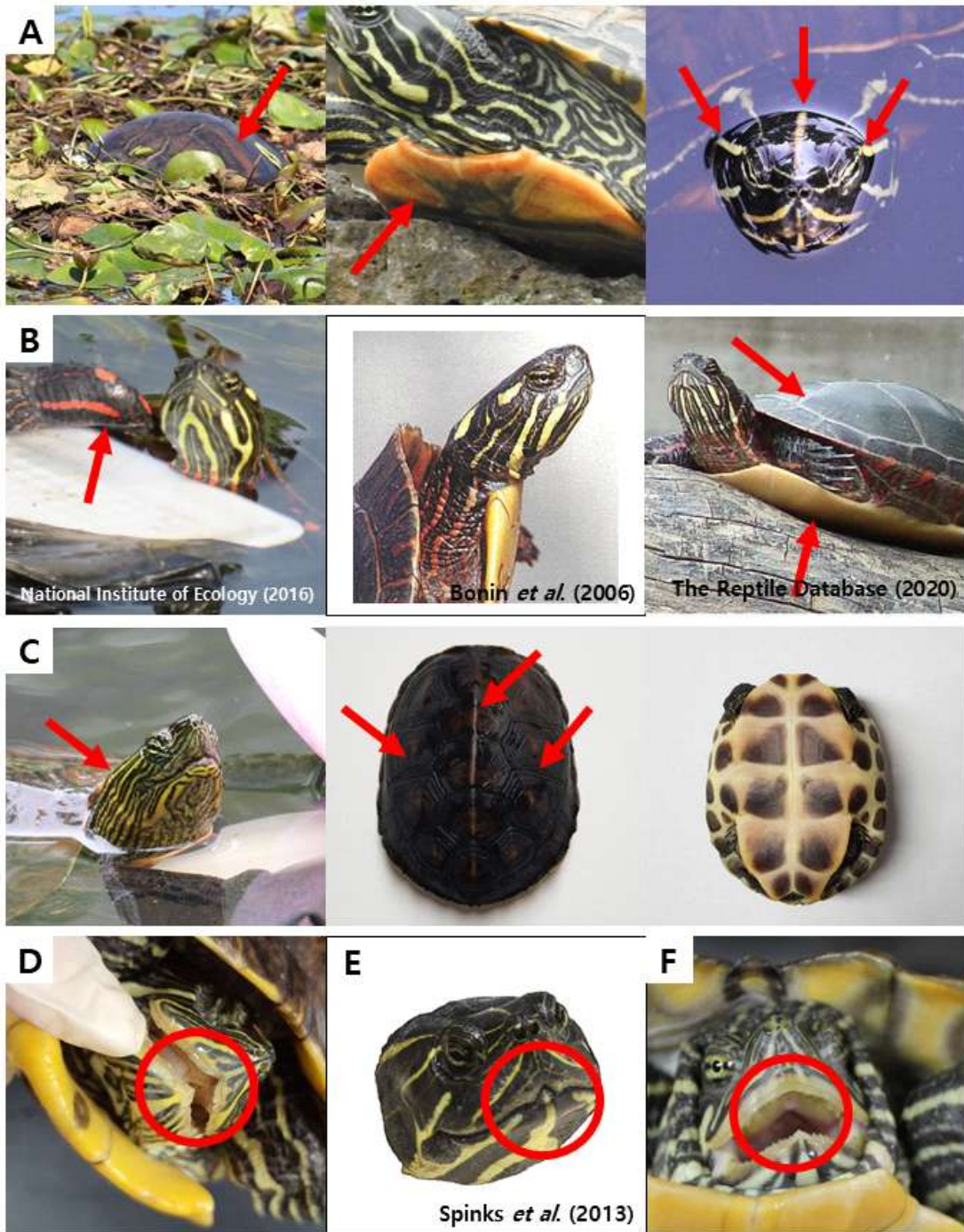
- Proceedings of a Workshop on Conservation and Trade of Freshwater Turtles and Tortoises in Asia. Chelonian Research Foundation, Lunenburg, USA.
- Van Wilgen, N. J., D. M. Richardson and E. H. Baard. 2008. Alien reptiles and amphibians in South Africa: towards a pragmatic management strategy. *South African Journal of Science*, 104(1-2): 13-20.
- Verneau, O., C. Palacios, T. Platt, M. Alday, E. Billard, J. F. Allienne, C. Basso and L. H. Dupreez. 2011. Invasive species threat: parasite phylogenetics reveals patterns and processes of host-switching between non-native and native freshwater turtles. *Parasitology*, 138(13): 1778-1792.
- Vitousek, P. M. 1988. Diversity and biological invasions of oceanic islands. *Biodiversity*, 20: 181-189.
- Von Helversen, O., K. G. Heller, F. Mayer, A. Nemeth, M. Volleth and P. Gombkötö. 2001. Cryptic mammalian species: a new species of whiskered bat (*Myotis alcathoe n. sp.*) in Europe. *Naturwissenschaften*, 88(5): 217-223.
- Wang, J., S. Haitao, H. Shijia, M. Kai and L. Chuang. 2013. Interspecific Differences in Diet between Introduced Red-eared Slider and Native Turtles in China. *Asian Herpetological Research*, 4(3): 190-196.
- Williamson, M. 1996. *Biological invasions*. Chapman & Hall, London.
- Wilson, C., E. Wright, J. Bronnenhuber, F. MacDonald, M. Belore and B. Locke. 2014. Tracking ghosts: combined electrofishing and environmental DNA surveillance efforts for Asian carps in Ontario waters of Lake Erie. *Management of Biological Invasions*, 5(3): 225.
- Wilson, M. E. 1995. Travel and the emergence of infectious diseases. *Emerging Infectious Diseases*, 1(2): 39-46.
- Whittaker, R. J. 1998. *Island Biogeography: Ecology, Evolution and Conservation*. Oxford University Press.
- Wittenberg, R. and M. J. W. Cock. 2001. *Invasive Alien Species: A Toolkit of Best Prevention and Management Practices*. CAB International, Wallingford, Oxon, UK.

- Xia, X., L. Wang, L. Nie, Z. Huang, Y. Jiang, W. Jing and L. Liu. 2011. Interspecific hybridization between *Mauremys reevesii* and *Mauremys sinensis*: Evidence from morphology and DNA sequence data. *African Journal of Biotechnology*, 10(35): 6716-6724.
- Yue, X. P., F. Qin, M. G. Campana, D. H. Liu, C. C. Mao, X. B. Wang and C. Z. Lei. 2012. Characterization of *cytochrome b* diversity in Chinese domestic horses. *Animal genetics*, 43(5): 624-626.
- Zhou, Z. and Z. Jiang. 2008. Characteristics and Risk Assessment of International Trade in Tortoises and Freshwater Turtles in China. *Chelonian Conservation and Biology*, 7(1): 28-36.
- Zhang, Y., T. Song, Q. Jin, Y. Huang, X. Tang, X. Sun, F. Liu, Z. Zhang and W. Bao. 2020. Status of an alien turtle in city park waters and its potential threats to local biodiversity: the red-eared slider in Beijing. *Urban Ecosystems*, 23(1): 147-157.

Appendix



Appendix 1. Marks used for identification of alien turtles in this study. The red arrows mean identification points. A, *T. s. elegans*; B, *T. s. scripta*; C, *T. s. troostii*; D, *P. concinna*; E, *P. peninsularis*.



Appendix 2. Marks used for identification of alien turtles in this study. The red arrows and circles mean identification points. A, *P. nelsoni* and *P. ruviventris*; B, *C. p. picta*; C, *M. sinensis*; D, *Trachemys* teeth; E, *Pseudemys* red-bellied cooter teeth; F, *Pseudemys* cooter teeth.

Appendix 3. Continued

	910	920	930	940	950	960	970	980	990
HFC01	GFACTATTTTC	TAATACCCAC	TCTACACACA	TCAAAAACAC	GAACAACCCA	ATTCCGACCA	CTTACACAAA	CCCTATTCTG	ATGTTTAATC
HFC02	GFACTGTTTC	TAATACCCAC	TCTACACACA	TCAAAAACAC	GAACAACCCA	ATTCCGACCA	CTTACACAAA	CCCTATTCTG	ATGTTTAATC
HFC03	GFACTGTTTC	TAATACCCAC	TCTACACACA	TCAAAAACAC	GAACAACCCA	ATTCCGACCA	CTTACACAAA	CCCTATTCTG	ATGTTTAATC
HFC04	GFACTGTTTC	TAATACCCAC	TCTACACACA	TCAAAAACAC	GAACAACCCA	ATTCCGACCA	CTTACACAAA	CCCTATTCTG	ATGTTTAATC
HFC05	GFACTGTTTC	TAATACCCAC	TCTACACACA	TCAAAAACAC	GAACAACCCA	ATTCCGACCA	CTTACACAAA	CCCTATTCTG	ATGTTTAATC
HFC06	GFACTGTTTC	TAATACCCAC	TCTACACACA	TCAAAAACAC	GAACAACCCA	ATTCCGACCA	CTTACACAAA	CCCTATTCTG	ATGTTTAATC
HFC07	GFACTGTTTC	TAATACCCAC	TCTACACACA	TCAAAAACAC	GAACAACCCA	ATTCCGACCA	CTTACACAAA	CCCTATTCTG	ATGTTTAATC
HE590355	GFACTATTTTC	TAATACCCAC	CCTACACACA	TCAAAAACAC	GAACAACCCA	ATTCCGACCA	CTTACACAAA	CCCTATTCTG	ATGTTTAATC
JN615048	GFACTATTTTC	TAATACCCAC	CCTACACACA	TCAAAAACAC	GAACAACCCA	ATTCCGACCA	CTTACACAAA	CCCTATTCTG	ATGTTTAATC
HE590362	GFACTATTTTC	TAATACCCAC	CCTACACACA	TCAAAAACAC	GAACAACCCA	ATTCCGACCA	CTTACACAAA	CCCTATTCTG	ATGTTTAATC
HE590330	GFACTATTTTC	TAATACCCAC	CCTACACACA	TCAAAAACAC	GAACAACCCA	ATTCCGACCA	CTTACACAAA	CCCTATTCTG	ATGTTTAATC
HE590349	GFACTATTTTC	TAATACCCAC	CCTACACACA	TCAAAAACAC	GAACAACCCA	ATTCCGACCA	CTTACACAAA	CCCTATTCTG	ATGTTTAATC
MW122292	GFACTATTTTC	TAATACCCAC	CCTACACACA	TCAAAAACAC	GAACAACCCA	ATTCCGACCA	CTTACACAAA	CCCTATTCTG	ATGTTTAATC
HE590358	GFACTGTTTC	TAATACCCAC	TCTACACACA	TCAAAAACAC	GAACAACCCA	ATTCCGACCA	CTTACACAAA	CCCTATTCTG	ATGTTTAATC
HE590350	GFACTGTTTC	TAATACCCAC	TCTACACACA	TCAAAAACAC	GAACAACCCA	ATTCCGACCA	CTTACACAAA	CCCTATTCTG	ATGTTTAATC
FJ770621	GFACTATTTTC	TAATACCCAC	CCTACACACA	TCAAAAACAC	GAACAACCCA	ATTCCGACCA	CTTACACAAA	CCCTATTCTG	ATGTTTAATC
HE590332	GFACTATTTTC	TAATACCCAC	CCTACACACA	TCAAAAACAC	GAACAACCCA	ATTCCGACCA	CTTACACAAA	CCCTATTCTG	ATGTTTAATC
HE590312	GTCTATTTTC	TAATACCCAC	TCTACACACA	TCAAAAACAC	GAACAACCCA	ATTCCGACCA	CTTACACAAA	CCCTATTCTG	ATGTTTAATC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****
	1000	1010	1020	1030	1040	1050	1060	1070	1080
HFC01	GCTAACCTTT	TAGTACTAAC	ATGAATTGGA	GGACAACCCG	TGAAAAACCC	ATTCAATTACA	ATCGGCCAAG	TAGCCTCTAT	TCCTATTTC
HFC02	GCTAACCTTT	TAGTACTAAC	ATGAATTGGA	GGACAACCCG	TGAAAAACCC	ATTCAATTACA	ATCGGCCAAG	TAGCCTCTAT	TCCTATTTC
HFC03	GCTAACCTTT	TAGTACTAAC	ATGAATTGGA	GGACAACCCG	TGAAAAACCC	ATTCAATTACA	ATCGGCCAAG	TAGCCTCTAT	TCCTATTTC
HFC04	GCTAACCTTT	TAGTACTAAC	ATGAATTGGA	GGACAACCCG	TGAAAAACCC	ATTCAATTACA	ATCGGCCAAG	TAGCCTCTAT	TCCTATTTC
HFC05	GCTAACCTTT	TAGTACTAAC	ATGAATTGGA	GGACAACCCG	TGAAAAACCC	ATTCAATTACA	ATCGGCCAAG	TAGCCTCTAT	TCCTATTTC
HFC06	GCTAACCTTT	TAGTACTAAC	ATGAATTGGA	GGACAACCCG	TGAAAAACCC	ATTCAATTACA	ATCGGCCAAG	TAGCCTCTAT	TCCTATTTC
HFC07	GCTAACCTTT	TAGTACTAAC	ATGAATTGGA	GGACAACCCG	TGAAAAACCC	ATTCAATTACA	ATCGGCCAAG	TAGCCTCTAT	TCCTATTTC
HE590355	GCTAACCTTT	TAGTACTAAC	ATGAATTGGA	GGACAACCCG	TGAAAAACCC	ATTCAATTACA	ATCGGCCAAG	TAGCCTCTAT	TCCTATTTC
JN615048	GCTAACCTTT	TAGTACTAAC	ATGAATTGGA	GGACAACCCG	TGAAAAACCC	ATTCAATTACA	ATCGGCCAAG	TAGCCTCTAT	TCCTATTTC
HE590362	GCTAACCTTT	TAGTACTAAC	ATGAATTGGA	GGACAACCCG	TGAAAAACCC	ATTCAATTACA	ATCGGCCAAG	TAGCCTCTAT	TCCTATTTC
HE590330	GCTAACCTTT	TAGTACTAAC	ATGAATTGGA	GGACAACCCG	TGAAAAACCC	ATTCAATTACA	ATCGGCCAAG	TAGCCTCTAT	TCCTATTTC
HE590349	GCTAACCTTT	TAGTACTAAC	ATGAATTGGA	GGACAACCCG	TGAAAAACCC	ATTCAATTACA	ATCGGCCAAG	TAGCCTCTAT	TCCTATTTC
MW122292	GCTAACCTTT	TAGTACTAAC	ATGAATTGGA	GGACAACCCG	TGAAAAACCC	ATTCAATTACA	ATCGGCCAAG	TAGCCTCTAT	TCCTATTTC
HE590358	GCTAACCTTT	TAGTACTAAC	ATGAATTGGA	GGACAACCCG	TGAAAAACCC	ATTCAATTACA	ATCGGCCAAG	TAGCCTCTAT	TCCTATTTC
HE590350	GCTAACCTTT	TAGTACTAAC	ATGAATTGGA	GGACAACCCG	TGAAAAACCC	ATTCAATTACA	ATCGGCCAAG	TAGCCTCTAT	TCCTATTTC
FJ770621	GCTAACCTTT	TAGTACTAAC	ATGAATTGGA	GGACAACCCG	TGAAAAACCC	ATTCAATTACA	ATCGGCCAAG	TAGCCTCTAT	TCCTATTTC
HE590332	GCTAACCTTT	TAGTACTAAC	ATGAATTGGA	GGACAACCCG	TGAAAAACCC	ATTCAATTACA	ATCGGCCAAG	TAGCCTCTAT	TCCTATTTC
HE590312	GCTAACCTTT	TAGTACTAAC	ATGAATTGGA	GGACAACCCG	TGAAAAACCC	ATTCAATTACA	ATCGGCCAAG	TAGCCTCTAT	TCCTATTTC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****
	1090	1100	1110	1120	1130	1140			
HFC01	TCAACTATAT	TAATCCTCAT	CCCTGCCGCA	GGCATAATFG	AAAACAAAAT	ACTAACTTAA			
HFC02	TCAACTATAT	TAATCCTCAT	CCCTGCCGCA	GGCATAATFG	AAAACAAAAT	ACTAACTTAA			
HFC03	TCAACTATAT	TAATCCTCAT	CCCTGCCGCA	GGCATAATFG	AAAACAAAAT	ACTAACTTAA			
HFC04	TCAACTATAT	TAATCCTCAT	CCCTGCCGCA	GGCATAATFG	AAAACAAAAT	ACTAACTTAA			
HFC05	TCAACTATAT	TAATCCTCAT	CCCTGCCGCA	GGCATAATFG	AAAACAAAAT	ACTAACTTAA			
HFC06	TCAACTATAT	TAATCCTCAT	CCCTGCCGCA	GGCATAATFG	AAAACAAAAT	ACTAACTTAA			
HFC07	TCAACTATAT	TAATCCTCAT	CCCTGCCGCA	GGCATAATFG	AAAACAAAAT	ACTAACTTAA			
HE590355	TCAACTCTAT	TAATCCTCAT	CCCTGCCGCA	GGCATAATFG	AAAACAAAAT	ACTAACTTAA			
JN615048	TCAACTCTAT	TAATCCTCAT	CCCTGCCGCA	GGCATAATFG	AAAACAAAAT	ACTAACTTAA			
HE590362	TCAACTCTAT	TAATCCTCAT	CCCTGCCGCA	GGCATAATFG	AAAACAAAAT	ACTAACTTAA			
HE590330	TCAACTCTAT	TAATCCTCAT	CCCTGCCGCA	GGCATAATFG	AAAACAAAAT	ACTAACTTAA			
HE590349	TCAACCCTAT	TAATCCTCAT	CCCTGCCGCA	GGCATAATFG	AAAATAAAAT	ACTAACTTAA			
MW122292	TCAACTATAT	TAATCCTCAT	CCCTGCCGCA	GGCATAATFG	AAAACAAAAT	ACTAACTTAA			
HE590358	TCAACTATAT	TAATCCTCAT	CCCTGCCGCA	GGCATAATFG	AAAACAAAAT	ACTAACTTAA			
HE590350	TCAACTCTAT	TAATCCTCAT	CCCTGCCGCA	GGCATAATFG	AAAATAAAAT	ACTAACTTAA			
FJ770621	TCAACCCTAT	TAATCCTCAT	CCCTGCCGCA	GG-----	-----	-----			
HE590332	TCAACTCTAT	TAATCCTCAT	CCCTGCCGCA	GGCATAATFG	AAAACAAAAT	ACTAACTTAA			
HE590312	TCAACTCTAT	TAATCCTCAT	CCCTGCCGCA	GGCATAATFG	AAAACAAAAT	ACTAACTTAA			
Consensus	*****	***	*****	*****	*****	*****			

Appendix 4. Multiple alignments of *COI* haplotype sequences of *Trachemys*

	10	20	30	40	50	60	70	80	90
HTO01	GTGATTTTAA	CCCGCTGATT	TTTCTCTACT	AATCATAAAG	ACATTGGCAC	TTTATACTTA	ATTTTTGGGG	CCTGGGCAGG	AATAGTAGGC
HTO02	GTGATTTTAA	CCCGCTGATT	TTTCTCTACT	AATCATAAAG	ACATTGGCAC	TTTATACTTA	ATTTTTGGGG	CCTGGGCAGG	AATAGTAGGC
HTO03	GTGATTTTAA	CCCGCTGATT	TTTCTCTACT	AATCATAAAG	ACATTGGCAC	TTTATACTTA	ATTTTTGGGG	CCTGGGCAGG	AATAGTAGGC
HTO04	GTGATTTTAA	CCCGCTGATT	TTTCTCTACT	AATCATAAAG	ACATTGGCAC	TTTATACTTA	ATTTTTGGGG	CCTGGGCAGG	AATAGTAGGC
HTO05	GTGATTTTAA	CCCGCTGATT	TTTCTCTACT	AATCATAAAG	ACATTGGCAC	TTTATACTTA	ATTTTTGGGG	CCTGGGCAGG	AATAGTAGGC
HQ329667	-----	-----	-----	-----	-----	--TATACTTA	ATTTTTGGGG	CCTGAGCAGG	AATAGTAGGC
HQ329669	-----	-----	-----	-----	-----	--TATACTTA	ATTTTTGGGG	CCTGAGCAGG	AATAGTAGGC
HQ329670	-----	-----	-----	-----	-----	--TATACTTA	ATTTTTGGGG	CCTGAGCAGG	GATAGTAGGC
HQ329665	-----	-----	-----	-----	-----	--TATACTTA	ATTTTTGGGG	CCTGAGCAGG	GATAGTAGGC
HQ329662	-----	-----	-----	-----	-----	--TATACTTA	ATTTTTGGGG	CCTGAGCAGG	AATAGTAGGC
KX559047	-----	-----	-----	-----	-----	--TATACTTA	ATTTTTGGGG	-----	-AATAGTAGGC
MW122292	GTGATTTTAA	CCCGCTGATT	TTTCTCTACT	AATCATAAAG	ACATTGGCAC	TTTATACTTA	ATTTTTGGGG	CCTGGGCAGG	AATAGTAGGC
KM216749	GTGATTTTAA	CCCGCTGATT	TTTCTCTACT	AATCATAAAG	ACATTGGCAC	TTTATACTTA	ATTTTTGGGG	CCTGGGCAGG	AATAGTAGGC
HQ329663	-----	-----	-----	-----	-----	--TATACTTA	ATTTTTGGGG	CCTGGGCAGG	AATAGTAGGC
HQ329668	-----	-----	-----	-----	-----	--TATACTTA	ATTTTTGGGG	CCTGAGCAGG	AATAGTAGGC
HQ329661	-----	-----	-----	-----	-----	--TATACTTA	ATTTTTGGGG	CCTGAGCAGG	AATAGTAGGC
Consensus									*****
	100	110	120	130	140	150	160	170	180
HTO01	ACAGCATTAA	GTTTATTGAT	CGCGCAGAA	TTAAGCCAAC	CTGGGGCCCT	TTTAGGGGAT	GACCAAACTC	ACAATGTTGT	CGTCACAGCC
HTO02	ACAGCATTAA	GTTTATTGAT	CGCGCAGAA	TTAAGCCAAC	CTGGGGCCCT	TTTAGGGGAT	GACCAAACTC	ACAATGTTGT	CGTCACAGCC
HTO03	ACAGCATTAA	GTTTATTGAT	CGCGCAGAA	TTAAGCCAAC	CTGGGGCCCT	TTTAGGGGAT	GACCAAACTC	ACAATGTTGT	CGTCACAGCC
HTO04	ACAGCATTAA	GTTTATTGAT	CGCGCAGAA	TTAAGCCAAC	CTGGGGCCCT	TTTAGGGGAT	GACCAAACTC	ACAATGTTGT	CGTCACAGCC
HTO05	ACAGCATTAA	GTTTATTGAT	CGCGCAGAA	TTAAGCCAAC	CTGGGGCCCT	TTTAGGGGAT	GACCAAACTC	ACAATGTTGT	CGTCACAGCC
HQ329667	ACAGCATTAA	GTTTATTGAT	CGCGCAGAA	TTAAGCCAAC	CGGGGACCCT	TTTAGGGGAC	GACCAAACTC	ACAATGTTGT	CGTCACAGCC
HQ329669	ACAGCATTAA	GTTTATTGAT	CGCGCAGAA	TTAAGCCAAC	CGGGGACCCT	TTTAGGGGAC	GACCAAACTC	ACAATGTTGT	CGTCACAGCC
HQ329670	ACAGCATTAA	GTTTATTGAT	CGCGCAGAA	TTAAGCCAAC	CGGGGACCCT	TTTAGGGGAC	GACCAAACTC	ACAATGTTGT	CGTCACAGCC
HQ329665	ACAGCATTAA	GTTTATTGAT	CGCGCAGAA	TTAAGCCAAC	CGGGGACCCT	TTTAGGGGAC	GACCAAACTC	ACAATGTTGT	CGTCACAGCC
HQ329662	ACAGCATTAA	GTTTATTGAT	CGCGCAGAA	TTAAGCCAAC	CTGGGGCCCT	TTTAGGGGAT	GACCAAACTC	ACAATGTTGT	CGTCACAGCC
KX559047	ACAGCATTAA	GTTTATTGAT	CGCGCAGAA	TTAAGCCAAC	CGGGGACCCT	TTTAGGGGAC	GACCAAACTC	ACAATGTTGT	CGTCACAGCC
MW122292	ACAGCATTAA	GTTTATTGAT	CGCGCAGAA	TTAAGCCAAC	CTGGGGCCCT	TTTAGGGGAT	GACCAAACTC	ACAATGTTGT	CGTCACAGCC
KM216749	ACAGCATTAA	GTTTATTGAT	CGCGCAGAA	TTAAGCCAAC	CTGGGGCCCT	TTTAGGGGAT	GACCAAACTC	ACAATGTTGT	CGTCACAGCC
HQ329663	ACAGCATTAA	GTTTATTGAT	CGCGCAGAA	TTAAGCCAAC	CGGGGACCCT	TTTAGGGGAC	GACCAAACTC	ACAATGTTGT	CGTCACAGCC
HQ329668	ACAGCATTAA	GTTTATTGAT	CGCGCAGAA	TTAAGCCAAC	CGGGGACCCT	TTTAGGGGAC	GACCAAACTC	ACAATGTTGT	CGTCACAGCC
HQ329661	ACAGCATTAA	GTTTATTGAT	CGCGCAGAA	TTAAGCCAAC	CGGGGACCCT	TTTAGGGGAC	GACCAAACTC	ACAATGTTGT	CGTCACAGCC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****
	190	200	210	220	230	240	250	260	270
HTO01	CATGCTTTCA	TTATAATTTT	CTTCATAGTT	ATACCAATTA	TAATTGGCGG	GTTTGGGAAC	TGACTCGTGC	CATTAATAAT	TGGAGCGCCA
HTO02	CATGCTTTCA	TTATAATTTT	CTTCATAGTT	ATACCAATTA	TAATTGGCGG	GTTTGGGAAC	TGACTCGTGC	CATTAATAAT	TGGAGCGCCA
HTO03	CATGCTTTCA	TTATAATTTT	CTTCATAGTT	ATACCAATTA	TAATTGGCGG	GTTTGGGAAC	TGACTCGTGC	CATTAATAAT	TGGAGCGCCA
HTO04	CATGCTTTCA	TTATAATTTT	CTTCATAGTT	ATACCAATTA	TAATTGGCGG	GTTTGGGAAC	TGACTCGTGC	CATTAATAAT	TGGAGCGCCA
HTO05	CATGCTTTCA	TTATAATTTT	CTTCATAGTT	ATACCAATTA	TAATTGGCGG	GTTTGGGAAC	TGACTCGTGC	CATTAATAAT	TGGAGCGCCA
HQ329667	CATGCTTTCA	TTATAATTTT	CTTCATAGTT	ATACCAATTA	TAATTCGTTG	ATTTGGGAAT	TGACTTGTGC	CATTAATAAT	CGGAGCAGCA
HQ329669	CATGCTTTCA	TTATAATTTT	CTTCATAGTT	ATACCAATTA	TAATTCGTTG	ATTTGGGAAT	TGACTTGTGC	CATTAATAAT	CGGAGCAGCA
HQ329670	CATGCTTTCA	TTATAATTTT	CTTCATAGTT	ATACCAATTA	TAATTCGTTG	GTTTCGGGAAT	TGACTTGTGC	CATTAATAAT	CGGAGCAGCA
HQ329665	CATGCTTTCA	TTATAATTTT	CTTCATAGTT	ATACCAATTA	TAATTCGTTG	GTTTCGGGAAT	TGACTTGTGC	CATTAATAAT	CGGAGCAGCA
HQ329662	CATGCTTTCA	TTATAATTTT	CTTCATAGTT	ATACCAATTA	TAATTCGTTG	GTTTGGGAAT	TGACTTGTGC	CATTAATAAT	TGGAGCGCCA
KX559047	CATGCTTTCA	TTATAATTTT	CTTCATAGTT	ATACCAATTA	TAATTCGTTG	GTTTGGGAAT	TGACTTGTGC	CATTAATAAT	TGGAGCGCCA
MW122292	CATGCTTTCA	TTATAATTTT	CTTCATAGTT	ATACCAATTA	TAATTCGTTG	GTTTGGGAAT	TGACTTGTGC	CATTAATAAT	TGGAGCGCCA
KM216749	CATGCTTTCA	TTATAATTTT	CTTCATAGTT	ATACCAATTA	TAATTCGTTG	GTTTGGGAAT	TGACTTGTGC	CATTAATAAT	TGGAGCGCCA
HQ329663	CATGCTTTCA	TTATAATTTT	CTTCATAGTT	ATACCAATTA	TAATTCGTTG	GTTTGGGAAT	TGACTTGTGC	CATTAATAAT	TGGAGCGCCA
HQ329668	CATGCTTTCA	TTATAATTTT	CTTCATAGTT	ATACCAATTA	TAATTCGTTG	GTTTGGGAAT	TGACTTGTGC	CATTAATAAT	TGGAGCGCCA
HQ329661	CATGCTTTCA	TTATAATTTT	CTTCATAGTT	ATACCAATTA	TAATTCGTTG	GTTTGGGAAT	TGACTTGTGC	CATTAATAAT	TGGAGCGCCA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****
	280	290	300	310	320	330	340	350	360
HTO01	GACATGGCAT	TTCCACGTAT	AAACAATATA	AGTTTTTGGC	TTTTACCCCT	TTTACCTAG	TTACTCCTAG	CATCATCAGG	AATTGAAGCA
HTO02	GACATGGCAT	TTCCACGTAT	AAACAATATA	AGTTTTTGGC	TTTTACCCCT	TTTACCTAG	TTACTCCTAG	CATCATCAGG	AATTGAAGCA
HTO03	GACATGGCAT	TTCCACGTAT	AAACAATATA	AGTTTTTGGC	TTTTACCCCT	TTTACCTAG	TTACTCCTAG	CATCATCAGG	AATTGAAGCA
HTO04	GACATGGCAT	TTCCACGTAT	AAACAATATA	AGTTTTTGGC	TTTTACCCCT	TTTACCTAG	TTACTCCTAG	CATCATCAGG	AATTGAAGCA
HTO05	GACATGGCAT	TTCCACGTAT	AAACAATATA	AGTTTTTGGC	TTTTACCCCT	TTTACCTAG	TTACTCCTAG	CATCATCAGG	AATTGAAGCA
HQ329667	GATATGGCAT	TTCCACGTAT	AAACAATATA	AGTTTTTGGC	TTTTACCTCC	TTTACCTAG	TTACTCCTAG	CATCATCAGG	AATTGAAGCA
HQ329669	GATATGGCAT	TTCCACGTAT	AAACAATATA	AGTTTTTGGC	TTTTACCTCC	TTTACCTAG	TTACTCCTAG	CATCATCAGG	AATTGAAGCA
HQ329670	GATATGGCAT	TTCCACGTAT	AAACAATATA	AGTTTTTGGC	TTTTACCTCC	TTTACCTAG	TTACTCCTAG	CATCATCAGG	AATTGAAGCA
HQ329665	GATATGGCAT	TTCCACGTAT	AAACAATATA	AGTTTTTGGC	TTTTACCTCC	TTTACCTAG	TTACTCCTAG	CATCATCAGG	AATTGAAGCA
HQ329662	GATATGGCAT	TTCCACGTAT	AAACAATATA	AGTTTTTGGC	TTTTACCCCT	TTTACCTAG	TTACTCCTAG	CATCATCAGG	AATTGAAGCA
KX559047	GATATGGCAT	TTCCACGTAT	AAACAATATA	AGTTTTTGGC	TTTTACCCCT	TTTACCTAG	TTACTCCTAG	CATCATCAGG	AATTGAAGCA
MW122292	GACATGGCAT	TTCCACGTAT	AAACAATATA	AGTTTTTGGC	TTTTACCCCT	TTTACCTAG	TTACTCCTAG	CATCATCAGG	AATTGAAGCA
KM216749	GACATGGCAT	TTCCACGTAT	AAACAATATA	AGTTTTTGGC	TTTTACCCCT	TTTACCTAG	TTACTCCTAG	CATCATCAGG	AATTGAAGCA
HQ329663	GATATGGCAT	TTCCACGTAT	AAACAATATA	AGTTTTTGGC	TTTTACCCCT	TTTACCTAG	TTACTCCTAG	CATCATCAGG	AATTGAAGCA
HQ329668	GATATGGCAT	TTCCACGTAT	AAACAATATA	AGTTTTTGGC	TTTTACCCCT	TTTACCTAG	TTACTCCTAG	CATCATCAGG	AATTGAAGCA
HQ329661	GATATGGCAT	TTCCACGTAT	AAACAATATA	AGTTTTTGGC	TTTTACCCCT	TTTACCTAG	TTACTCCTAG	CATCATCAGG	AATTGAAGCA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****
	370	380	390	400	410	420	430	440	450
HTO01	GGCAGGCA	CAGGCTGAAC	TGTATACCCC	CCATTAGCCG	GAAATTTAGC	CCAGCCCGGT	GCCTCTGTAG	ACCTGACTAT	CTTTTCTCTT
HTO02	GGCAGGCA	CAGGCTGAAC	TGTATACCCC	CCATTAGCCG	GAAATTTAGC	CCAGCCCGGT	GCCTCTGTAG	ACCTGACTAT	CTTTTCTCTT
HTO03	GGCAGGCA	CAGGCTGAAC	TGTATACCCC	CCATTAGCCG	GAAATTTAGC	CCAGCCCGGT	GCCTCTGTAG	ACCTGACTAT	CTTTTCTCTT
HTO04	GGCAGGCA	CAGGCTGAAC	TGTATACCCC	CCATTAGCCG	GAAATTTAGC	CCAGCCCGGT	GCCTCTGTAG	ACCTGACTAT	CTTTTCTCTT
HTO05	GGCAGGCA	CAGGCTGAAC	TGTATACCCC	CCATTAGCCG	GAAATTTAGC	CCAGCCCGGT	GCCTCTGTAG	ACCTGACTAT	CTTTTCTCTT
HQ329667	GGCAGGCA	CAGGCTGAAC	TGTATACCCA	CCATTAGCCG	GAAACTTAGC	CCAGCCCGGT	GCCTCTGTAG	ACCTAACTAT	CTTTTCTCTT
HQ329669	GGCAGGCA	CAGGCTGAAC	TGTATACCCA	CCATTAGCCG	GAAACTTAGC	CCAGCCCGGT	GCCTCTGTAG	ACCTAACTAT	CTTTTCTCTT
HQ329670	GGCAGGCA	CAGGCTGAAC	TGTATACCCC	CCATTAGCCG	GAAATTTAGC	CCAGCCCGGT	GCCTCTGTAG	ACCTAACTAT	CTTTTCTCTT
HQ329665	GGCAGGCA	CAGGCTGAAC	TGTATACCCC	CCATTAGCCG	GAAATTTAGC	CCAGCCCGGT	GCCTCTGTAG	ACCTAACTAT	CTTTTCTCTT
HQ329662	GGCAGGCA	CAGGCTGAAC	TGTATACCCC	CCATTAGCCG	GAAATTTAGC	CCAGCCCGGT	GCCTCTGTAG	ACCTAACTAT	CTTTTCTCTT
KX559047	GGCAGGCA	CAGGCTGAAC	TGTATACCCC	CCATTAGCCG	GAAATTTAGC	CCAGCCCGGT	GCCTCTGTAG	ACCTAACTAT	CTTTTCTCTT
MW122292	GGCAGGCA	CAGGCTGAAC	TGTATACCCC	CCATTAGCCG	GAAATTTAGC	CCAGCCCGGT	GCCTCTGTAG	ACCTGACTAT	CTTTTCTCTT
KM216749	GGCAGGCA	CAGGCTGAAC	TGTATACCCC	CCATTAGCCG	GAAATTTAGC	CCAGCCCGGT	GCCTCTGTAG	ACCTGACTAT	CTTTTCTCTT
HQ329663	GGCAGGCA	CAGGCTGAAC	TGTATACCCC	CCATTAGCCG	GAAATTTAGC	CCAGCCCGGT	GCCTCTGTAG	ACCTGACTAT	CTTTTCTCTT
HQ329668	GGCAGGCA	CAGGCTGAAC	TGTATACCCC	CCATTAGCCG	GAAATTTAGC	CCAGCCCGGT	GCCTCTGTAG	ACCTGACTAT	CTTTTCTCTT
HQ329661	GGCAGGCA	CAGGCTGAAC	TGTATACCCC	CCATTAGCCG	GAAATTTAGC	CCAGCCCGGT	GCCTCTGTAG	ACCTGACTAT	CTTTTCTCTT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****

Asterisks indicate the identical sequences among haplotypes, respectively

Dashes indicate the no data from each haplotype sequence.

Appendix 4. Continued

	1360	1370	1380	1390	1400	1410	1420	1430	1440
HTO01	AATTCTATTT	CATCAATCGG	ATCCCTAATT	TCCCTAGTAG	CAGTAATTAT	AATAATATAT	ATTATCTGAG	AAGC-----	-----
HTO02	AATTCTATTT	CATCAATCGG	ATCCCTAATT	TCCCTAGTAG	CAGTAATTAT	AATAATATAT	ATTATCTGAG	AAGCATTCTC	CTCAAAGCGA
HTO03	AATTCTATTT	CATCAATCGG	ATCCCTAATT	TCCCTAGTAG	CAGTAATTAT	AATAATATAT	ATTATCTGAG	AAGCATTCTC	CTCAAAGCGA
HTO04	AATTCTATTT	CATCAATCGG	ATCCCTAATT	TCCCTAGTAG	CAGTAATTAT	AATAATATAT	ATTATCTGAG	AAGCATTCTC	CTCAAAGCGA
HTO05	AATTCTATTT	CATCAATCGG	ATCCCTAATT	TCCCTAGTAG	CAGTAATTAT	AATAATATAT	ATTATCTGAG	AAGCATTCTC	CTCAAAGCGA
HQ329667	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
HQ329669	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
HQ329670	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
HQ329665	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
HQ329662	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
KX559047	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
MW122292	AATTCTATTT	CATCAATCGG	ATCCCTAATT	TCCCTAGTAG	CAGTAATTAT	AATAATATAT	ATTATCTGAG	AAGCATTCTC	CTCAAAGCGA
KM216749	AATTCTATTT	CATCAATCGG	ATCCCTAATT	TCCCTAGTAG	CAGTAATTAT	AATAATATAT	ATTATCTGAG	AAGCATTCTC	CTCAAAGCGA
HQ329663	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
HQ329668	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
HQ329661	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
Consensus	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
	1450	1460	1470	1480	1490	1500	1510	1520	1530
HTO01	AAAGTTATAA	AAGCTGAAC	CACAACCACC	AATGTAGAGT	GACTTCATGG	CTGTCCACCT	CCCTACCATA	CCTATGAGGA	GCCAGCCCAT
HTO02	AAAGTTATAA	AAGCTGAAC	CACAACCACC	AATGTAGAGT	GACTTCATGG	CTGTCCACCT	CCCTACCATA	CCTATGAGGA	GCCAGCCCAT
HTO03	AAAGTTATAA	AAGCTGAAC	CACAACCACC	AATGTAGAGT	GACTTCATGG	CTGTCCACCT	CCCTACCATA	CCTATGAGGA	GCCAGCCCAT
HTO04	AAAGTTATAA	AAGCTGAAC	CACAACCACC	AATGTAGAGT	GACTTCATGG	CTGTCCACCT	CCCTACCATA	CCTATGAGGA	GCCAGCCCAT
HTO05	AAAGTTATAA	AAGCTGAAC	CACAACCACC	AATGTAGAGT	GACTTCATGG	CTGTCCACCT	CCCTACCATA	CCTATGAGGA	GCCAGCCCAT
HQ329667	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
HQ329669	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
HQ329670	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
HQ329665	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
HQ329662	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
KX559047	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
MW122292	AAAGTTATAA	AAGCTGAAC	CACAACCACC	AATGTAGAGT	GACTTCATGG	CTGTCCACCT	CCCTACCATA	CCTATGAGGA	GCCAGCCCAT
KM216749	AAAGTTATAA	AAGCTGAAC	CACAACCACC	AATGTAGAGT	GACTTCATGG	CTGTCCACCT	CCCTACCATA	CCTATGAGGA	GCCAGCCCAT
HQ329663	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
HQ329668	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
HQ329661	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
Consensus	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
	1540								
HTO01	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
HTO02	GFACTAAA--	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
HTO03	GFACTAAAC	CAAGA	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
HTO04	GFACTAAA--	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
HTO05	GFACTAAA--	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
HQ329667	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
HQ329669	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
HQ329670	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
HQ329665	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
HQ329662	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
KX559047	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
MW122292	GFACTAAAC	CAAGA	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
KM216749	GFACTAAAC	CAAGA	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
HQ329663	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
HQ329668	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
HQ329661	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
Consensus	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----

Appendix 5. Multiple alignments of *CYTB* haplotype sequences of *Pseudemys*

	10	20	30	40	50	60	70	80	90
HPC01	ATGACCATAA	ACTACCGAAA	AACCCACCCA	CTAACAAAA	TCATCAACAA	CTCATTTCATT	GATCTACCAA	GCCCTCCAA	CATCTCTGCC
HPC02	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
HPC03	ATGACCATAA	ACTACCGAAA	AACCCACCCA	CTAACAAAA	TCATCAACAA	CTCATTTCATT	GATCTACCAA	GCCCTCCAA	CATCTCTGCC
HPC04	ATGACCATAA	ACTACCGAAA	AACCCACCCA	CTAACAAAA	TCATCAACAA	CTCATTTCATT	GATCTACCAA	GCCCTCCAA	CATCTCTGCC
HPC05	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
HPC06	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
HPC07	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
GQ395717	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
HE590308	ATGACCATAA	ACTACCGAAA	AACCCACCCA	CTAACAAAA	TCATCAACAA	CTCATTTCATT	GATCTACCAA	GCCCTCCAA	CATCTCTGCC
FJ770606	-----	-----	-----	-----	-----CAA	CTCATTTCATT	GATCTACCAA	GCCCTCCAA	CATCTCTGCC
MZ043614	ATGACCATAA	ACTACCGAAA	AACCCACCCA	CTAACAAAA	TCATCAACAA	CTCATTTCATT	GATCTACCAA	GCCCTCCAA	CATCTCTGCC
MZ043615	ATGACCATAA	ACTACCGAAA	AACCCACCCA	CTAACAAAA	TCATCAACAA	CTCATTTCATT	GATCTACCAA	GCCCTCCAA	CATCTCTGCC
HE590309	ATGACCATAA	ACTACCGAAA	AACCCACCCA	CTAACAAAA	TCATCAACAA	CTCATTTCATT	GATCTACCAA	GCCCTCCAA	CATCTCTGCC
GQ395712	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
GQ395700	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
Consensus	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
	100	110	120	130	140	150	160	170	180
HPC01	TGATGAAACT	TTGGATCCTT	ACTAGGCACT	TGCTTAATTC	TACAAAACCTT	TACCGGAATC	TTCTTAGCTA	TACACTATTC	CCCAGACATT
HPC02	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	---AGACATT
HPC03	TGATGAAACT	TTGGATCCTT	ACTAGGCACT	TGCTTAATTC	TACAAAACCTT	TACCGGAATC	TTCTTAGCTA	TACACTATTC	CCCAGACATT
HPC04	TGATGAAACT	TTGGATCCTT	ACTAGGCACT	TGCTTAATTC	TACAAAACCTT	TACCGGAATC	TTCTTAGCTA	TACACTATTC	CCCAGACATT
HPC05	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
HPC06	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
HPC07	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
GQ395717	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
HE590308	TGATGAAACT	TTGGATCCTT	ACTAGGCACT	TGCTTAATTC	TACAAAACCTT	TACCGGAATC	TTCTTAGCTA	TACACTATTC	CCCAGACATT
FJ770606	TGATGAAACT	TTGGATCCTT	ACTAGGCACT	TGCTTAATTC	TACAAAACCTT	TACCGGAATC	TTCTTAGCTA	TACACTATTC	CCCAGACATT
MZ043614	TGATGAAACT	TTGGATCCTT	ACTAGGCACT	TGCTTAATTC	TACAAAACCTT	TACCGGAATC	TTCTTAGCTA	TACACTATTC	CCCAGACATT
MZ043615	TGATGAAACT	TTGGATCCTT	ACTAGGCACT	TGCTTAATTC	TACAAAACCTT	TACCGGAATC	TTCTTAGCTA	TACACTATTC	CCCAGACATT
HE590309	TGATGAAACT	TTGGATCCTT	ACTAGGCACT	TGCTTAATTC	TACAAAACCTT	TACCGGAATC	TTCTTAGCTA	TACACTATTC	CCCAGACATT
GQ395712	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	---AGACATT
GQ395700	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	---AGACATT
Consensus	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	---AGACATT
	190	200	210	220	230	240	250	260	270
HPC01	TCACTAGCAT	TCTCATCAGT	AACCCATATC	ACCCGAGATG	TACAATACGG	GTGACTTATC	CGCAATATAC	ATGCTAACGG	TGCCTCCTCT
HPC02	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
HPC03	TCACTAGCAT	TCTCATCAGT	AACCCATATC	ACCCGAGATG	TACAATACGG	GTGACTTATC	CGCAATATAC	ATGCTAACGG	TGCCTCCTCT
HPC04	TCACTAGCAT	TCTCATCAGT	AACCCATATC	ACCCGAGATG	TACAATACGG	GTGACTTATC	CGCAATATAC	ATGCTAACGG	TGCCTCCTCT
HPC05	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
HPC06	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
HPC07	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
GQ395717	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
HE590308	TCACTAGCAT	TCTCATCAGT	AACCCATATC	ACCCGAGATG	TACAATACGG	GTGACTTATC	CGCAATATAC	ATGCTAACGG	TGCCTCCTCT
FJ770606	TCACTAGCAT	TCTCATCAGT	AACCCATATC	ACCCGAGATG	TACAATACGG	GTGACTTATC	CGCAATATAC	ATGCTAACGG	TGCCTCCTCT
MZ043614	TCACTAGCAT	TCTCATCAGT	AACCCATATC	ACCCGAGATG	TACAATACGG	GTGACTTATC	CGCAATATAC	ATGCTAACGG	TGCCTCCTCT
MZ043615	TCACTAGCAT	TCTCATCAGT	AACCCATATC	ACCCGAGATG	TACAATACGG	GTGACTTATC	CGCAATATAC	ATGCTAACGG	TGCCTCCTCT
HE590309	TCACTAGCAT	TCTCATCAGT	AACCCATATC	ACCCGAGATG	TACAATACGG	GTGACTTATC	CGCAATATAC	ATGCTAACGG	TGCCTCCTCT
GQ395712	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
GQ395700	TCACTAGCAT	TCTCATCAGT	AACCCATATC	ACCCGAGATG	TACAATACGG	GTGACTTATC	CGCAATATAC	ATGCTAACGG	TGCCTCCTCT
Consensus	-----	-----	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****
	280	290	300	310	320	330	340	350	360
HPC01	TTCTTCATAT	GCATTTATCT	CCACATTGGA	CGAGGACTTT	ACTACGGCTC	ATACTTATAT	AAAGAAACCT	GAAACACAGG	AATTATCCTA
HPC02	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
HPC03	TTCTTCATAT	GCATTTATCT	CCACATTGGA	CGAGGACTTT	ACTACGGCTC	ATACTTATAT	AAAGAAACCT	GAAACACAGG	AATTATCCTA
HPC04	TTCTTCATAT	GCATTTATCT	CCACATTGGA	CGAGGACTTT	ACTACGGCTC	ATACTTATAT	AAAGAAACCT	GAAACACAGG	AATTATCCTA
HPC05	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
HPC06	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
HPC07	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
GQ395717	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
HE590308	TTCTTCATAT	GCATTTATCT	CCACATTGGA	CGAGGACTTT	ACTACGGCTC	ATACTTATAT	AAAGAAACCT	GAAACACAGG	AATTATCCTA
FJ770606	TTCTTCATAT	GCATTTATCT	CCACATTGGA	CGAGGACTTT	ACTACGGCTC	ATACTTATAT	AAAGAAACCT	GAAACACAGG	AATTATCCTA
MZ043614	TTCTTCATAT	GCATTTATCT	CCACATTGGA	CGAGGACTTT	ACTACGGCTC	ATACTTATAT	AAAGAAACCT	GAAACACAGG	AATTATCCTA
MZ043615	TTCTTCATAT	GCATTTATCT	CCACATTGGA	CGAGGACTTT	ACTACGGCTC	ATACTTATAT	AAAGAAACCT	GAAACACAGG	AATTATCCTA
HE590309	TTCTTCATAT	GCATTTATCT	CCACATTGGA	CGAGGACTTT	ACTACGGCTC	ATACTTATAT	AAAGAAACCT	GAAACACAGG	AATTATCCTA
GQ395712	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
GQ395700	TTCTTCATAT	GCATTTATCT	CCACATTGGA	CGAGGACTTT	ACTACGGCTC	ATACTTATAT	AAAGAAACCT	GAAACACAGG	AATTATCCTA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****
	370	380	390	400	410	420	430	440	450
HPC01	CTACTCCTAA	CAATAGCCAC	CGCATTTCATA	GGTTATGTAC	TACCATGAGG	CAAATATCC	TTCTGAGGTG	CAACCGTTAT	TACCAACCTC
HPC02	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
HPC03	CTACTCCTAA	CAATAGCCAC	CGCATTTCATA	GGTTATGTAC	TACCATGAGG	CAAATATCC	TTCTGAGGTG	CAACCGTTAT	TACCAACCTC
HPC04	CTACTCCTAA	CAATAGCCAC	CGCATTTCATA	GGTTATGTAC	TACCATGAGG	CAAATATCC	TTCTGAGGTG	CAACCGTTAT	TACCAACCTC
HPC05	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
HPC06	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
HPC07	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
GQ395717	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
HE590308	CTACTCCTAA	CAATAGCCAC	CGCATTTCATA	GGTTATGTAC	TACCATGAGG	CAAATATCC	TTCTGAGGTG	CAACCGTTAT	TACCAACCTC
FJ770606	CTACTCCTAA	CAATAGCCAC	CGCATTTCATA	GGTTATGTAC	TACCATGAGG	CAAATATCC	TTCTGAGGTG	CAACCGTTAT	TACCAACCTC
MZ043614	CTACTCCTAA	CAATAGCCAC	CGCATTTCATA	GGTTATGTAC	TACCATGAGG	CAAATATCC	TTCTGAGGTG	CAACCGTTAT	TACCAACCTC
MZ043615	CTACTCCTAA	CAATAGCCAC	CGCATTTCATA	GGTTATGTAC	TACCATGAGG	CAAATATCC	TTCTGAGGTG	CAACCGTTAT	TACCAACCTC
HE590309	CTACTCCTAA	CAATAGCCAC	CGCATTTCATA	GGTTATGTAC	TACCATGAGG	CAAATATCC	TTCTGAGGTG	CAACCGTTAT	TACCAACCTC
GQ395712	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
GQ395700	CTACTCCTAA	CAATAGCCAC	CGCATTTCATA	GGTTATGTAC	TACCATGAGG	CAAATATCA	TTCTGAGGTG	CAACCGTTAT	TACCAACCTC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****

Asterisks indicate the identical sequences among haplotypes, respectively

Dashes indicate the no data from each haplotype sequence.

Appendix 5. Continued

	910	920	930	940	950	960	970	980	990
HPC01	GTATTATTCT	TAATGCCCGC	CCTACATACA	TCAAAACAAC	GAACAGCTCA	ATTCCGACCA	CTCACACAAA	TCCTATTCTG	ATCTTTCACC
HPC02	GTATTATTCT	TAATGCCCGC	CCTACATACA	TCAAAACAAC	GAACAGCTCA	ATTCCGACCA	CTCACACAAA	TCCTATTCTG	ATCTTTCACC
HPC03	GTATTATTCT	TAATGCCCGC	CCTACATACA	TCAAAACAAC	GAACAGCTCA	ATTCCGACCA	CTCACACAAA	TCCTATTCTG	ATCTTTCACC
HPC04	GTATTATTCT	TAATGCCCGC	CCTACATACA	TCAAAACAAC	GAACAGCTCA	ATTCCGACCA	CTCACACAAA	TCCTATTCTG	ATCTTTCACC
HPC05	GTATTATTCT	TAATGCCCGC	CCTACATACA	TCAAAACAAC	GAACAGCTCA	ATTCCGACCA	CTCACACAAA	TCCTATTCTG	ATCTTTCACC
HPC06	GTATTATTCT	TAATGCCCGC	CCTACATACA	TCAAAACAAC	GAACAGCTCA	ATTCCGACCA	CTCACACAAA	TCCTATTCTG	ATCTTTCACC
HPC07	GTATTATTCT	TAATGCCCGC	CCTACATACA	TCAAAACAAC	GAACAGCTCA	ATTCCGACCA	CTCACACAAA	TCCTATTCTG	ATCTTTCACC
Q395717	GTATTATTCT	TAATGCCCGC	CCTACATACA	TCAAAACAAC	GAACAGCTCA	ATTCCGACCA	CTCACACAAA	TCCTATTCTG	ATCTTTCACC
HE590308	GTATTATTCT	TAATGCCCGC	CCTACATACA	TCAAAACAAC	GAACAGCTCA	ATTCCGACCA	CTCACACAAA	TCCTATTCTG	ATCTTTCACC
F7770606	GTATTATTCT	TAATGCCCGC	CCTACATACA	TCAAAACAAC	GAACAGCTCA	ATTCCGACCA	CTCACACAAA	TCCTATTCTG	ATCTTTCACC
M2043614	GTATTATTCT	TAATGCCCGC	CCTACATACA	TCAAAACAAC	GAACAGCTCA	ATTCCGACCA	CTCACACAAA	TCCTATTCTG	ATCTTTCACC
M2043615	GTATTATTCT	TAATGCCCGC	CCTACATACA	TCAAAACAAC	GAACAGCTCA	ATTCCGACCA	CTCACACAAA	TCCTATTCTG	ATCTTTCACC
HE590309	GTATTATTCT	TAATGCCCGC	CCTACATACA	TCAAAACAAC	GAACAGCTCA	ATTCCGACCA	CTCACACAAA	TCCTATTCTG	ATCTTTCACC
Q395712	GTATTATTCT	TAATGCCCGC	CCTACATACA	TCAAAACAAC	GAACAGCTCA	ATTCCGA---	-----	-----	-----
Q395700	GTATTATTCT	TAATGCCCGC	CCTACATACA	TCAAAACAAC	GAACAGCTCA	ATTCCGA---	-----	-----	-----
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****
	1000	1010	1020	1030	1040	1050	1060	1070	1080
HPC01	GCCAACTTTC	TAGTACTAAC	ATGAATCGGA	GGACAACCTG	TTGAAAACCC	ATTTATTATA	ATTGGCCAAG	TAGCCTCCAT	TATCTACTTC
HPC02	GCC-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
HPC03	GCCAACTTTC	TAGTACTAAC	ATGAATCGGA	GGACAACCTG	TTGAAAACCC	ATTTATTATA	ATTGGCCAAG	TAGCCTCCAT	TATCTACTTC
HPC04	GCCAACTTTC	TAGTACTAAC	ATGAATCGGA	GGACAACCTG	TTGAAAACCC	ATTTATTATA	ATTGGCCAAG	TAGCCTCCAT	TATCTACTTC
HPC05	GCC-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
HPC06	GCC-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
HPC07	GCC-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
Q395717	GCCAACTTTC	TAGTACTAAC	ATGAATCGGA	GGACAACCTG	TTGAAAACCC	ATTTATTATA	ATTGGCCAAG	TAGCCTCCAT	TATCTACTTC
HE590308	GCCAACTTTC	TAGTACTAAC	ATGAATCGGA	GGACAACCTG	TTGAAAACCC	ATTTATTATA	ATTGGCCAAG	TAGCCTCCAT	TATCTACTTC
F7770606	GCCAACTTTC	TAGTACTAAC	ATGAATCGGA	GGACAACCTG	TTGAAAACCC	ATTTATTATA	ATTGGCCAAG	TAGCCTCCAT	TATCTACTTC
M2043614	GCCAACTTTC	TAGTACTAAC	ATGAATCGGA	GGACAACCTG	TTGAAAACCC	ATTTATTATA	ATTGGCCAAG	TAGCCTCCAT	TATCTACTTC
M2043615	GCCAACTTTC	TAGTACTAAC	ATGAATCGGA	GGACAACCTG	TTGAAAACCC	ATTTATTATA	ATTGGCCAAG	TAGCCTCCAT	TATCTACTTC
HE590309	GCCAACTTTC	TAGTACTAAC	ATGAATCGGA	GGACAACCTG	TTGAAAACCC	ATTTATTATA	ATTGGCCAAG	TAGCCTCCAT	TATCTACTTC
Q395712	GCCAACTTTC	TAGTACTAAC	ATGAATCGGA	GGACAACCTG	TTGAAAACCC	ATTTATTATA	ATTGGCCAAG	TAGCCTCCAT	TATCTACTTC
Q395700	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
Consensus	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
	1090	1100	1110	1120	1130	1140			
HPC01	TCAACCTTAT	TAATCCTTAT	CCCTGCCGCA	GGTATAATCG	AAAACAAAAT	ACTAGCTTAA			
HPC02	-----	-----	-----	-----	-----	-----			
HPC03	TCAACCTTAT	TAATCCTTAT	CCCTGCCGCA	GGTATAATCG	AAAACAAAAT	ACTAGCTTAA			
HPC04	TCAACCTTAT	TAATCCTTAT	CCCTGCCGCA	GGTATAATCG	AAAACAAAAT	ACTAGCTTAA			
HPC05	-----	-----	-----	-----	-----	-----			
HPC06	-----	-----	-----	-----	-----	-----			
HPC07	-----	-----	-----	-----	-----	-----			
Q395717	-----	-----	-----	-----	-----	-----			
HE590308	TCAACCTTAT	TAATCCTTAT	CCCTGCCGCA	GGTATAATCG	AAAACAAAAT	ACTAGCTTAA			
F7770606	T-----	-----	-----	-----	-----	-----			
M2043614	TCAACCTTAT	TAATCCTTAT	CCCTGCCGCA	GGTATAATCG	AAAACAAAAT	ACTAGCTTAA			
M2043615	TCAACCTTAT	TAATCCTTAT	CCCTGCCGCA	GGTATAATCG	AAAACAAAAT	ACTAGCTTAA			
HE590309	TCAACCTTAT	TAATCCTTAT	CCCTGCCGCA	GGTATAATCG	AAAACAAAAT	ACTAGCTTAA			
Q395712	-----	-----	-----	-----	-----	-----			
Q395700	-----	-----	-----	-----	-----	-----			
Consensus	-----	-----	-----	-----	-----	-----			

Appendix 6. Multiple alignments of *COI* haplotype sequences of *Pseudemys*

	10	20	30	40	50	60	70	80	90
HPO01	GTGATTTT	CCCGCTGATT	TTTCTCTACC	AACCATAAAG	ACATTGGCAC	CTTATATTTT	ATTTTCGGGG	CCTGAGCAGG	AATAGTAGGC
HPO02	GTGATTTT	CCCGCTGATT	TTTCTCTACC	AACCATAAAG	ACATTGGCAC	CTTATATTTT	ATTTTCGGGG	CCTGAGCAGG	AATAGTAGGC
HPO03	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
HPO04	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
HPO05	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
MZ043616	GTGATTTT	CCCGCTGATT	TTTCTCTACC	AACCATAAAG	ACATTGGCAC	CTTATATTTT	ATTTTCGGGG	CCTGAGCAGG	AATAGTAGGC
MZ043617	GTGATTTT	CCCGCTGATT	TTTCTCTACC	AACCATAAAG	ACATTGGCAC	CTTATATTTT	ATTTTCGGGG	CCTGAGCAGG	AATAGTAGGC
KC687333	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
KC687257	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
KC687320	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
KC687325	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
KC687330	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
KC687316	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****
	100	110	120	130	140	150	160	170	180
HPO01	ACAGCATTAA	GCTTATTAAT	CCGCGCAGAA	CTAAGCCAAC	CAGGTACCCT	TTTAGGAGAT	GACCAAGTCT	ATAATGTTAT	CGTCACAGCC
HPO02	ACAGCATTAA	GCTTATTAAT	CCGCGCAGAA	CTAAGCCAAC	CAGGTACCCT	TTTAGGAGAT	GACCAAGTCT	ATAATGTTAT	CGTCACAGCC
HPO03	ACAGCATTAA	GCTTATTAAT	CCGCGCAGAA	CTAAGCCAAC	CAGGTACCCT	TTTAGGAGAT	GACCAAGTCT	ATAATGTTAT	CGTCACAGCC
HPO04	ACAGCATTAA	GCTTATTAAT	CCGCGCAGAA	CTAAGCCAAC	CAGGTACCCT	TTTAGGAGAT	GACCAAGTCT	ATAATGTTAT	CGTCACAGCC
HPO05	ACAGCATTAA	GCTTATTAAT	CCGCGCAGAA	CTAAGCCAAC	CAGGTACCCT	TTTAGGAGAT	GACCAAGTCT	ATAATGTTAT	CGTCACAGCC
MZ043616	ACAGCATTAA	GCTTATTAAT	CCGCGCAGAA	CTAAGCCAAC	CAGGTACCCT	TTTAGGAGAT	GACCAAGTCT	ATAATGTTAT	CGTCACAGCC
MZ043617	ACAGCATTAA	GCTTATTAAT	CCGCGCAGAA	CTAAGCCAAC	CAGGTACCCT	TTTAGGAGAT	GACCAAGTCT	ATAATGTTAT	CGTCACAGCC
KC687333	ACAGCATTAA	GCTTATTAAT	CCGCGCAGAA	CTAAGCCAAC	CAGGTACCCT	TTTAGGAGAT	GACCAAGTCT	ATAATGTTAT	CGTCACAGCC
KC687257	ACAGCATTAA	GCTTATTAAT	CCGCGCAGAA	CTAAGCCAAC	CAGGTACCCT	TTTAGGAGAT	GACCAAGTCT	ATAATGTTAT	CGTCACAGCC
KC687320	ACAGCATTAA	GCTTATTAAT	CCGCGCAGAA	CTAAGCCAAC	CAGGTACCCT	TTTAGGAGAT	GACCAAGTCT	ATAATGTTAT	CGTCACAGCC
KC687325	ACAGCATTAA	GCTTATTAAT	CCGCGCAGAA	CTAAGCCAAC	CAGGTACCCT	TTTAGGAGAT	GACCAAGTCT	ATAATGTTAT	CGTCACAGCC
KC687330	ACAGCATTAA	GCTTATTAAT	CCGCGCAGAA	CTAAGCCAAC	CAGGTACCCT	TTTAGGAGAT	GACCAAGTCT	ATAATGTTAT	CGTCACAGCC
KC687316	ACAGCATTAA	GCTTATTAAT	CCGCGCAGAA	CTAAGCCAAC	CAGGTACCCT	TTTAGGAGAT	GACCAAGTCT	ATAATGTTAT	CGTCACAGCC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****
	190	200	210	220	230	240	250	260	270
HPO01	CATGCTTTTA	TTATAATTTT	TTTCATAGTT	ATGCCAATTA	TAATTGGTGG	ATTTGGAAAT	TGACTTGTAC	CACCTGATAAT	TGGAGCACCA
HPO02	CATGCTTTTA	TTATAATTTT	TTTCATAGTT	ATGCCAATTA	TAATTGGTGG	ATTTGGAAAT	TGACTTGTAC	CACCTGATAAT	TGGAGCACCA
HPO03	CATGCTTTTA	TTATAATTTT	TTTCATAGTT	ATGCCAATTA	TAATTGGTGG	ATTTGGAAAT	TGACTTGTAC	CACCTGATAAT	TGGAGCACCA
HPO04	CATGCTTTTA	TTATAATTTT	TTTCATAGTT	ATGCCAATTA	TAATTGGTGG	ATTTGGAAAT	TGACTTGTAC	CACCTGATAAT	TGGAGCACCA
HPO05	CATGCTTTTA	TTATAATTTT	TTTCATAGTT	ATGCCAATTA	TAATTGGTGG	ATTTGGAAAT	TGACTTGTAC	CACCTGATAAT	TGGAGCACCA
MZ043616	CATGCTTTTA	TTATAATTTT	TTTCATAGTT	ATGCCAATTA	TAATTGGTGG	ATTTGGAAAT	TGACTTGTAC	CACCTGATAAT	TGGAGCACCA
MZ043617	CATGCTTTTA	TTATAATTTT	TTTCATAGTT	ATGCCAATTA	TAATTGGTGG	ATTTGGAAAT	TGACTTGTAC	CACCTGATAAT	TGGAGCACCA
KC687333	CATGCTTTTA	TTATAATTTT	TTTCATAGTT	ATGCCAATTA	TAATTGGTGG	ATTTGGAAAT	TGACTTGTAC	CACCTGATAAT	TGGAGCACCA
KC687257	CATGCTTTTA	TTATAATTTT	TTTCATAGTT	ATGCCAATTA	TAATTGGTGG	ATTTGGAAAT	TGACTTGTAC	CACCTGATAAT	TGGAGCACCA
KC687320	CATGCTTTTA	TTATAATTTT	TTTCATAGTT	ATGCCAATTA	TAATTGGTGG	ATTTGGAAAT	TGACTTGTAC	CACCTGATAAT	TGGAGCACCA
KC687325	CATGCTTTTA	TTATAATTTT	TTTCATAGTT	ATGCCAATTA	TAATTGGTGG	ATTTGGAAAT	TGACTTGTAC	CACCTGATAAT	TGGAGCACCA
KC687330	CATGCTTTTA	TTATAATTTT	TTTCATAGTT	ATGCCAATTA	TAATTGGTGG	ATTTGGAAAT	TGACTTGTAC	CACCTGATAAT	TGGAGCACCA
KC687316	CATGCTTTTA	TTATAATTTT	TTTCATAGTT	ATGCCAATTA	TAATTGGTGG	ATTTGGAAAT	TGACTTGTAC	CACCTGATAAT	TGGAGCACCA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****
	280	290	300	310	320	330	340	350	360
HPO01	GATATAGCAT	TTCCACGTAT	AAACAACATA	AGTTTTTGAC	TTTTAGCCCT	TTTACCTACTA	TACTTCTAG	CATCATCAGG	AATTGAAGCA
HPO02	GATATAGCAT	TTCCACGTAT	AAACAACATA	AGTTTTTGAC	TTTTAGCCCT	TTTACCTACTA	TACTTCTAG	CATCATCAGG	AATTGAAGCA
HPO03	GATATAGCAT	TTCCACGTAT	AAACAACATA	AGTTTTTGAC	TTTTAGCCCT	TTTACCTACTA	TACTTCTAG	CATCATCAGG	AATTGAAGCA
HPO04	GATATAGCAT	TTCCACGTAT	AAACAACATA	AGTTTTTGAC	TTTTAGCCCT	TTTACCTACTA	TACTTCTAG	CATCATCAGG	AATTGAAGCA
HPO05	GATATAGCAT	TTCCACGTAT	AAACAACATA	AGTTTTTGAC	TTTTAGCCCT	TTTACCTACTA	TACTTCTAG	CATCATCAGG	AATTGAAGCA
MZ043616	GATATAGCAT	TTCCACGTAT	AAACAACATA	AGTTTTTGAC	TTTTAGCCCT	TTTACCTACTA	TACTTCTAG	CATCATCAGG	AATTGAAGCA
MZ043617	GATATAGCAT	TTCCACGTAT	AAACAACATA	AGTTTTTGAC	TTTTAGCCCT	TTTACCTACTA	TACTTCTAG	CATCATCAGG	AATTGAAGCA
KC687333	GATATAGCAT	TTCCACGTAT	AAACAACATA	AGTTTTTGAC	TTTTAGCCCT	TTTACCTACTA	TACTTCTAG	CATCATCAGG	AATTGAAGCA
KC687257	GATATAGCAT	TTCCACGTAT	AAACAACATA	AGTTTTTGAC	TTTTAGCCCT	TTTACCTACTA	TACTTCTAG	CATCATCAGG	AATTGAAGCA
KC687320	GATATAGCAT	TTCCACGTAT	AAACAACATA	AGTTTTTGAC	TTTTAGCCCT	TTTACCTACTA	TACTTCTAG	CATCATCAGG	AATTGAAGCA
KC687325	GATATAGCAT	TTCCACGTAT	AAACAACATA	AGTTTTTGAC	TTTTAGCCCT	TTTACCTACTA	TACTTCTAG	CATCATCAGG	AATTGAAGCA
KC687330	GATATAGCAT	TTCCACGTAT	AAACAACATA	AGTTTTTGAC	TTTTAGCCCT	TTTACCTACTA	TACTTCTAG	CATCATCAGG	AATTGAAGCA
KC687316	GATATAGCAT	TTCCACGTAT	AAACAACATA	AGTTTTTGAC	TTTTAGCCCT	TTTACCTACTA	TACTTCTAG	CATCATCAGG	AATTGAAGCA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****
	370	380	390	400	410	420	430	440	450
HPO01	GGCGCAGGCA	CAGGCTGAAC	TGTATACCCC	CCACTAGCTG	GAAACCTAGC	CCACGCCGGT	GCCTCTGTAG	ATCTAACTAT	CTTTTCTCTT
HPO02	GGCGCAGGCA	CAGGCTGAAC	TGTATACCCC	CCACTAGCTG	GAAACCTAGC	CCACGCCGGT	GCCTCTGTAG	ATCTAACTAT	CTTTTCTCTT
HPO03	GGCGCAGGCA	CAGGCTGAAC	TGTATACCCC	CCACTAGCTG	GAAACCTAGC	CCACGCCGGT	GCCTCTGTAG	ATCTAACTAT	CTTTTCTCTT
HPO04	GGCGCAGGCA	CAGGCTGAAC	TGTATACCCC	CCACTAGCTG	GAAACCTAGC	CCACGCCGGT	GCCTCTGTAG	ATCTAACTAT	CTTTTCTCTT
HPO05	GGCGCAGGCA	CAGGCTGAAC	TGTATACCCC	CCACTAGCTG	GAAACCTAGC	CCACGCCGGT	GCCTCTGTAG	ATCTAACTAT	CTTTTCTCTT
MZ043616	GGCGCAGGCA	CAGGCTGAAC	TGTATACCCC	CCACTAGCTG	GAAACCTAGC	CCACGCCGGT	GCCTCTGTAG	ATCTAACTAT	CTTTTCTCTT
MZ043617	GGCGCAGGCA	CAGGCTGAAC	TGTATACCCC	CCACTAGCTG	GAAACCTAGC	CCACGCCGGT	GCCTCTGTAG	ATCTAACTAT	CTTTTCTCTT
KC687333	GGCGCAGGCA	CAGGCTGAAC	TGTATACCCC	CCACTAGCTG	GAAACCTAGC	CCACGCCGGT	GCCTCTGTAG	ATCTAACTAT	CTTTTCTCTT
KC687257	GGCGCAGGCA	CAGGCTGAAC	TGTATACCCC	CCACTAGCTG	GAAACCTAGC	CCACGCCGGT	GCCTCTGTAG	ATCTAACTAT	CTTTTCTCTT
KC687320	GGCGCAGGCA	CAGGCTGAAC	TGTATACCCC	CCACTAGCTG	GAAACCTAGC	CCACGCCGGT	GCCTCTGTAG	ATCTAACTAT	CTTTTCTCTT
KC687325	GGCGCAGGCA	CAGGCTGAAC	TGTATACCCC	CCACTAGCTG	GAAACCTAGC	CCACGCCGGT	GCCTCTGTAG	ATCTAACTAT	CTTTTCTCTT
KC687330	GGCGCAGGCA	CAGGCTGAAC	TGTATACCCC	CCACTAGCTG	GAAACCTAGC	CCACGCCGGT	GCCTCTGTAG	ATCTAACTAT	CTTTTCTCTT
KC687316	GGCGCAGGCA	CAGGCTGAAC	TGTATACCCC	CCACTAGCTG	GAAACCTAGC	CCACGCCGGT	GCCTCTGTAG	ATCTAACTAT	CTTTTCTCTT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****
	460	470	480	490	500	510	520	530	540
HPO01	CATTTAGCAG	GAGTATCTTC	AATTCTAGGG	GCTATCAACT	TCATTACTAC	AGCAATCAAC	ATAAAAATCCC	CAGCCATATC	ACAATACCAC
HPO02	CATTTAGCAG	GAGTATCTTC	AATTCTAGGG	GCTATCAACT	TCATTACTAC	AGCAATCAAC	ATAAAAATCCC	CAGCCATATC	ACAATACCAC
HPO03	CATTTAGCAG	GAGTATCTTC	AATTCTAGGG	GCTATCAACT	TCATTACTAC	AGCAATCAAC	ATAAAAATCCC	CAGCCATATC	ACAATACCAC
HPO04	CATTTAGCAG	GAGTATCTTC	AATTCTAGGG	GCTATCAACT	TCATTACTAC	AGCAATCAAC	ATAAAAATCCC	CAGCCATATC	ACAATACCAC
HPO05	CATTTAGCAG	GAGTATCTTC	AATTCTAGGG	GCTATCAACT	TCATTACTAC	AGCAATCAAC	ATAAAAATCCC	CAGCCATATC	ACAATACCAC
MZ043616	CATTTAGCAG	GAGTATCTTC	AATTCTAGGG	GCTATCAACT	TCATTACTAC	AGCAATCAAC	ATAAAAATCCC	CAGCCATATC	ACAATACCAC
MZ043617	CATTTAGCAG	GAGTATCTTC	AATTCTAGGG	GCTATCAACT	TCATTACTAC	AGCAATCAAC	ATAAAAATCCC	CAGCCATATC	ACAATACCAC
KC687333	CATTTAGCAG	GAGTATCTTC	AATTCTAGGG	GCTATCAACT	TCATTACTAC	AGCAATCAAC	ATAAAAATCCC	CAGCCATATC	ACAATACCAC
KC687257	CATTTAGCAG	GAGTATCTTC	AATTCTAGGG	GCTATCAACT	TCATTACTAC	AGCAATCAAC	ATAAAAATCCC	CAGCCATATC	ACAATACCAC
KC687320	CATTTAGCAG	GAGTATCTTC	AATTCTAGGG	GCTATCAACT	TCATTACTAC	AGCAATCAAC	ATAAAAATCCC	CAGCCATATC	ACAATACCAC
KC687325	CATTTAGCAG	GAGTATCTTC	AATTCTAGGG	GCTATCAACT	TCATTACTAC	AGCAATCAAC	ATAAAAATCCC	CAGCCATATC	ACAATACCAC
KC687330	CATTTAGCAG	GAGTATCTTC	AATTCTAGGG	GCTATCAACT	TCATTACTAC	AGCAATCAAC	ATAAAAATCCC	CAGCCATATC	ACAATACCAC
KC687316	CATTTAGCAG	GAGTATCTTC	AATTCTAGGG	GCTATCAACT	TCATTACTAC	AGCAATCAAC	ATAAAAATCCC	CAGCCATATC	ACAATACCAC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****

Asterisks indicate the identical sequences among haplotypes, respectively

Dashes indicate the no data from each haplotype sequence.

Appendix 6. Continued

	550	560	570	580	590	600	610	620	630
HPO01	ACACCCCTAT	TTGTATGATC	AGTACTTATT	ACAGCTGTCC	TATTACTACT	ATCGCTACCA	GTAAGTAGCTG	CAGGCATCAC	TATACTATTA
HPO02	ACACCCCTAT	TTGTATGATC	AGTACTTATT	ACAGCTGTCC	TATTACTACT	ATCGCTACCA	GTAAGTAGCTG	CAGGCATCAC	TATACTATTA
HPO03	ACACCCCTAT	TTGTATGATC	AGTACTTATT	ACAGCTGTCC	TATTACTACT	ATCGCTACCA	GTAAGTAGCTG	CAGGCATCAC	TATACTATTA
HPO04	ACACCCCTAT	TTGTATGATC	AGTACTTATT	ACAGCTGTCC	TATTACTACT	ATCGCTACCA	GTAAGTAGCTG	CAGGCATCAC	TATACTATTA
HPO05	ACACCCCTAT	TTGTATGATC	AGTACTTATT	ACAGCTGTCC	TATTACTACT	ATCGCTACCA	GTAAGTAGCTG	CAGGCATCAC	TATACTATTA
MZ043616	ACACCCCTAT	TTGTATGATC	AGTACTTATT	ACAGCTGTCC	TATTACTACT	ATCGCTACCA	GTAAGTAGCTG	CAGGCATCAC	TATACTATTA
KC687333	ACACCCCTAT	TTGTATGATC	AGTACTTATT	ACAGCTGTCC	TATTACTACT	ATCGCTACCA	GTAAGTAGCTG	CAGGCATCAC	TATACTATTA
KC687257	ACACCCCTAT	TTGTATGATC	AGTACTTATT	ACAGCTGTCC	TATTACTACT	ATCGCTACCA	GTAAGTAGCTG	CAGGCATCAC	TATACTATTA
KC687320	ACACCCCTAT	TTGTATGATC	AGTACTTATT	ACAGCTGTCC	TATTACTACT	ATCGCTACCA	GTAAGTAGCTG	CAGGCATCAC	TATACTATTA
KC687325	ACACCCCTAT	TTGTATGATC	AGTACTTATT	ACAGCTGTCC	TATTACTACT	ATCGCTACCA	GTAAGTAGCTG	CAGGCATCAC	TATACTATTA
KC687330	ACACCCCTAT	TTGTATGATC	AGTACTTATT	ACAGCTGTCC	TATTACTACT	ATCGCTACCA	GTAAGTAGCTG	CAGGCATCAC	TATACTATTA
KC687316	ACACCCCTAT	TTGTATGATC	AGTACTTATT	ACAGCTGTCC	TATTACTACT	ATCGCTACCA	GTAAGTAGCTG	CAGGCATCAC	TATACTATTA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****
	640	650	660	670	680	690	700	710	720
HPO01	ACAGACCGAA	ACCTAAATAC	AACCTTCTTT	GACCCCTCAG	GAGGAGGAGA	CCCAATCCTA	TATCAACACT	TATTCTGATT	CTTTGGTCAT
HPO02	ACAGACCGAA	ACCTAAATAC	AACCTTCTTT	GACCCCTCAG	GAGGAGGAGA	CCCAATCCTA	TATCAACACT	TATTCTGATT	CTTTGGTCAT
HPO03	ACAGACCGAA	ACCTAAATAC	AACCTTCTTT	GACCCCTCAG	GAGGAGGAGA	CCCAATCCTA	TATCAACACT	TATTCTGATT	CTTTGGTCAT
HPO04	ACAGACCGAA	ACCTAAATAC	AACCTTCTTT	GACCCCTCAG	GAGGAGGAGA	CCCAATCCTA	TATCAACACT	TATTCTGATT	CTTTGGTCAT
HPO05	ACAGACCGAA	ACCTAAATAC	AACCTTCTTT	GACCCCTCAG	GAGGAGGAGA	CCCAATCCTA	TATCAACACT	TATTCTGATT	CTTTGGTCAT
MZ043616	ACAGACCGAA	ACCTAAATAC	AACCTTCTTT	GACCCCTCAG	GAGGAGGAGA	CCCAATCCTA	TATCAACACT	TATTCTGATT	CTTTGGTCAT
KC687333	ACAGACCGAA	ACCTAAATAC	AACCTTCTTT	GACCCCTCAG	GAGGAGGAGA	CCCAATCCTA	TATCAACACT	TATTCTGATT	CTTTGGTCAT
KC687257	ACAGACCGAA	ACCTAAATAC	AACCTTCTTT	GACCCCTCAG	GAGGAGGAGA	CCCAATCCTA	TATCAACACT	TATTCTGATT	CTTTGGTCAT
KC687320	ACAGACCGAA	ACCTAAATAC	AACCTTCTTT	GACCCCTCAG	GAGGAGGAGA	CCCAATCCTA	TATCAACACT	TATTCTGATT	CTTTGGTCAT
KC687325	ACAGACCGAA	ACCTAAATAC	AACCTTCTTT	GACCCCTCAG	GAGGAGGAGA	CCCAATCCTA	TATCAACACT	TATTCTGATT	CTTTGGTCAT
KC687330	ACAGACCGAA	ACCTAAATAC	AACCTTCTTT	GACCCCTCAG	GAGGAGGAGA	CCCAATCCTA	TATCAACACT	TATTCTGATT	CTTTGGTCAT
KC687316	ACAGACCGAA	ACCTAAATAC	AACCTTCTTT	GACCCCTCAG	GAGGAGGAGA	CCCAATCCTA	TATCAACACT	TATTCTGATT	CTTTGGTCAT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****
	730	740	750	760	770	780	790	800	810
HPO01	CCAGAAGTAT	ATATCCCTAA	CCTACCTGGA	TTTGGTATAA	TCCTCCACGT	CGTCACCTAT	TACGCTGGCA	AAAAGAACC	TTTTGGCTAC
HPO02	CCAGAAGTAT	ATATCCCTAA	CCTACCTGGA	TTTGGTATAA	TCCTCCACGT	CGTCACCTAT	TACGCTGGCA	AAAAGAACC	TTTTGGCTAC
HPO03	CCAGAAGTAT	ATATCCCTAA	CCTACCTGGA	TTTGGTATAA	TCCTCCACGT	CGTCACCTAT	TACGCTGGCA	AAAAGAACC	TTTTGGCTAC
HPO04	CCAGAAGTAT	ATATCCCTAA	CCTACCTGGA	TTTGGTATAA	TCCTCCACGT	CGTCACCTAT	TACGCTGGCA	AAAAGAACC	TTTTGGCTAC
HPO05	CCAGAAGTAT	ATATCCCTAA	CCTACCTGGA	TTTGGTATAA	TCCTCCACGT	CGTCACCTAT	TACGCTGGCA	AAAAGAACC	TTTTGGCTAC
MZ043616	CCAGAAGTAT	ATATCCCTAA	CCTACCTGGA	TTTGGTATAA	TCCTCCACGT	CGTCACCTAT	TACGCTGGCA	AAAAGAACC	TTTTGGCTAC
KC687333	CCAGAAGTAT	ATATCCCTAA	CCTACCTGGA	TTTGGTATAA	TCCTCCACGT	CGTCACCTAT	TACGCTGGCA	AAAAGAACC	TTTTGGCTAC
KC687257	CCAGAAGTAT	ATATCCCTAA	CCTACCTGGA	TTTGGTATAA	TCCTCCACGT	CGTCACCTAT	TACGCTGGCA	AAAAGAACC	TTTTGGCTAC
KC687320	CCAGAAGTAT	ATATCCCTAA	CCTACCTGGA	TTTGGTATAA	TCCTCCACGT	CGTCACCTAT	TACGCTGGCA	AAAAGAACC	TTTTGGCTAC
KC687325	CCAGAAGTAT	ATATCCCTAA	CCTACCTGGA	TTTGGTATAA	TCCTCCACGT	CGTCACCTAT	TACGCTGGCA	AAAAGAACC	TTTTGGCTAC
KC687330	CCAGAAGTAT	ATATCCCTAA	CCTACCTGGA	TTTGGTATAA	TCCTCCACGT	CGTCACCTAT	TACGCTGGCA	AAAAGAACC	TTTTGGCTAC
KC687316	CCAGAAGTAT	ATATCCCTAA	CCTACCTGGA	TTTGGTATAA	TCCTCCACGT	CGTCACCTAT	TACGCTGGCA	AAAAGAACC	TTTTGGCTAC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****
	820	830	840	850	860	870	880	890	900
HPO01	ATAGGAATAG	TTTGAGCAAT	AATATCCATT	GGGTTCTTAG	GCTTCATCGT	ATGAGCCAC	CACATGTTTA	CCGTCGGAAT	AGACGTAGAC
HPO02	ATAGGAATAG	TTTGAGCAAT	AATATCCATT	GGGTTCTTAG	GCTTCATCGT	ATGAGCCAC	CACATGTTTA	CCGTCGGAAT	AGACGTAGAC
HPO03	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
HPO04	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
HPO05	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
MZ043616	ATAGGAATAG	TTTGAGCAAT	AATATCCATT	GGGTTCTTAG	GCTTCATCGT	ATGAGCCAC	CACATGTTTA	CCGTCGGAAT	AGACGTAGAC
KC687333	ATAGGAATAG	TTTGAGCAAT	AATATCCATT	GGGTTCTTAG	GCTTCATCGT	ATGAGCCAC	CACATGTTTA	CCGTCGGAAT	AGACGTAGAC
KC687257	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
KC687320	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
KC687325	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
KC687330	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
KC687316	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
Consensus	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
	910	920	930	940	950	960	970	980	990
HPO01	ACTCGAGCCT	ATTTTACATC	CGCAACAATA	ATTATCGCCA	TCCCAACGGG	GGTAAAAGTA	TTCAGCTGGT	TAGCTACCCT	GCACGGAGGA
HPO02	ACTCGAGCCT	ATTTTACATC	CGCAACAATA	ATTATCGCCA	TCCCAACGGG	GGTAAAAGTA	TTCAGCTGGT	TAGCTACCCT	GCACGGAGGA
HPO03	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
HPO04	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
HPO05	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
MZ043616	ACTCGAGCCT	ATTTTACATC	CGCAACAATA	ATTATCGCCA	TCCCAACGGG	GGTAAAAGTA	TTCAGCTGGT	TAGCTACCCT	GCACGGAGGA
KC687333	ACTCGAGCCT	ATTTTACATC	CGCAACAATA	ATTATCGCCA	TCCCAACGGG	GGTAAAAGTA	TTCAGCTGGT	TAGCTACCCT	GCACGGAGGA
KC687257	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
KC687320	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
KC687325	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
KC687330	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
KC687316	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
Consensus	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
	1000	1010	1020	1030	1040	1050	1060	1070	1080
HPO01	ATAGTAAAT	GAGATGCCGC	CATACTATGA	GCCCTCGGCT	TCATCTTCCT	CTTTACTATC	GGAGGGCTAA	CAGGCATCGT	ACTAGCCAA
HPO02	ATAGTAAAT	GAGATGCCGC	CATACTATGA	GCCCTCGGCT	TCATCTTCCT	CTTTACTATC	GGAGGGCTAA	CAGGCATCGT	ACTAGCCAA
HPO03	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
HPO04	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
HPO05	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
MZ043616	ATAGTAAAT	GAGATGCCGC	CATACTATGA	GCCCTCGGCT	TCATCTTCCT	CTTTACTATC	GGAGGGCTAA	CAGGCATCGT	ACTAGCCAA
KC687333	ATAGTAAAT	GAGATGCCGC	CATACTATGA	GCCCTCGGCT	TCATCTTCCT	CTTTACTATC	GGAGGGCTAA	CAGGCATCGT	ACTAGCCAA
KC687257	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
KC687320	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
KC687325	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
KC687330	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
KC687316	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
Consensus	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----

Appendix 6. Continued

	1090	1100	1110	1120	1130	1140	1150	1160	1170
HPO01	TCATCATTAG	ACATTGTACT	GCATGACACT	TACTATGTAG	TAGCACATTT	CCACTATGTT	CTATCAATAG	GGGCTGTATT	CGCCATTATA
HPO02	TCATCATTAG	ACATTGTACT	GCATGACACT	TACTATGTAG	TAGCACATTT	CCACTATGTT	CTATCAATAG	GGGCTGTATT	CGCCATTATA
HPO03	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
HPO04	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
HPO05	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
MZ043616	TCATCATTAG	ACATTGTACT	GCATGACACT	TACTATGTAG	TAGCACATTT	CCACTATGTT	CTATCAATAG	GGGCTGTATT	CGCCATTATA
MZ043617	TCATCATTAG	ACATTGTACT	GCATGACACT	TACTATGTAG	TAGCACATTT	CCACTATGTT	CTATCAATAG	GGGCTGTATT	CGCCATTATA
KC687333	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
KC687257	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
KC687320	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
KC687325	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
KC687330	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
KC687316	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
Consensus	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
	1180	1190	1200	1210	1220	1230	1240	1250	1260
HPO01	GCAGGATTTA	CCCATTGATT	CCCCTTTTTC	ACAGGATACT	CATTACACCA	AACTTGAGCA	AAAGTACACT	TTGGCGTAAT	ATTTGCAGGA
HPO02	GCAGGATTTA	CCCATTGATT	CCCCTTTTTC	ACAGGATACT	CATTACACCA	AACTTGAGCA	AAAGTACACT	TTGGCGTAAT	ATTTGCAGGA
HPO03	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
HPO04	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
HPO05	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
MZ043616	GCAGGATTTA	CCCATTGATT	CCCCTTTTTC	ACAGGATACT	CATTACACCA	AACTTGAGCA	AAAGTACACT	TTGGCGTAAT	ATTTGCAGGA
MZ043617	GCAGGATTTA	CCCATTGATT	CCCCTTTTTC	ACAGGATACT	CATTACACCA	AACTTGAGCA	AAAGTACACT	TTGGCGTAAT	ATTTGCAGGA
KC687333	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
KC687257	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
KC687320	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
KC687325	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
KC687330	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
KC687316	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
Consensus	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
	1270	1280	1290	1300	1310	1320	1330	1340	1350
HPO01	GTCAACATAA	CCTTTTTCCC	TCAACATTTT	CTAGGTCTTG	CTGGAATACC	ACGACGTTAT	TCCGATTACC	CAGACGCATA	CACCCATGTA
HPO02	GTCAACATAA	CCTTTTTCCC	TCAACATTTT	CTAGGTCTTG	CTGGAATACC	ACGACGTTAT	TCCGATTACC	CAGACGCATA	CACCCATGTA
HPO03	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
HPO04	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
HPO05	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
MZ043616	GTCAACATAA	CCTTTTTCCC	TCAACATTTT	CTAGGTCTTG	CTGGAATACC	ACGACGTTAT	TCCGATTACC	CAGACGCATA	CACCCATGTA
MZ043617	GTCAACATAA	CCTTTTTCCC	TCAACATTTT	CTAGGTCTTG	CTGGAATACC	ACGACGTTAT	TCCGATTACC	CAGACGCATA	CACCCATGTA
KC687333	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
KC687257	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
KC687320	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
KC687325	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
KC687330	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
KC687316	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
Consensus	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
	1360	1370	1380	1390	1400	1410	1420	1430	1440
HPO01	AATTCTATCT	CATCAATCGG	ATCCTTAATT	TCCTTAGTAG	CAGTAATTAT	AATAATATTT	ATTATCTGAG	AAGCATTCTC	CTCAAAACGA
HPO02	AATTCTATCT	CATCAATCGG	ATCCTTAATT	TCCTTAGTAG	CAGTAATTAT	AATAATATTT	ATTATCTGAG	AAGCATTCTC	CTCAAAACGA
HPO03	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
HPO04	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
HPO05	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
MZ043616	AATTCTATCT	CATCAATCGG	ATCCTTAATT	TCCTTAGTAG	CAGTAATTAT	AATAATATTT	ATTATCTGAG	AAGCATTCTC	CTCAAAACGA
MZ043617	AATTCTATCT	CATCAATCGG	ATCCTTAATT	TCCTTAGTAG	CAGTAATTAT	AATAATATTT	ATTATCTGAG	AAGCATTCTC	CTCAAAACGA
KC687333	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
KC687257	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
KC687320	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
KC687325	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
KC687330	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
KC687316	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
Consensus	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
	1450	1460	1470	1480	1490	1500	1510	1520	
HPO01	AAACTTATAA	AAATTGAAC	TACAACCACC	AATGTAGAGT	GACTTCATGG	CTGCCACCT	CCACATCATA	CCTATGAAGA	A
HPO02	AAAGTTATAA	AAATTGAAC	TACAACCACC	AATGTAGAGT	GACTTCATGG	CTGCCACCT	CCACATCATA	CCTATGAAGA	A
HPO03	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
HPO04	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
HPO05	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
MZ043616	AAACTTATAA	AAATTGAAC	TACAACCACC	AATGTAGAGT	GACTTCATGG	CTGCCACCT	CCACATCATA	CCTATGAAGA	A
MZ043617	AAAGTTATAA	AAATTGAAC	TACAACCACC	AATGTAGAGT	GACTTCATGG	CTGCCACCT	CCACATCATA	CCTATGAAGA	A
KC687333	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
KC687257	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
KC687320	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
KC687325	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
KC687330	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
KC687316	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
Consensus	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----

Appendix 7. Continued

	1090	1100	1110	1120	1130	1140
HMC01	ATAACCCCTCC	TAACACTTAT	GCCCCTCATA	GGATTAATG	AAAACAAAAT	ACTAGATCAA
MMC02	ATAACCCCTCC	TAACACTTAT	GCCCCTCATA	GGATTAATG	AAAACAAAAT	ACTAGATCAA
MMC03	ATAACCCCTCC	TAACACTTAT	GCCCCTCATA	GGATTAATG	AAAACAAAAT	ACTAGATCAA
MMC04	ATAACCCCTCC	TAACACTTAT	GCCCCTCATA	GGATTAATG	AAAACAAAAT	ACTAGATCAA
MMC05	ATAACCCCTCC	TAACACTTAT	GCCCCTCATA	GGATTAATG	AAAACAAAAT	ACTAGATCAA
MMC06	ATAACCCCTCC	TAACACTTAT	GCCCCTCATA	GGATTAATG	AAAACAAAAT	ACTAGATCAA
MMC07	ATAACCCCTCC	TAACACTTAT	GCCCCTCATA	GGATTAATG	AAAACAAAAT	ACTAGATCAA
MMC08	ATAACCCCTCC	TAACACTTAT	GCCCCTCATA	GGATTAATG	AAAACAAAAT	ACTAGATCAA
MMC09	ATAACCCCTCC	TAACACTTAT	GCCCCTCATA	GGATTAATG	AAAACAAAAT	ACTAGATCAA
MMC10	ATAACCCCTCC	TAACACTTAT	GCCCCTCATA	GGATTAATG	AAAACAAAAT	ACTAGATCAA
MMC11	ATAACCCCTCC	TAACACTTAT	GCCCCTCATA	GGATTAATG	AAAACAAAAT	ACTAGATCAA
MMC12	ATAACCCCTCC	TAACACTTAT	GCCCCTCATA	GGATTAATG	AAAACAAAAT	ACTAGATCAA
KC692465	ATAATCCTTC	TAACACTTAT	GCCCCTCATA	GGATTAATG	AAAACAAAAT	ACTAAACCAA
KP100054	ATAATCCTTC	TAACACTTAT	GCCCCTCATA	GGATTAATG	AAAACAAAAT	ACTAAACCAA
DQ453753	ATAATCGTCC	TAACACTTAT	GCCCCTCATA	GGACTAATCG	AAAACAAAAT	ACTAAACCAA
HM131942	ATAATCCTTC	TAACACTTAT	GCCCCTCATA	GGACTAATG	AAAACAAAAT	ACTAAACCAA
KP100055	ACAATCCTCC	TAACACTTAT	GCCCCTCATA	GGACTGATG	AAAACAAAAT	ACTAAACCAA
KR921566	ATAACCCCTCC	TAACACTTAT	GCCCCTCATA	GGATTAATG	AAAACAAAAT	ACTAGATCAA
KR921503	ATAACCCCTCC	TAACACTTAT	GCCCCTCATA	GGATTAATG	AAAACAAAAT	ACTAGATCAA
AP019397	ATAACCCCTCC	TAACACTTAT	GCCCCTCATA	GGATTAATG	AAAACAAAAT	ACTAGATCAA
KT951839	ATAATCCTCC	TAACACTTAT	GCCCCTCATA	GGGCTAATG	AAAACAAAAT	ACTAGGCCAA
Consensus	ATAACCCCTCC	TAACACTTAT	GCCCCTCATA	GGATTAATG	AAAACAAAAT	ACTAGATCAA

Appendix 8. Multiple alignments of *COI* haplotype sequences of *Mauremys*

	10	20	30	40	50	60	70	80	90
MW774618	-----	CCCCTTGATT	TTTTTCTACA	AACCACAAG	ACATTGGCAC	CTTATATTTG	ATTTTCGGAG	CCTGAGCAGG	TATAGTAGGC
FJ871126		CCCCTTGATT	TTTTTCTACA	AACCACAAG	ACATTGGCAC	CTTATATTTG	ATTTTCGGAG	CCTGAGCAGG	TATAGTAGGC
KC333650		CCCCTTGATT	TTTTTCTACA	AACCACAAG	ACATTGGCAC	CTTATATTTG	ATTTTCGGAG	CCTGAGCAGG	TATAGTAGGC
KC692465		CCCCTTGATT	TTTTTCTACA	AACCACAAG	ACATTGGCAC	CTTATATTTG	ATTTTCGGGG	CCTGAGCAGG	TATAGTAGGC
KP100054		CCCCTTGATT	TTTTTCTACA	AACCACAAG	ACATTGGCAC	CTTATATTTG	ATTTTCGGGG	CCTGAGCAGG	TATAGTAGGC
KJ700438		CCCCTTGATT	TTTTTCTACA	AACCACAAG	ACATTGGCAC	CTTATATTTG	ATTTTCGGGG	CCTGAGCAGG	TATAGTAGGC
FJ469674		CCCCTTGATT	TTTTTCTACA	AACCACAAG	ACATTGGCAC	CTTATATTTG	ATTTTCGGGG	CCTGAGCAGG	TATAGTAGGC
AY676201		CCCCTTGATT	TTTTTCTACA	AACCACAAG	ACATTGGCAC	CTTATATTTG	ATTTTCGGGG	CCTGAGCAGG	TATAGTAGGC
KP951839		CCCCTTGATT	TTTTTCTACA	AACCACAAG	ACATTGGCAC	CTTATATTTG	ATTTTCGGGG	CCTGAGCAGG	TATAGTAGGC
AP019397		CCCCTTGATT	TTTTTCTACA	AACCACAAG	ACATTGGCAC	CTTATATTTG	ATTTTCGGGG	CCTGAGCAGG	TATAGTAGGC
KP100055		CCCCTTGATT	TTTTTCTACA	AACCACAAG	ACATTGGCAC	CTTATATTTG	ATTTTCGGGG	CCTGAGCAGG	TATAGTAGGC
DQ453753		CCCCTTGATT	TTTTTCTACA	AACCACAAG	ACATTGGCAC	CTTATATTTG	ATTTTCGGGG	CCTGAGCAGG	TATAGTAGGC
HM131942		CCCCTTGATT	TTTTTCTACA	AACCACAAG	ACATTGGCAC	CTTATATTTG	ATTTTCGGGG	CCTGAGCAGG	TATAGTAGGC
Consensus		*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****
	100	110	120	130	140	150	160	170	180
MW774618	ACAGCATTAA	GTTTATTAAT	CGCGCCAGAA	TAAAGCCAAC	CGGGAGCCCT	CCTAGGCGAC	GACCAAATCT	ATAATGTAAT	CGTTACAGCC
FJ871126	ACAGCATTAA	GTTTATTAAT	CGCGCCAGAA	TAAAGCCAAC	CGGGAGCCCT	CCTAGGCGAC	GACCAAATCT	ATAATGTAAT	CGTTACAGCC
KC333650	ACAGCATTAA	GTTTATTAAT	CGCGCCAGAA	TAAAGCCAAC	CGGGAGCCCT	CCTAGGCGAC	GACCAAATCT	ATAATGTAAT	CGTTACAGCC
KC692465	ACAGCATTAA	GTTTATTAAT	CGGTGCAGAA	TAAAGCCAAC	CGGGAGCCCT	CCTAGGGGAC	GACCAAATCT	ATAATGTTAT	CGTTACAGCT
KP100054	ACAGCATTAA	GTTTATTAAT	CGGTGCAGAA	TAAAGCCAAC	CGGGAGCCCT	CCTAGGGGAC	GACCAAATCT	ATAATGTTAT	CGTTACAGCT
KJ700438	ACAGCATTAA	GTTTATTAAT	CGCGCCAGAA	TAAAGCCAAC	CGGGAGCCCT	CCTAGGGGAC	GACCAAATCT	ATAATGTTAT	CGTTACAGCT
FJ469674	ACAGCATTAA	GTTTATTAAT	CGCGCCAGAA	TAAAGCCAAC	CGGGAGCCCT	CCTAGGGGAC	GACCAAATCT	ATAATGTTAT	CGTTACAGCT
AY676201	ACAGCATTAA	GTTTATTAAT	CGCGCCAGAA	TAAAGCCAAC	CGGGAGCCCT	CCTAGGGGAC	GACCAAATCT	ATAATGTTAT	CGTTACAGCT
KP951839	ACAGCATTAA	GTTTATTAAT	CGCGCCAGAA	TAAAGCCAAC	CGGGAGCCCT	CCTAGGGGAC	GACCAAATCT	ATAATGTTAT	CGTTACAGCT
AP019397	ACAGCATTAA	GTTTATTAAT	CGGTGCAGAA	TAAAGCCAAC	CGGGAGCCCT	CCTAGGGGAC	GACCAAATCT	ATAATGTTAT	CGTTACAGCT
KP100055	ACAGCATTAA	GTTTATTAAT	CGGTGCAGAA	TAAAGCCAAC	CGGGAGCCCT	CCTAGGGGAC	GACCAAATCT	ATAATGTTAT	CGTTACAGCT
DQ453753	ACAGCATTAA	GTTTATTAAT	CGGTGCAGAA	TAAAGCCAAC	CGGGAGCCCT	CCTAGGGGAC	GACCAAATCT	ATAATGTTAT	CGTTACAGCT
HM131942	ACAGCATTAA	GTTTATTAAT	CGGTGCAGAA	TAAAGCCAAC	CGGGAGCCCT	CCTAGGGGAC	GACCAAATCT	ATAATGTTAT	CGTTACAGCT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****
	190	200	210	220	230	240	250	260	270
MW774618	CATGCCCTTA	TTATAATTTT	CTTCATGTCG	ATACCTATTA	TAATCGGTGG	CTTTGGAAAC	TGACTTGTGC	CCTTAATAAT	TGGAGGCCCA
FJ871126	CATGCCCTTA	TTATAATTTT	CTTCATGTCG	ATACCTATTA	TAATCGGTGG	CTTTGGAAAC	TGACTTGTGC	CCTTAATAAT	TGGAGGCCCA
KC333650	CATGCCCTTA	TTATAATTTT	CTTCATGTCG	ATACCTATTA	TAATCGGTGG	CTTTGGAAAC	TGACTTGTGC	CCTTAATAAT	TGGAGGCCCA
KC692465	CATGCCCTTG	TCATAATTTT	CTTCATGTCG	ATACCTGTTA	TAATCGCGGG	CTTTGGGAAC	TGACTTGTAC	CCTTAATAAT	TGGGGCCCA
KP100054	CATGCCCTTG	TCATAATTTT	CTTCATGTCG	ATACCTGTTA	TAATCGCGGG	CTTTGGGAAC	TGACTTGTAC	CCTTAATAAT	TGGGGCCCA
KJ700438	CATGCCCTTA	TCATAATTTT	CTTCATGTCG	ATACCTGTTA	TAATCGCGGG	CTTTGGGAAC	TGACTTGTAC	CCTTAATAAT	TGGAGGCCCA
FJ469674	CATGCCCTTA	TCATAATTTT	CTTCATGTCG	ATACCTGTTA	TAATCGCGGG	CTTTGGGAAC	TGACTTGTAC	CCTTAATAAT	TGGAGGCCCA
AY676201	CATGCCCTTA	TCATAATTTT	CTTCATGTCG	ATACCTGTTA	TAATCGCGGG	CTTTGGGAAC	TGACTTGTAC	CCTTAATAAT	TGGAGGCCCA
KP951839	CATGCCCTTG	TCATAATTTT	CTTCATGTCG	ATACCTGTTA	TAATCGGTGG	CTTTGGAAAC	TGACTTGTAC	CCTTAATAAT	TGGAGGCCCA
AP019397	CATGCCCTTG	TCATAATTTT	CTTCATGTCG	ATACCTGTTA	TAATCGGTGG	CTTTGGAAAC	TGACTTGTAC	CCTTAATAAT	TGGAGGCCCA
KP100055	CATGCCCTTA	TTATAATTTT	CTTCATGTCG	ATACCTATTA	TAATCGGTGG	CTTTGGAAAC	TGACTTGTGC	CCTTAATAAT	TGGAGGCCCA
DQ453753	CATGCCCTTG	TCATAATTTT	CTTCATGTCG	ATACCTGTTA	TAATCGGTGG	CTTTGGAAAC	TGACTTGTAC	CCTTAATAAT	TGGAGGCCCA
HM131942	CATGCCCTTG	TCATAATTTT	CTTCATGTCG	ATACCTGTTA	TAATCGGTGG	CTTTGGAAAC	TGACTTGTAC	CCTTAATAAT	TGGAGGCCCA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****
	280	290	300	310	320	330	340	350	360
MW774618	GATATGGCAT	TCCCACGAT	AAACAATATA	AGCTTCTGGC	TTCTACCACC	ATCCTACTT	TTACTCTGAG	CCTCCTCAGG	AATTGAAGCA
FJ871126	GATATGGCAT	TCCCACGAT	AAACAATATA	AGCTTCTGGC	TTCTACCACC	ATCCTACTT	TTACTCTGAG	CCTCCTCAGG	AATTGAAGCA
KC333650	GATATGGCAT	TCCCACGAT	AAACAATATA	AGCTTCTGGC	TTCTACCACC	ATCCTACTT	TTACTCTGAG	CCTCCTCAGG	AATTGAAGCA
KC692465	GACATGGCAT	TCCCACGAT	AAACAATATA	AGCTTCTGAC	TTCTACCCCC	GTCCCTACTT	TTACTCTGGG	CCTCCTCGGG	AATTGAAGCA
KP100054	GACATGGCAT	TCCCACGAT	AAACAATATA	AGCTTCTGAC	TTCTACCCCC	GTCCCTACTT	TTACTCTGGG	CCTCCTCGGG	AATTGAAGCA
KJ700438	GATATGGCAT	TCCCACGAT	AAACAATATA	AGCTTCTGGC	TTCTACCACC	ATCCTACTT	TTACTCTGAG	CCTCCTCAGG	AATTGAAGCA
FJ469674	GATATGGCAT	TCCCACGAT	AAACAATATA	AGCTTCTGGC	TTCTACCACC	ATCCTACTT	TTACTCTGAG	CCTCCTCAGG	AATTGAAGCA
AY676201	GATATGGCAT	TCCCACGAT	AAACAATATA	AGCTTCTGGC	TTCTACCACC	ATCCTACTT	TTACTCTGAG	CCTCCTCAGG	AATTGAAGCA
KP951839	GATATGGCAT	TCCCACGAT	AAACAATATA	AGCTTCTGGC	TTCTACCACC	ATCCTACTT	TTACTCTGAG	CCTCCTCAGG	AATTGAAGCA
AP019397	GATATGGCAT	TCCCACGAT	AAACAATATA	AGCTTCTGAC	TTCTACCCCC	ATCCTACTT	TTACTCTGGG	CCTCCTCGGG	AATTGAAGCA
KP100055	GATATGGCAT	TCCCACGAT	AAACAATATA	AGCTTCTGAC	TTCTACCCCC	ATCCTACTT	TTACTCTGGG	CCTCCTCGGG	AATTGAAGCA
DQ453753	GATATGGCAT	TCCCACGAT	AAACAATATA	AGCTTCTGAC	TTCTACCCCC	ATCCTACTT	TTACTCTGGG	CCTCCTCGGG	AATTGAAGCA
HM131942	GACATGGCAT	TCCCACGAT	AAACAATATA	AGCTTCTGAC	TTCTACCACC	ATCCTACTT	TTACTCTGAG	CCTCCTCGGG	AATTGAAGCA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****
	370	380	390	400	410	420	430	440	450
MW774618	GGCCAGGCA	CAGGCTGAAC	TGTATACCCA	CCATTAGCTG	GAAACCTGGC	CCAGCTGGC	GCCTCTGTAG	ATCTAACTAT	CTTTCCCTT
FJ871126	GGCCAGGCA	CAGGCTGAAC	TGTATACCCA	CCATTAGCTG	GAAACCTGGC	CCAGCTGGC	GCCTCTGTAG	ATCTAACTAT	CTTTCCCTT
KC333650	GGCCAGGCA	CAGGCTGAAC	TGTATACCCA	CCATTAGCTG	GAAACCTGGC	CCAGCTGGC	GCCTCTGTAG	ATCTAACTAT	CTTTCCCTT
KC692465	GGCCAGGCA	CAGGCTGAAC	TGTATACCCA	CCATTAGCTG	GAAACCTGGC	CCAGCTGGC	GCCTCTGTAG	ATCTAACTAT	CTTTCCCTT
KP100054	GGCCAGGCA	CAGGCTGAAC	TGTATACCCA	CCATTAGCTG	GAAACCTGGC	CCAGCTGGC	GCCTCTGTAG	ATCTAACTAT	CTTTCCCTT
KJ700438	GGCCAGGCA	CAGGCTGAAC	TGTATACCCA	CCATTAGCTG	GAAACCTGGC	CCAGCTGGC	GCCTCTGTAG	ATCTAACTAT	CTTTCCCTT
FJ469674	GGCCAGGCA	CAGGCTGAAC	TGTATACCCA	CCATTAGCTG	GAAACCTGGC	CCAGCTGGC	GCCTCTGTAG	ATCTAACTAT	CTTTCCCTT
AY676201	GGCCAGGCA	CAGGCTGAAC	TGTATACCCA	CCATTAGCTG	GAAACCTGGC	CCAGCTGGC	GCCTCTGTAG	ATCTAACTAT	CTTTCCCTT
KP951839	GGCCAGGCA	CAGGCTGAAC	TGTATACCCA	CCATTAGCTG	GAAACCTGGC	CCAGCTGGC	GCCTCTGTAG	ATCTAACTAT	CTTTCCCTT
AP019397	GGCCAGGCA	CAGGCTGAAC	TGTATACCCA	CCATTAGCTG	GAAACCTGGC	CCAGCTGGC	GCCTCTGTAG	ATCTAACTAT	CTTTCCCTT
KP100055	GGCCAGGCA	CAGGCTGAAC	TGTATACCCA	CCATTAGCTG	GAAACCTGGC	CCAGCTGGC	GCCTCTGTAG	ATCTAACTAT	CTTTCCCTT
DQ453753	GGCCAGGCA	CAGGCTGAAC	TGTATACCCA	CCATTAGCTG	GAAACCTGGC	CCAGCTGGC	GCCTCTGTAG	ATCTAACTAT	CTTTCCCTT
HM131942	GGCCAGGCA	CAGGCTGAAC	TGTATACCCA	CCATTAGCTG	GAAACCTGGC	CCAGCTGGC	GCCTCTGTAG	ATCTAACTAT	CTTTCCCTT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****
	460	470	480	490	500	510	520	530	540
MW774618	CACCTAGCAG	GTGTGCATC	AATTTTAGGA	GCCATTAAC	TTATCACCAC	AGCAATTAAC	ATAAAATCTC	CAGCTATATC	ACAATACCAA
FJ871126	CACCTAGCAG	GTGTGCATC	AATTTTAGGA	GCCATTAAC	TTATCACCAC	AGCAATTAAC	ATAAAATCTC	CAGCTATATC	ACAATACCAA
KC333650	CACCTAGCAG	GTGTGCATC	AATTTTAGGA	GCCATTAAC	TTATCACCAC	AGCAATTAAC	ATAAAATCTC	CAGCTATATC	ACAATACCAA
KC692465	CACCTAGCTG	GTGTATCATC	AATTTTAGGG	GCTATCAA	TTATCACCAC	AGCAATTAAC	ATAAAATCTC	CAGCTATATC	ACAATACCAA
KP100054	CACCTAGCTG	GTGTATCATC	AATTTTAGGG	GCTATCAA	TTATCACCAC	AGCAATTAAC	ATAAAATCTC	CAGCTATATC	ACAATACCAA
KJ700438	CACCTAGCAG	GTGTGCATC	AATTTTAGGG	GCCATCAA	TTATCACCAC	AGCAATTAAC	ATAAAATCTC	CAGCTATATC	ACAATACCAA
FJ469674	CACCTAGCAG	GTGTGCATC	AATTTTAGGG	GCCATCAA	TTATCACCAC	AGCAATTAAC	ATAAAATCTC	CAGCTATATC	ACAATACCAA
AY676201	CACCTAGCAG	GTGTGCATC	AATTTTAGGG	GCCATCAA	TTATCACCAC	AGCAATTAAC	ATAAAATCTC	CAGCTATATC	ACAATACCAA
KP951839	CACCTAGCAG	GTGTGCATC	AATTTTAGGG	GCCATCAA	TTATCACCAC	AGCAATTAAC	ATAAAATCTC	CAGCTATATC	ACAATACCAA
AP019397	CACCTAGCAG	GTGTGCATC	AATTTTAGGG	GCCATCAA	TTATCACCAC	AGCAATTAAC	ATAAAATCTC	CAGCTATATC	ACAATACCAA
KP100055	CACCTAGCAG	GTGTGCATC	AATTTTAGGG	GCCATCAA	TTATCACCAC	AGCAATTAAC	ATAAAATCTC	CAGCTATATC	ACAATACCAA
DQ453753	CACCTAGCAG	GTGTGCATC	AATTTTAGGG	GCCATCAA	TTATCACCAC	AGCAATTAAC	ATAAAATCTC	CAGCTATATC	ACAATACCAA
HM131942	CACCTAGCAG	GTGTGCATC	AATTTTAGGG	GCCATCAA	TTATCACCAC	AGCAATTAAC	ATAAAATCTC	CAGCTATATC	ACAATACCAA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****

Asterisks indicate the identical sequences among haplotypes, respectively

Dashes indicate the no data from each haplotype sequence.

Appendix 8. Continued

	550	560	570	580	590	600	610	620	630
MW774618	ACACCTTTAT	TTGTATGATC	CGTACTTATC	ACAGCCGTC	TATTACTACT	CTCACTACCA	GTACTCGCCG	CAGGCATTAC	TATACTACTC
FJ871126	ACACCTTTAT	TTGTATGATC	CGTACTTATC	ACAGCCGTC	TATTACTACT	CTCACTACCA	GTACTCGCCG	CAGGCATTAC	TATACTACTC
KC333650	ACACCTTTAT	TTGTATGATC	CGTACTTATC	ACAGCCGTC	TATTACTACT	CTCACTACCA	GTACTCGCCG	CAGGCATTAC	TATACTACTC
KC692465	ACACCTTTAT	TTGTATGATC	CGTACTTATC	ACAGCCGTC	TATTACTACT	CTCACTACCA	GTACTCGCCG	CAGGCATTAC	TATACTACTC
KP100054	ACACCTTTAT	TTGTATGATC	AGTACTTATC	ACAGCCGTC	TATTACTACT	CTCACTACCA	GTACTCGCCG	CAGGCATTAC	TATACTACTC
KJ700438	ACACCCCTTAT	TTGTATGATC	TGTACTTATT	ACAGCCGTC	TATTACTACT	CTCGCTACCA	GTACTCGCCG	CAGGTATTAC	TATATTACTC
FJ469674	ACACCCCTTAT	TTGTATGATC	TGTACTTATT	ACAGCCGTC	TATTACTACT	CTCGCTACCA	GTACTCGCCG	CAGGTATTAC	TATATTACTC
AY676201	ACACCCCTTAT	TTGTATGATC	TGTACTTATT	ACAGCCGTC	TATTACTACT	CTCGCTACCA	GTACTCGCCG	CAGGTATTAC	TATATTACTC
KP951839	ACACCTTTAT	TTGTATGATC	TGTACTTATC	ACAGCCGTC	TATTACTACT	CTCACTACCA	GTACTCGCCG	CAGGTATTAC	TATACTACTC
AP019397	ACACCTTTAT	TTGTATGATC	TGTACTTATC	ACAGCCGTC	TATTACTACT	CTCACTACCA	GTACTCGCCG	CAGGTATTAC	TATACTACTC
KP100055	ACACCTTTAT	TTGTATGATC	GGTACTTATC	ACAGCCGTC	TATTACTACT	CTCGCTACCA	GTACTCGCCG	CATGTATTAC	TATACTACTC
DQ453753	ACACCTTTAT	TTGTATGATC	AGTACTTATT	ACAGCTGTCC	TATTACTACT	CTCACTACCA	GTACTCGCCG	CAGGTATTAC	TATACTACTC
HM131942	ACACCTTTAT	TTGTATGATC	AGTACTTATC	ACAGCTGTCC	TATTACTACT	TTCCTACTAC	GTACTCGCCG	CAGGTATTAC	TATACTACTC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****
	640	650	660	670	680	690	700	710	720
MW774618	ACAGACCGAA	ACCTAATATC	AACCTTCTTC	GACCCCTCAG	GGGGAGGGGA	CCCAATTTTA	TATCAACACC	TGTTTTGATT	CTTTGGTCAT
FJ871126	ACAGACCGAA	ACCTAATATC	AACCTTCTTC	GACCCCTCAG	GGGGAGGGGA	CCCAATTTTA	TATCAACACC	TGTTTTGATT	CTTTGGTCAT
KC333650	ACAGACCGAA	ACCTAATATC	AACCTTCTTC	GACCCCTCAG	GGGGAGGGGA	CCCAATTTTA	TATCAACACC	TGTTTTGATT	CTTTGGTCAT
KC692465	ACAGACCGAA	ACCTAATATC	AACCTTCTTC	GACCCCTCAG	GGGGAGGGGA	CCCAATTTTA	TATCAACACC	TGTTTTGATT	CTTTGGTCAT
KP100054	ACAGACCGAA	ACCTAATATC	AACCTTCTTC	GACCCCTCAG	GGGGAGGGGA	CCCAATTTTA	TATCAACACC	TGTTTTGATT	CTTTGGTCAT
KJ700438	ACAGACCGAA	ACCTAATATC	AACCTTCTTC	GACCCCTCAG	GGGGAGGGGA	CCCAATTTTA	TATCAACACC	TGTTTTGATT	CTTTGGTCAT
FJ469674	ACAGACCGAA	ACCTAATATC	AACCTTCTTC	GACCCCTCAG	GGGGAGGGGA	CCCAATTTTA	TATCAACACC	TGTTTTGATT	CTTTGGTCAT
AY676201	ACAGACCGAA	ACCTAATATC	AACCTTCTTC	GACCCCTCAG	GGGGAGGGGA	CCCAATTTTA	TATCAACACC	TGTTTTGATT	CTTTGGTCAT
KP951839	ACAGACCGAA	ACCTAATATC	AACCTTCTTC	GACCCCTCAG	GGGGAGGGGA	CCCAATTTTA	TATCAACACC	TGTTTTGATT	CTTTGGTCAT
AP019397	ACAGACCGAA	ACCTAATATC	AACCTTCTTC	GACCCCTCAG	GGGGAGGGGA	CCCAATTTTA	TATCAACACC	TGTTTTGATT	CTTTGGTCAT
KP100055	ACAGACCGAA	ACCTAATATC	AACCTTCTTC	GACCCCTCAG	GGGGAGGGGA	CCCAATTTTA	TATCAACACC	TGTTTTGATT	CTTTGGTCAT
DQ453753	ACAGACCGAA	ACCTAATATC	AACCTTCTTC	GACCCCTCAG	GGGGAGGGGA	CCCAATTTTA	TATCAACACC	TGTTTTGATT	CTTTGGTCAT
HM131942	ACAGACCGAA	ACCTAATATC	AACCTTCTTC	GACCCCTCAG	GGGGAGGGGA	CCCAATTTTA	TATCAACACC	TGTTTTGATT	CTTTGGTCAT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****
	730	740	750	760	770	780	790	800	810
MW774618	CCTGAAGTAT	ACATCCCTAAT	CTTGCACGGA	TTTGGCATGA	TCTCACATGT	TGTCACCTAT	TACGCTGGCA	AAAAAGAACC	ATTTGGGTAT
FJ871126	CCTGAAGTAT	ACATCCCTAAT	CTTGCACGGA	TTTGGCATGA	TCTCACATGT	TGTCACCTAT	TACGCTGGCA	AAAAAGAACC	ATTTGGGTAT
KC333650	CCTGAAGTAT	ACATCCCTAAT	CTTGCACGGA	TTTGGCATGA	TCTCACATGT	TGTCACCTAT	TACGCTGGCA	AAAAAGAACC	ATTTGGGTAT
KC692465	CCTGAAGTAT	ACATCCCTAAT	CTTGCACGGA	TTTGGCATGA	TCTCACATGT	TGTCACCTAT	TACGCTGGCA	AAAAAGAACC	ATTTGGGTAT
KP100054	CCTGAAGTAT	ACATCCCTAAT	CTTGCACGGA	TTTGGCATGA	TCTCACATGT	TGTCACCTAT	TACGCTGGCA	AAAAAGAACC	ATTTGGGTAT
KJ700438	CCTGAAGTAT	ACATCCCTAAT	CTTGCACGGA	TTTGGCATGA	TCTCACATGT	TGTCACCTAT	TACGCTGGCA	AAAAAGAACC	ATTTGGGTAT
FJ469674	CCTGAAGTAT	ACATCCCTAAT	CTTGCACGGA	TTTGGCATGA	TCTCACATGT	TGTCACCTAT	TACGCTGGCA	AAAAAGAACC	ATTTGGGTAT
AY676201	CCTGAAGTAT	ACATCCCTAAT	CTTGCACGGA	TTTGGCATGA	TCTCACATGT	TGTCACCTAT	TACGCTGGCA	AAAAAGAACC	ATTTGGGTAT
KP951839	CCTGAAGTAT	ACATCCCTAAT	CTTGCACGGA	TTTGGCATGA	TCTCACATGT	TGTCACCTAT	TACGCTGGCA	AAAAAGAACC	ATTTGGGTAT
AP019397	CCTGAAGTAT	ACATCCCTAAT	CTTGCACGGA	TTTGGCATGA	TCTCACATGT	TGTCACCTAT	TACGCTGGCA	AAAAAGAACC	ATTTGGGTAT
KP100055	CCTGAAGTAT	ACATCCCTAAT	CTTGCACGGA	TTTGGCATGA	TCTCACATGT	TGTCACCTAT	TACGCTGGCA	AAAAAGAACC	ATTTGGGTAT
DQ453753	CCTGAAGTAT	ACATCCCTAAT	CTTGCACGGA	TTTGGCATGA	TCTCACATGT	TGTCACCTAT	TACGCTGGCA	AAAAAGAACC	ATTTGGGTAT
HM131942	CCTGAAGTAT	ACATCCCTAAT	CTTGCACGGA	TTTGGCATGA	TCTCACATGT	TGTCACCTAT	TACGCTGGCA	AAAAAGAACC	ATTTGGGTAT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****
	820	830	840	850	860	870	880	890	900
MW774618	ATAGGAATAG	TTTGAAGCAT	AATATCTATC	GGTTTCTCGG	GCTTTATTGT	ATGGGCCAC	CACATATTTA	CTGTCGGGAT	AGATGTTGAC
FJ871126	ATAGGAATAG	TTTGAAGCAT	AATATCTATC	GGTTTCTCGG	GCTTTATTGT	ATGGGCCAC	CACATATTTA	CTGTCGGGAT	AGATGTTGAC
KC333650	ATAGGAATAG	TTTGAAGCAT	AATATCTATC	GGTTTCTCGG	GCTTTATTGT	ATGGGCCAC	CACATATTTA	CTGTCGGGAT	AGATGTTGAC
KC692465	ATAGGAATAG	TTTGAAGCAT	AATATCTATC	GGTTTCTCGG	GCTTTATTGT	ATGGGCCAC	CACATATTTA	CTGTCGGGAT	AGATGTTGAC
KP100054	ATAGGAATAG	TTTGAAGCAT	AATATCTATC	GGTTTCTCGG	GCTTTATTGT	ATGGGCCAC	CACATATTTA	CTGTCGGGAT	AGATGTTGAC
KJ700438	ATAGGAATAG	TTTGAAGCAT	AATATCTATC	GGTTTCTCGG	GCTTTATTGT	ATGGGCCAC	CACATATTTA	CTGTCGGGAT	AGATGTTGAC
FJ469674	ATAGGAATAG	TTTGAAGCAT	AATATCTATC	GGTTTCTCGG	GCTTTATTGT	ATGGGCCAC	CACATATTTA	CTGTCGGGAT	AGATGTTGAC
AY676201	ATAGGAATAG	TTTGAAGCAT	AATATCTATC	GGTTTCTCGG	GCTTTATTGT	ATGGGCCAC	CACATATTTA	CTGTCGGGAT	AGATGTTGAC
KP951839	ATAGGAATAG	TTTGAAGCAT	AATATCTATC	GGTTTCTCGG	GCTTTATTGT	ATGGGCCAC	CACATATTTA	CTGTCGGGAT	AGATGTTGAC
AP019397	ATAGGAATAG	TTTGAAGCAT	AATATCTATC	GGTTTCTCGG	GCTTTATTGT	ATGGGCCAC	CACATATTTA	CTGTCGGGAT	AGATGTTGAC
KP100055	ATAGGAATAG	TTTGAAGCAT	AATATCTATC	GGTTTCTCGG	GCTTTATTGT	ATGGGCCAC	CACATATTTA	CTGTCGGGAT	AGATGTTGAC
DQ453753	ATAGGAATAG	TTTGAAGCAT	AATATCTATC	GGTTTCTCGG	GCTTTATTGT	ATGGGCCAC	CACATATTTA	CTGTCGGGAT	AGATGTTGAC
HM131942	ATAGGAATAG	TTTGAAGCAT	AATATCTATC	GGTTTCTCGG	GCTTTATTGT	ATGGGCCAC	CACATATTTA	CTGTCGGGAT	AGATGTTGAC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****
	910	920	930	940	950	960	970	980	990
MW774618	ACTCGAGCTT	ATTTTACATC	CGCAACGATA	ATTATTGCTA	TCCCAACAGG	ACTAAAAGTA	TTTAGCTGGC	TAGCCACTCT	ACATGAGGGA
FJ871126	ACTCGAGCTT	ATTTTACATC	CGCAACGATA	ATTATTGCTA	TCCCAACAGG	ACTAAAAGTA	TTTAGCTGGC	TAGCCACTCT	ACATGAGGGA
KC333650	ACTCGAGCTT	ATTTTACATC	CGCAACGATA	ATTATTGCTA	TCCCAACAGG	ACTAAAAGTA	TTTAGCTGGC	TAGCCACTCT	ACATGAGGGA
KC692465	ACTCGAGCTT	ATTTTACATC	CGCAACGATA	ATTATTGCTA	TCCCAACAGG	ACTAAAAGTA	TTTAGCTGGC	TAGCCACTCT	ACATGAGGGA
KP100054	ACTCGAGCTT	ATTTTACATC	CGCAACGATA	ATTATTGCTA	TCCCAACAGG	ACTAAAAGTA	TTTAGCTGGC	TAGCCACTCT	ACATGAGGGA
KJ700438	ACTCGAGCTT	ATTTTACATC	CGCAACGATA	ATTATTGCTA	TCCCAACAGG	ACTAAAAGTA	TTTAGCTGGC	TAGCCACTCT	ACATGAGGGA
FJ469674	ACTCGAGCTT	ATTTTACATC	CGCAACGATA	ATTATTGCTA	TCCCAACAGG	ACTAAAAGTA	TTTAGCTGGC	TAGCCACTCT	ACATGAGGGA
AY676201	ACTCGAGCTT	ATTTTACATC	CGCAACGATA	ATTATTGCTA	TCCCAACAGG	ACTAAAAGTA	TTTAGCTGGC	TAGCCACTCT	ACATGAGGGA
KP951839	ACTCGAGCTT	ATTTTACATC	CGCAACGATA	ATTATTGCTA	TCCCAACAGG	ACTAAAAGTA	TTTAGCTGGC	TAGCCACTCT	ACATGAGGGA
AP019397	ACTCGAGCTT	ATTTTACATC	CGCAACGATA	ATTATTGCTA	TCCCAACAGG	ACTAAAAGTA	TTTAGCTGGC	TAGCCACTCT	ACATGAGGGA
KP100055	ACTCGAGCTT	ATTTTACATC	CGCAACGATA	ATTATTGCTA	TCCCAACAGG	ACTAAAAGTA	TTTAGCTGGC	TAGCCACTCT	ACATGAGGGA
DQ453753	ACTCGAGCTT	ATTTTACATC	CGCAACGATA	ATTATTGCTA	TCCCAACAGG	ACTAAAAGTA	TTTAGCTGGC	TAGCCACTCT	ACATGAGGGA
HM131942	ACTCGAGCTT	ATTTTACATC	CGCAACGATA	ATTATTGCTA	TCCCAACAGG	ACTAAAAGTA	TTTAGCTGGC	TAGCCACTCT	ACATGAGGGA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****
	1000	1010	1020	1030	1040	1050	1060	1070	1080
MW774618	ATAATTAAT	GAGACGCCGC	TATATPATGA	GCACTTGGCT	TTATCTTTCT	ATTACTATTT	GGAGGCTTAA	CAGGCATTGT	GCTAGCCAAT
FJ871126	ATAATTAAT	GAGACGCCGC	TATATPATGA	GCACTTGGCT	TTATCTTTCT	ATTACTATTT	GGAGGCTTAA	CAGGCATTGT	GCTAGCCAAT
KC333650	ATAATTAAT	GAGACGCCGC	TATATPATGA	GCACTTGGCT	TTATCTTTCT	ATTACTATTT	GGAGGCTTAA	CAGGCATTGT	GCTAGCCAAT
KC692465	ATAATTAAT	GAGACGCCGC	TATATPATGA	GCACTTGGCT	TTATCTTTCT	ATTACTATTT	GGAGGCTTAA	CAGGCATTGT	GCTAGCCAAT
KP100054	ATAATTAAT	GAGACGCCGC	TATATPATGA	GCACTTGGCT	TTATCTTTCT	ATTACTATTT	GGAGGCTTAA	CAGGCATTGT	GCTAGCCAAT
KJ700438	ATAATTAAT	GAGACGCCGC	TATATPATGA	GCACTTGGCT	TTATCTTTCT	ATTACTATTT	GGAGGCTTAA	CAGGCATTGT	GCTAGCCAAT
FJ469674	ATAATTAAT	GAGACGCCGC	TATATPATGA	GCACTTGGCT	TTATCTTTCT	ATTACTATTT	GGAGGCTTAA	CAGGCATTGT	GCTAGCCAAT
AY676201	ATAATTAAT	GAGACGCCGC	TATATPATGA	GCACTTGGCT	TTATCTTTCT	ATTACTATTT	GGAGGCTTAA	CAGGCATTGT	GCTAGCCAAT
KP951839	ATAATTAAT	GAGACGCCGC	TATATPATGA	GCACTTGGCT	TTATCTTTCT	ATTACTATTT	GGAGGCTTAA	CAGGCATTGT	GCTAGCCAAT
AP019397	ATAATTAAT	GAGACGCCGC	TATATPATGA	GCACTTGGCT	TTATCTTTCT	ATTACTATTT	GGAGGCTTAA	CAGGCATTGT	GCTAGCCAAT
KP100055	ATAATTAAT	GAGACGCCGC	TATATPATGA	GCACTTGGCT	TTATCTTTCT	ATTACTATTT	GGAGGCTTAA	CAGGCATTGT	GCTAGCCAAT
DQ453753	ATAATTAAT	GAGACGCCGC	TATATPATGG	GCACTTGGCT	TTATCTTTCT	ATTACTATTT	GGAGGCTTAA	CAGGCATTGT	GCTAGCCAAT
HM131942	ATAATTAAT	GAGACGCCGC	TATATPATGG	GCACTTGGCT	TTATCTTTCT	ATTACTATTT	GGAGGCTTAA	CAGGCATTGT	GCTAGCCAAT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****

Appendix 8. Continued

	1090	1100	1110	1120	1130	1140	1150	1160	1170
MW774618	TCATCCCTTAG	ATATTGTATT	ACATGACACC	TACTATGTAG	TAGCACACCTT	CCATTATGTC	CTCTCCATGG	GAGCTGTATT	GGCCATTATA
FJ871126	TCATCCCTTAG	ATATTGTATT	ACATGACACC	TACTATGTAG	TAGCACACCTT	CCATTATGTC	CTCTCCATGG	GAGCTGTATT	GGCCATTATA
KC333650	TCATCCCTTAG	ATATTGTATT	ACATGACACC	TACTATGTAG	TAGCACACCTT	CCATTATGTC	CTCTCCATGG	GAGCTGTATT	GGCCATTATA
KC692465	TCATCCCTTAG	ATATTGTATT	ACATGATACC	TACTATGTAG	TAGCACACCTT	CCATTATGTT	CTCTCTATAG	GAGCTGTATT	CGCTATCATG
KP100054	TCATCCCTTAG	ATATTGTATT	ACATGATACC	TACTATGTAG	TAGCACACCTT	CCATTATGTT	CTCTCTATAG	GAGCTGTATT	CGCTATCATG
KJ700438	TCATCCCTTAG	ATATTGTATT	ACATGATACC	TACTACGTAG	TAGCACACCTT	CCATTATGTT	CTCTCTATAG	GAGCTGTATT	CGCTATTATA
FJ469674	TCATCCCTTAG	ATATTGTATT	ACATGATACC	TACTACGTAG	TAGCACACCTT	CCATTATGTT	CTCTCTATAG	GAGCTGTATT	CGCTATTATA
AY676201	TCATCCCTTAG	ATATTGTATT	ACATGATACC	TACTATGTAG	TAGCACACCTT	CCATTATGTT	CTCTCTATAG	GAGCTGTATT	CGCTATTATA
KP951839	TCATCCCTTAG	ATATTGTATT	ACATGATACC	TACTATGTAG	TAGCACACCTT	CCATTATGTT	CTCTCTATAG	GAGCTGTATT	CGCTATTATA
AP019397	TCATCCCTTAG	ATATTGTATT	ACATGATACC	TACTATGTAG	TAGCACACCTT	CCATTATGTT	CTCTCTATAG	GAGCTGTATT	CGCTATTATA
KP100055	TCATCCCTTAG	ATATTGTATT	ACATGATACC	TACTATGTAG	TAGCACACCTT	CCATTATGTT	CTCTCTATAG	GAGCTGTATT	CGCTATTATA
DQ453753	TCATCCCTTAG	ATATTGTATT	ACATGATACC	TACTATGTAG	TAGCACACCTT	CCATTATGTT	CTCTCTATAG	GAGCTGTATT	CGCTATTATA
HM131942	TCATCCCTTAG	ATATTGTATT	ACATGATACC	TACTATGTAG	TAGCACACCTT	CCATTATGTT	CTCTCTATAG	GAGCTGTATT	CGCTATTATA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****
	1180	1190	1200	1210	1220	1230	1240	1250	1260
MW774618	GCAGGATTCA	CTCATTGATT	CCCACCTCTTC	ACTGGATACT	CATTACACCA	AACTTGAGCA	AAAATCCACT	TGGGGTAAT	ATTTGCAGGC
FJ871126	GCAGGATTCA	CTCATTGATT	CCCACCTCTTC	ACTGGATACT	CATTACACCA	AACTTGAGCA	AAAATCCACT	TGGGGTAAT	ATTTGCAGGC
KC333650	GCAGGATTCA	CTCATTGATT	CCCACCTCTTC	ACTGGATACT	CATTACACCA	AACTTGAGCA	AAAATCCACT	TGGGGTAAT	ATTTGCAGGC
KC692465	GCAGGATTCA	CCCATTGATT	CCCACCTCTTC	ACTGGATACT	CATTACACCA	AACTTGAGCC	AAAATCCACT	TGGGGTGAT	ATTTGCAGGC
KP100054	GCAGGATTCA	CCCATTGATT	CCCACCTCTTC	ACTGGATACT	CATTACACCA	AACTTGAGCC	AAAATCCACT	TGGGGTGAT	ATTTGCAGGC
KJ700438	GCAGGATTCA	CTCATTGATT	CCCACCTCTTC	ACTGGATACT	CATTACACCA	AACTTGAGCC	AAAATCCACT	TGGGGTAAT	ATTTGCAGGC
FJ469674	GCAGGATTCA	CTCATTGATT	CCCACCTCTTC	ACTGGATACT	CATTACACCA	AACTTGAGCC	AAAATCCACT	TGGGGTAAT	ATTTGCAGGC
AY676201	GCAGGATTCA	CTCATTGATT	CCCACCTCTTC	ACTGGATACT	CATTACACCA	AACTTGAGCC	AAAATCCACT	TGGGGTAAT	ATTTGCAGGC
KP951839	GCAGGATTCA	CTCATTGATT	CCCACCTCTTC	ACTGGATACT	CATTACACCA	AACTTGAGCC	AAAATCCACT	TGGGGTAAT	ATTTGCAGGC
AP019397	GCAGGATTCA	CTCATTGATT	CCCACCTCTTC	ACTGGATACT	CATTACACCA	AACTTGAGCC	AAAATCCACT	TGGGGTAAT	ATTTGCAGGC
KP100055	GCAGGATTCA	CCCATTGATT	CCCACCTCTTC	ACTGGATACT	CATTACACCA	AACTTGAGCC	AAAATCCACT	TGGGGTGAT	ATTTGCAGGC
DQ453753	GCAGGATTCA	CCCATTGATT	CCCACCTCTTC	ACTGGATACT	CATTACACCA	AACTTGAGCC	AAAATCCACT	TGGGGTAAT	ATTTGCAGGC
HM131942	GCAGGATTCA	CCCATTGATT	CCCACCTCTTC	ACTGGATACT	CATTACACCA	AACTTGAGCC	AAAATCCACT	TGGGGTAAT	ATTTGCAGGC
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****
	1270	1280	1290	1300	1310	1320	1330	1340	1350
MW774618	GTTAACATCA	CCTTTTTCCC	CCAACATTTTC	TTAGGTTTAG	CCGGAATACC	ACGACGTTAC	TCTGACTACC	CAGATGCATA	CACCCATAGA
FJ871126	GTTAACATCA	CCTTTTTCCC	CCAACATTTTC	TTAGGTTTAG	CCGGAATACC	ACGACGTTAC	TCTGACTACC	CAGATGCATA	CACCCATAGA
KC333650	GTTAACATCA	CCTTTTTCCC	CCAACATTTTC	TTAGGTTTAG	CCGGAATACC	ACGACGTTAC	TCTGACTACC	CAGATGCATA	CACCCATAGA
KC692465	GTTAACATCA	CCTTTTTCCC	CCAACATTTTC	TTAGGTTTAG	CCGGAATACC	ACGACGTTAC	TCTGACTATC	CAGATGCATA	CACCCATAGA
KP100054	GTTAACATCA	CCTTTTTCCC	CCAACATTTTC	TTAGGTTTAG	CCGGAATACC	ACGACGTTAC	TCTGACTATC	CAGATGCATA	CACCCATAGA
KJ700438	GTTAACATCA	CCTTTTTCCC	CCAACATTTTC	TTAGGTTTAG	CCGGAATACC	ACGACGTTAC	TCTGACTACC	CAGATGCATA	CACCCATAGA
FJ469674	GTTAACATCA	CCTTTTTCCC	CCAACATTTTC	TTAGGTTTAG	CCGGAATACC	ACGACGTTAC	TCTGACTACC	CAGATGCATA	CACCCATAGA
AY676201	GTTAACATCA	CCTTTTTCCC	CCAACATTTTC	TTAGGTTTAG	CCGGAATACC	ACGACGTTAC	TCTGACTACC	CAGATGCATA	CACCCATAGA
KP951839	GTTAACATCA	CCTTTTTCCC	CCAACATTTTC	TTAGGTTTAG	CCGGAATACC	ACGACGTTAC	TCTGACTATC	CAGATGCATA	CACCCATAGA
AP019397	GTTAACATCA	CCTTTTTCCC	CCAACATTTTC	TTAGGTTTAG	CCGGAATACC	ACGACGTTAC	TCTGACTATC	CAGATGCATA	CACCCATAGA
KP100055	GTTAACATTA	CCTTTTTCCC	CCAACATTTTC	TTAGGTTTAG	CCGGAATACC	ACGACGTTAC	TCTGACTATC	CAGATGCATA	CACCCATAGA
DQ453753	GTTAACATTA	CCTTTTTCCC	CCAACATTTTC	TTAGGTTTAG	CCGGAATACC	ACGACGTTAC	TCTGACTACC	CAGATGCATA	CACCCATAGA
HM131942	GTTAACATCA	CCTTTTTCCC	CCAACATTTTC	TTAGGTTTAG	CCGGAATACC	ACGACGTTAC	TCTGACTACC	CAGATGCATA	CACCCATAGA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****
	1360	1370	1380	1390	1400	1410	1420	1430	1440
MW774618	AATTCTGCTC	CATCAATCGG	ATCTCTAATC	TCCTTAATAG	CAGTAATAT	AATAATATTC	ATTATTTGAG	ARGCATFCTC	TTCAAACGGA
FJ871126	AATTCTGCTC	CATCAATCGG	ATCTCTAATC	TCCTTAATAG	CAGTAATAT	AATAATATTC	ATTATTTGAG	ARGCATFCTC	TTCAAACGGA
KC333650	AATTCTGCTC	CATCAATCGG	ATCTCTAATC	TCCTTAATAG	CAGTAATAT	AATAATATTC	ATTATTTGAG	ARGCATFCTC	TTCAAACGGA
KC692465	AATTCTATCT	CATCAATCGG	ATCTCTAATC	TCCTTAATAG	CAGTAATAT	AATAATATTC	ATTATTTGAG	ARGCATFCTC	TTCAAACGGA
KP100054	AATTCTATCT	CATCAATCGG	ATCTCTAATC	TCCTTAATAG	CAGTAATAT	AATAATATTC	ATTATTTGAG	ARGCATFCTC	TTCAAACGGA
KJ700438	AATTCTATCT	CATCAATCGG	ATCTCTAATC	TCCTTAATAG	CAGTAATAT	AATAATATTC	ATTATTTGAG	ARGCATFCTC	TTCAAACGGA
FJ469674	AATTCTATCT	CATCAATCGG	ATCTCTAATC	TCCTTAATAG	CAGTAATAT	AATAATATTC	ATTATTTGAG	ARGCATFCTC	TTCAAACGGA
AY676201	AATTCTATCT	CATCAATCGG	ATCTCTAATC	TCCTTAATAG	CAGTAATAT	AATAATATTC	ATTATTTGAG	ARGCATFCTC	TTCAAACGGA
KP951839	AATTCTATCT	CATCAATCGG	ATCTCTAATC	TCCTTAATAG	CAGTAATAT	AATAATATTC	ATTATTTGAG	ARGCATFCTC	TTCAAACGGA
AP019397	AATTCTATCT	CATCAATCGG	ATCTCTAATC	TCCTTAATAG	CAGTAATAT	AATAATATTC	ATTATTTGAG	ARGCATFCTC	TTCAAACGGA
KP100055	AACTCTAGCT	CATCAATCGG	ATCTCTAATC	TCCTTAATAG	CAGTAATAT	AATAATATTC	ATTATTTGAG	ARGCATFCTC	TTCAAACGGA
DQ453753	AATTCTATCT	CATCAATCGG	ATCTCTAATC	TCCTTAATAG	CAGTAATAT	AATAATATTC	ATTATTTGAG	ARGCATFCTC	TTCAAACGGA
HM131942	AATTCCATCT	CATCAATCGG	ATCTCTAATC	TCCTTAATAG	CAGTAATAT	AATAATATTC	ATTATTTGAG	ARGCATFCTC	TTCAAACGGA
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****
	1450	1460	1470	1480	1490	1500	1510	1520	1530
MW774618	AAAGTAATAA	CAGTCAACT	CACAACACT	AATGTAGAAT	GATTACATGG	CTGCCACCC	CCATACCAGA	CCTACGAAGA	-----
FJ871126	AAAGTAATAA	CAGTCAACT	CACAACACT	AATGTAGAAT	GATTACATGG	CTGCCACCC	CCATACCAGA	CCTACGAAGA	CCGAGCCCAT
KC333650	AAAGTAATAA	CAGTCAACT	CACAACACT	AATGTAGAAT	GATTACATGG	CTGCCACCC	CCATACCAGA	CCTACGAAGA	CCGAGCCCAT
KC692465	AAAGTAATAA	CAATCGAACT	CACAACACT	AATGTAGAAT	GATTACATGG	CTGCCACCC	CCATACCAGA	CCTACGAAGA	CCGAGCCCAT
KP100054	AAAGTAATAA	CAATCGAACT	CACAACACT	AATGTAGAAT	GATTACATGG	CTGCCACCC	CCATACCAGA	CCTACGAAGA	CCGAGCCCAT
KJ700438	AAAGTAATAA	CAGTCAACT	CACAACACT	AATGTAGAAT	GATTACATGG	CTGCCACCC	CCATACCAGA	CCTACGAAGA	CCGAGCCCAT
FJ469674	AAAGTAATAA	CAGTCAACT	CACAACACT	AATGTAGAAT	GATTACATGG	CTGCCACCC	CCATACCAGA	CCTACGAAGA	CCGAGCCCAT
AY676201	AAAGTAATAA	CAGTCAACT	CACAACACT	AATGTAGAAT	GATTACATGG	CTGCCACCC	CCATACCAGA	CCTACGAAGA	CCGAGCCCAT
KP951839	AAAGTAATAA	CAGTCAACT	CACAACACT	AATGTAGAAT	GATTACATGG	CTGCCACCC	CCATACCAGA	CCTACGAAGA	CCGAGCCCAT
AP019397	AAAGTAACAA	CAGTCAACT	CACAACACT	AATGTAGAAT	GATTACATGG	CTGCCACCC	CCATACCAGA	CCTACGAAGA	CCGAGCCCAT
KP100055	AAAGTAATAA	CAGTCAACT	CACAACACT	AATGTAGAAT	GATTACATGG	CTGCCACCC	CCATACCAGA	CCTACGAAGA	CCGAGCCCAT
DQ453753	AAAGTAATAA	CAGTCAACT	CACAACACT	AATGTAGAAT	GATTACATGG	CTGCCACCC	CCATACCAGA	CCTACGAAGA	CCGAGCCCAT
HM131942	AAAGTAATAA	CAGTCAACT	CACAACACT	AATGTAGAAT	GATTACATGG	CTGCCACCC	CCATACCAGA	CCTACGAAGA	CCGAGCCCAT
Consensus	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****
	1540								
MW774618	-----	-----							
FJ871126	GTTCAAACCC	AAGAAGGG							
KC333650	GTTCAAACCC	AAGAAGGG							
KC692465	GTTCAAACCC	AAGAAGGG							
KP100054	GTTCAAACCC	AAGAAGGG							
KJ700438	GTTCAAACCC	AAGAAGGG							
FJ469674	GTTCAAACCC	AAGAAGGG							
AY676201	GTTCAAACCC	AAGAAGGG							
KP951839	GTTCAAACCC	AAGAAGGG							
AP019397	GTTCAAACCC	AAGAAGGG							
KP100055	GTTCAAACCC	AAGAAGGG							
DQ453753	GTTCAAACCC	AAGAAGGG							
HM131942	GTGCAAACCC	AAGAAGGG							
Consensus	*****	*****							

