

2022년 한국곤충학회

# 추계학술대회 및 정기총회 (One Health and Insect)

**장소** 순천향대학교 유니토피아관 3D 극장

**일정** 2022.11.24(목) 12:00 ~ 25(금) 11:00

**주최** 사단법인 한국곤충학회

**주관** 순천향대학교, 한국자생동물자원활용 융복합연구소



사단법인 한국곤충학회  
The Entomological Society of Korea

# 2022년 한국곤충학회 추계학술대회 및 정기총회 (One Health and Insect)

**장소** 순천향대학교 유니토피아관 3D 극장

**일정** 2022.11.24(목) 12:00 ~ 25(금) 11:00

**주최** 사단법인 한국곤충학회

**주관** 순천향대학교, 한국자생동물자원활용 융복합연구소

This work was supported by the Korean Federation of Science and Technology Societies (KOFST)  
grant funded by the Korean government.

본 사업은 기획재정부의 복권기금 및 과학기술정보통신부의 과학기술진흥기금으로 추진되어  
사회적 가치 실현과 국가과학기술 발전에 기여합니다.





## 2022년 한국곤충학회 추계학술대회 및 정기총회 일정표

### “One Health and Insect”

일정: 2022년 11월 24일(목)~25일(금) / 장소: 순천향대학교 유니토피아관 3D 극장

11월 24일(목)	행 사
12:00~13:15	접수
13:15~13:25	개회사 및 축사
13:25~13:30	전체 기념사진촬영
	<b>특별강연(One Health and Insect) 좌장: 권오석 교수(경북대학교)</b>
13:30~13:50	신종/재출현 감염병 대응을 위한 범부처 방역연계감염병연구개발 이주실 단장(방역연계범부처감염병연구개발사업)
13:50~14:20	Phylogenetic and genomic analysis of <i>Coxiella burnetii</i> isolates collected from the patients with Q fever in Korea 주혁 연구관(국립보건연구원)
14:20~14:50	분자생물학 방법을 이용한 질병매개체에서 살충제 저항성 돌연변이의 정량적 진단 김영호 교수(경북대학교)
14:50~15:20	The importance of vector-borne disease detection in 'One Health' 한연수 교수(전남대학교)
15:20~15:40	<b>포스터세션(오프라인) 및 Coffee Break 및 부스방문</b>
	<b>일반구두발표 좌장: 조용훈 교수(순천향대학교)</b>
15:40~15:55	Monitoring the diel activity pattern of <i>Haemaphysalis longicornis</i> 노병언(질병관리청)
15:55~16:10	Molecular analysis of tick-borne bacterial pathogens from ticks infesting livestock in Kyrgyzstan, 2021 김유정(질병관리청)
16:10~16:25	Monitoring of Japanese encephalitis vector mosquitoes ( <i>Culex tritaeniorhynchus</i> ) in Korea, 2021 신소은(질병관리청)
16:25~16:40	Status of malaria vector mosquitoes monitoring and vivax malaria infection in malaria risk areas in the Republic of Korea, 2021 한보경(질병관리청)
16:40~16:55	Exploring the efficiency of termite food transportation in a sinusoidal-shaped tunnel 이상희(국립수목과학연구소)
	<b>이공대학생 구두발표 좌장: 최문보 박사(경북대학교)</b>
16:55~17:10	상용 복합사료를 활용한 갈색거저리 사육 기술 최적화 연구 조준호(전남대학교)
17:10~17:25	무척추동물 NGS 데이터 분석을 위한 데이터베이스, PANM DB (Version V) 업데이트 정준양(순천향대학교)
17:25~17:40	Lytic polysaccharide monooxygenase is required for chitinous cuticle turnover during insect molting 김명진(전남대학교)
17:40~18:00	<b>우수상 시상식 및 정기총회</b>
18:00	<b>간담회</b>

11월 25일(금)	행 사
09:00~11:00	<b>포스터 발표(온라인)</b> 분류, 생태, 형태, 생리, 분자생물, 식용곤충, 기타분야
	<b>신진과학자 발표(온라인)</b> <b>좌장: 최진경 교수(대구교육대학교)</b>
10:00~10:20	Predicting hosts through molecular analysis of ichneumonid guts 강규원(곤충탐구교육연구소)
10:20~10:40	Illumina HiSeq 4000을 이용한 작은소피참진드기( <i>Haemaphysalis longicornis</i> )의 transcriptome 분석 상민규(순천향대학교)
10:40~11:00	Current status of immune deficiency pathway in <i>Tenebrio molitor</i> innate immunity 장호암(전남대학교)
11:00	폐회식



## ◆ 특별강연

- 13:30 신종/재출현 감염병 대응을 위한 범부처 방역연계감염병연구개발  
이주실 단장(방역연계범부처감염병연구개발사업) ..... 3
- 13:50 Phylogenetic and genomic analysis of *Coxiella burnetii* isolates collected from  
the patients with Q fever in Korea  
주혁 연구관(국립보건연구원) ..... 12
- 14:20 분자생물학 방법을 이용한 질병매개체에서 살충제 저항성 돌연변이의 정량적 진단  
김영호 교수(경북대학교) ..... 13
- 14:50 The importance of vector-borne disease detection in 'One Health'  
한연수 교수(전남대학교) ..... 14

## ◆ 일반구두발표

- 15:40 Monitoring the diel activity of *Haemaphysalis longicornis*  
노병언 ..... 17
- 15:55 Molecular analysis of tick-borne bacterial pathogens from ticks infesting  
livestock in Kyrgyzstan, 2021  
김유정 ..... 18
- 16:10 Monitoring of Japanese encephalitis vector mosquitoes (*Culex tritaeniorhynchus*)  
in Korea, 2021  
신소은 ..... 19
- 16:25 Status of malaria vector mosquitoes monitoring and vivax malaria infection  
in malaria risk areas in the Republic of Korea, 2021  
한보경 ..... 20
- 16:40 Exploring the efficiency of termite food transportation in a sinusoidal-shaped  
tunnel  
이상희 ..... 21

◆ 이공대학생 구두발표

16:55	상용 복합사료를 활용한 갈색거저리 사육 기술 최적화 연구 조준호 .....	25
17:10	무척추동물 NGS 데이터 분석을 위한 데이터베이스, PANM DB (Version V) 업데이트 정준양 .....	26
17:25	Lytic polysaccharide monooxygenase is required for chitinous cuticle turnover during insect molting 김명진 .....	27

◆ 신진과학자 발표

10:00	Predicting hosts through molecular analysis of ichneumonid guts 강규원 .....	31
10:20	Illumina HiSeq 4000을 이용한 작은소피참진드기( <i>Haemaphysalis longicornis</i> )의 transcriptome 분석 상민규 .....	32
10:40	Current status of immune deficiency pathway in <i>Tenebrio molitor</i> innate immunity 장호암 .....	33



◆ 분야별 포스터 학술연구발표

【 분 류 】

<b>A-01</b>	A new species of subfamily Acaenitinae Gyu Won Kang and Jin Kyung Choi .....	37
<b>A-02</b>	Four species of the subfamilies Tryphoninae and Xoridinae (Hymenoptera: Ichneumonidae) new to South Korea Jin-Kyung Choi .....	38
<b>A-03</b>	Korean stoneflies (Plecoptera) with five new species and three new Korean records Jeong Mi Hwang, Ji Hyoun Kang, David Murányi, and Yeon Jae Bae .....	39
<b>A-04</b>	First record of <i>Lema (Lema) diversipes</i> Pic (Coleoptera: Chrysomelidae: Criocerinae) from Korea Joong Youb Kim, Jinyoung Park, and Jong Eun Lee .....	40
<b>A-05</b>	Three new record species of genus <i>Boletina</i> Staeger (Diptera: Mycetophilidae: Gnoristinae) from the Korean peninsula Dongho Lee and Yeon Jae Bae .....	41
<b>A-06</b>	DNA barcode library of South Korean limoniid crane flies (Diptera: Limoniidae) Jisoo Kim, Dae-Am Yi, and Yeon Jae Bae .....	42
<b>A-07</b>	Contributions to the knowledge of the three new genera of the microleafhopper tribe Empoascini from Korea (Homoptera: Cicadellidae: Typhlocybinae) Jin Hyung KWON, Md. Shamim HOSSAIN, Sang Jae SUH, and Yong Jung KWON ...	43
<b>A-08</b>	A peculiar new microleafhopper genus, <i>Koreoridia</i> gen. nov., belonging to the tribe Erythroneurini from Korea (Homoptera: Cicadellidae: Typhlocybinae) Jin Hyung KWON, Md. Shamim HOSSAIN, Sang Jae SUH, and Yong Jung KWON ...	44
<b>A-09</b>	Classification of the microleafhopper genus <i>Alebroides</i> Matsumura from Korea (Homoptera: Cicadellidae: Typhlocybinae) Jin Hyung KWON, Md. Shamim HOSSAIN, Sang Jae SUH, and Yong Jung KWON ...	45
<b>A-10</b>	Classification of the microleafhopper genus <i>Empoa</i> Fitch from Korea (Homoptera: Cicadellidae: Typhlocybinae) Jin Hyung KWON, Md. Shamim HOSSAIN, Sang Jae SUH, and Yong Jung KWON ...	46
<b>A-11</b>	Classification of the leafhopper genus <i>Macropsis</i> Lewis from Korea (Homoptera: Cicadellidae) Jin Hyung KWON, Sang Jae SUH, and Yong Jung KWON .....	47



<b>A-12</b>	Classification of the leafhopper genus <i>Oncopsis</i> Burmeister belonging to the tribe Macropsini from Korea (Homoptera: Cicadellidae) <u>Jin Hyung KWON</u> , Sang Jae SUH, and Yong Jung KWON .....	48
<b>A-13</b>	A new species of the leafhopper genus <i>Pedionis</i> Hamilton belonging to the tribe Macropsini from Korea (Homoptera: Cicadellidae) <u>Jin Hyung KWON</u> , Sang Jae SUH, and Yong Jung KWON .....	49
<b>A-14</b>	Classification of the jumping plant-louse genus <i>Calophya</i> R�w belonging to the family Calophyidae from Korea (Homoptera: Psylloidea) <u>Jin Hyung KWON</u> , Sang Jae SUH, and Yong Jung KWON .....	50
<b>A-15</b>	Classification of the jumping plant-louse genus <i>Acizzia</i> Haslop-Harrison belonging to the subfamily Acizziinae from Korea (Homoptera: Psylloidea) <u>Jin Hyung KWON</u> , Sang Jae SUH, and Yong Jung KWON .....	51
<b>A-16</b>	Classification of the jumping plant-louse subgenus <i>Koreopsylla</i> Kwon et Kwon belonging to the genus <i>Psylla</i> Geoffroy from Korea (Homoptera: Psylloidea) <u>Jin Hyung KWON</u> , Sang Jae SUH, and Yong Jung KWON .....	52
<b>A-17</b>	A new species of the jumping plant-louse belonging to the genus <i>Cacopsylla</i> Dwelling on Japanese rowan tree from Korea (Homoptera: Psyllidae) <u>Jin Hyung KWON</u> , Sang Jae SUH, and Yong Jung KWON .....	53
<b>A-18</b>	Classification of the planthopper genus <i>Stenocranus</i> Fieber of the subfamily Stenocraninae Wagner from Korea (Homoptera: Delphacidae) <u>Min Wook KIM</u> , Jin Hyung KWON, Yong Jung KWON, and Sang Jae SUH .....	54
<b>A-19</b>	A new species belonging to the dancefly genus <i>Syneches</i> Walker of the subfamily Hybotinae from Korea (Dptera: Empidoidea: Hybotidae) <u>Jin Hyung KWON</u> , Yong Jung KWON, Sang Jae SUH, and Ding YANG .....	55
<b>A-20</b>	A new genus belonging to the dancefly tribe Drapetini Collin of the subfamily Tachydromiinae from Korea (Dptera: Empidoidea: Hybotidae) <u>Jin Hyung KWON</u> , Yong Jung KWON, Sang Jae SUH, and Ding YANG .....	56
<b>A-21</b>	A new species belonging to the dancefly genus <i>Roederiodes</i> Coquillett of the subfamily Clinocerinae from Korea (Dptera: Empidoidea: Empididae) <u>Jin Hyung KWON</u> , Yong Jung KWON, Sang Jae SUH, and Ding YANG .....	57
<b>A-22</b>	Classification of the leafhopper genus <i>Macrosteles</i> Fieber and allied genera of the world (Hemiptera: Cicadellidae) <u>Jin Hyung KWON</u> , Sang Jae SUH, and Yong Jung KWON .....	58
<b>A-23</b>	Taxonomic revision of the family Strongylophthalmyiidae (Diptera: Neriodea) from Korea <u>Junyeong Woo</u> and Sang Jae Suh .....	59



<b>A-24</b>	Taxonomic review of Mongolian Ephemerellidae (Ephemeroptera) Sang Kyu SHIN, Jeong Mi HWANG, Badamdorj BAYARTOGTOKH, and Yeon Jae BAE .....	60
<b>A-25</b>	DNA barcode analysis of chironomid larvae (Diptera: Chironomidae) from large rivers in South Korea to facilitate freshwater biomonitoring and public health surveillance Hyo Jeong Kang, Min Jeong Baek, Ji Hyoun Kang, and Yeon Jae Bae .....	61
<b>A-26</b>	Descriptions of two new species of the genus <i>Scaphisoma</i> Leach (Coleoptera: Staphylinidae: Scaphidiinae) in Korea Ye Jun Kim and Kee-Jeong Ahn .....	62
<b>A-27</b>	A new species of <i>Siagonium</i> Kirby & Spence (Coleoptera: Staphylinidae: Piestinae) in Korea Joon-Yong Park and Kee-Jeong Ahn .....	63
<b>A-28</b>	Two <i>Lathrobium</i> Gravenhorst species (Coleoptera: Staphylinidae: Paederinae) new to Korea Gae-Nam Jeon and Kee-Jeong Ahn .....	64
<b>A-29</b>	Integrative taxonomy of Korean <i>Adota</i> Casey (Coleoptera: Staphylinidae: Aleocharinae) Jong-Kuen Jung, Seung-Gyu Lee, In-Seong Yoo, and Kee-Jeong Ahn .....	65

## 【 생 태 】

<b>B-01</b>	돌혹이꽃자왈에서 생태교육을 통한 곤충 다양성 조사 고민희, 장은비, 이승학, 윤원종, 정용환 .....	66
<b>B-02</b>	Analysis of <i>Linepitha humile</i> (Hymenoptera: Formicidae) distribution and characteristics of accompanying ants near Busan Station, South Korea Jongwon Song, Seung won Lee, Jeongeun Bak, and Yongho Cho .....	67
<b>B-03</b>	지리산국립공원 심원마을 복원지역의 곤충다양성에 관한 연구 한용구, 윤명수, 차수민, 최영화, 박민지, 최형진, 이호재 .....	68
<b>B-04</b>	경상북도 남부 지역의 모기(Diptera: Culicidae) 발생소장 및 Real-Time PCR을 이용한 Flavivirus 감염조사 전지승, 최광식 .....	69
<b>B-05</b>	2021년 경상북도 김천시 야생 설치류 및 털진드기 발생량 조사 이현승, 최광식 .....	70



<b>B-06</b>	A change of benthic macroinvertebrate community caused by environmental change in the lower reach of the Nakdong river Taek Geun Lee, Jung Woo Kim, Mi Jung Bae, Jung Nam Ryu, Nam Joo Lee, and Myoung Chul Kim .....	71
<b>B-07</b>	생물지수 검토를 위한 주요하천 수생태계 평가 및 조사 김지원, 이택근, 김정우, 곽인실, 유태식, 김명철 .....	72
<b>B-08</b>	2022년 경상북도 남부지역 참진드기 감시 장준혁, 최광식 .....	73
<b>B-09</b>	야행성 말벌 큰흙눈말벌( <i>Vespa binghami</i> )의 시간대별 야외활동 분석 최문보, 권오석 .....	74
<b>B-10</b>	2022년 조사된 독도의 곤충상 최문보, 민남경, 권오석 .....	75
<b>B-11</b>	하수처리장 처리수가 저서성 대형무척추동물 특정 분류군에 미치는 영향 정우현, 이종은 .....	76
<b>B-12</b>	Difference of gut bacterial community and wing morphology in <i>Chlaenius pallipes</i> (Coleoptera: Carabidae) by habitat condition Woong-Bae Park, Jun-Kyu Park, and Yuno Do .....	77
<b>B-13</b>	Community Loss Index (CLI) analysis of benthic macroinvertebrates in Deogyusan National Park Hui Won Roh and Jong Eun Lee .....	78
<b>B-14</b>	Community stability and functional feeding groups of the benthic macroinvertebrates in Gwangju stream of Mudeungsan National Park Su Jin Kim and Jong Eun Lee .....	79
<b>B-15</b>	Seasonal community fluctuation and functional feeding groups of benthic macroinvertebrates in Yeongyang Janggumegi wetland Kwang Deok Kim and Jong Eun Lee .....	80
<b>B-16</b>	예산 지역의 쯤쯤가무시증 매개 털진드기(Acari: Trombiculidae) 밀도 조사(2020~2021) 신현준, 박지은, 송대권, 정준양, 홍찬의, 김용태, 류자미, 상민규, 이용석 .....	81
<b>B-17</b>	기후변화에 따른 SFTS 매개 참진드기(Acari: Ixodidae) 발생밀도 조사(2019~2021년) 김용태, 박지은, 송대권, 정준양, 홍찬의, 신현준, 류자미, 상민규, 이용석 .....	82



## 【 형 태 】

<b>C-01</b>	Fine structural characteristics of the microspheres on the chorionic surface of the orb web spider <i>Trichonephila clavata</i> Seung-Min LEE and Myung-Jin MOON .....	83
<b>C-02</b>	Fine structure of web decoration in the garden Spider, <i>Argiope bruennichi</i> Seung-Min LEE and Myung-Jin MOON .....	84
<b>C-03</b>	Microstructural aspects of the silk-based scaffolds for tissue engineering from the silkworm, <i>Bombyx mori</i> Bon-Jin KU, Yan SUN, and Myung-Jin MOON .....	85
<b>C-04</b>	Microstructural aspects of the plastic waste biodegradation in the digestive tract of the mealworm, <i>Tenebrio molitor</i> Bon-Jin KU, Yan SUN, and Myung-Jin MOON .....	86
<b>C-05</b>	Fine structural characteristics of the silk-based film scaffolds for derived from the golden orb-web spider <i>Trichonephila clavata</i> Yan SUN, Bon-Jin KU, Jae-Kyung KIM, and Myung-Jin MOON .....	87
<b>C-06</b>	Fine structure of the silk fibroin-based scaffolds derived from the orb-web spider <i>Trichonephila clavata</i> Yan SUN, Bon-Jin KU, and Myung-Jin MOON .....	88
<b>C-07</b>	DNA barcoding reveals possible cryptic species from <i>Potamanthus</i> (Ephemeroptera: Potamanthidae): The case of <i>Potamanthus luteus oriens</i> Bae & McCafferty Alfredo MAYORGA and Yeon Jae BAE .....	89

## 【 생 리 】

<b>D-01</b>	Immunological roles of <i>TmToll-2</i> and <i>TmToll-3</i> in response to systemic infection in <i>Tenebrio molitor</i> Maryam Ali Mohammadie Kojour, Ho Am Jang, Yong Seok Lee, Su Hyeon Hwang, Keunho Yun, Yong Hun Jo, and Yeon Soo Han .....	90
<b>D-02</b>	Effects of <i>TmTak1</i> gene silencing on expression patterns of antimicrobial peptides (AMPs) in <i>Tenebrio molitor</i> Su Hyeon Hwang, Keunho Yun, Maryam Ali Mohammadie Kojour, Ho Am Jang, Yong Seok Lee, Yong Hun Jo, and Yeon Soo Han .....	91
<b>D-03</b>	<i>TmFADD</i> plays important role in response to gram-negative bacteria by regulating antimicrobial peptides (AMPs) as an adaptor protein of Imd pathway in <i>Tenebrio molitor</i> Keunho Yun, Ho Am Jang, Su Hyeon Hwang, MaryamAli Mohammadie Kojour, Yong Seok Lee, Yong Hun Jo, and Yeon Soo Han .....	92

<b>D-04</b>	Study of JNK pathway transcription factor <i>TmKayak</i> gene in <i>Tenebrio molitor</i> <u>Ho Am Jang</u> , Keunho Yun, Su Hyeon Hwang, Maryam Ali Mohammadie Kojour, Yong Seok Lee, Yeon Soo Han, and Yong Hun Jo .....	93
<b>D-05</b>	Induction patterns of detoxification genes against heavy metal injection in <i>Tenebrio molitor</i> <u>Ho Am Jang</u> , Hyoung-Seon Baek, Bo Bae Kim, Yong Seok Lee, Yeon Soo Han and Yong Hun Jo .....	94
<b>D-06</b>	Induction patterns of detoxification genes against pesticides injection in <i>Tenebrio molitor</i> <u>Ho Am Jang</u> , Hyoung-Seon Baek, Bo Bae Kim, Yong Seok Lee, Yeon Soo Han, and Yong Hun Jo .....	95

## 【 분자생물 】

<b>E-01</b>	RNAi-based functional analysis of molting fluid chitinases from the Japanese pine sawyer beetle <u>Youngseo Lee</u> , Seulgi Mun, Yasuyuki Arakane, and Mi Young Noh .....	96
<b>E-02</b>	Tyrosine hydroxylase and DOPA decarboxylase are required for adult cuticle morphology and pigmentation of <i>Monochamus alternatus</i> <u>Mi Young Noh</u> , Jiyeun Wi, and Yasuyuki Arakane .....	97
<b>E-03</b>	Function of <i>yellow-γ</i> in adult cuticle melanization of <i>Monochamus alternatus</i> Jihwan Han, Jiyeun Wi, and <u>Mi Young Noh</u> .....	98
<b>E-04</b>	Population genetic analyses of a burrowing mayfly, <i>Ephoron shigae</i> (Ephemeroptera: Polymitarcyidae), from Korea and Japan <u>Ji Hyoun Kang</u> , Jeong Mi Hwang, Soon-Jik Kwon, Sekine, Kazuki, Sun-Jae Park, Min Jeong Baek, and Yeon Jae Bae .....	99
<b>E-05</b>	Chitin deacetylases are necessary for insect femur muscle attachment and mobility <u>Seulgi Mun</u> , Mi Young Noh, Erika R. Geisbrecht, Karl J. Kramer, Subbaratnam Muthukrishnan, and Yasuyuki Arakane .....	100
<b>E-06</b>	수중의 환경유전자(environmental DNA)를 이용한 논 수생태의 수서곤충 탐색 <u>김건희</u> , 노아룡새미 .....	101
<b>E-07</b>	NGS를 이용한 작은빨간집모기( <i>Culex tritaeniorhynchus</i> ) transcriptome의 생물정보학적 분석 <u>정준양</u> , 박지은, 송대권, 홍찬의, 김용태, 신현준, 류자미, Patnaik Hongray Howrelia, Bharat Bhusan Patnaik, 상민규, 신이현, 박홍석, 한연수, 이용석 .....	102
<b>E-08</b>	Illumina HiSeq 4000을 이용한 개피참진드기( <i>Haemaphysalis flava</i> ) 암컷 Transcriptome의 생물정보학적 분석 <u>홍찬의</u> , 박지은, 송대권, 정준양, 김용태, 신현준, 류자미, Patnaik Hongray Howrelia, Bharat Bhusan Patnaik, 상민규, 신이현, 박홍석, 한연수, 이용석 .....	103



<b>E-09</b>	NGS를 활용한 빨간집모기( <i>Culex pipiens pallens</i> ) Transcriptome의 생물정보학적 분석 송대권, 박지은, 정준양, 홍찬의, 김용태, 신현준, 류자미, Patnaik Hongray Howrelia, Bharat Bhusan Patnaik, 상민규, 신이현, 박홍석, 한연수, 이용석 .....	104
-------------	---	-----

## 【 식용곤충 】

<b>F-01</b>	추출박을 먹이원으로 급여한 갈색거저리 유충의 생육과 영양성분 비교 오상아, 구희연, 김선암, 이유범, 권혜영, 김지수, 주경천 .....	105
<b>F-02</b>	효소활성시험을 통한 갈색거저리의 장내 미생물 선발 김선암, 구희연, 이유범, 오상아, 김지수, 권혜영, 주경천 .....	106
<b>F-03</b>	인공 습식사료를 활용한 갈색거저리 사육 기술 최적화 연구 조준호, 장호암, 이용석, 한연수, 조용훈 .....	107
<b>F-04</b>	갈색거저리 마이크로바이옴 분석을 통한 농가별 박테리아 탐색 조준호, 장호암, 이용석, 한연수, 조용훈 .....	108

## 【 기 타 】

<b>G-01</b>	정서곤충을 활용한 학습·애완용 사육상자 개발 권혜영, 구희연, 김선암, 이유범, 오상아, 김지수, 주경천 .....	109
<b>G-02</b>	Imaging-based honeybee traffic measurement system and its application to strawberry pollination Kyeong Yong Lee, Kathannan Sankar, and Young Bo Lee .....	110
<b>G-03</b>	Pollination effect and activity of solitary bee, <i>Osmia cornifrons</i> on the middle-season and late-season cultivar Kyeong Yong Lee, Kathannan Sankar, and Young Bo Lee .....	111
<b>G-04</b>	전남지역 품종별 뽕잎의 계절적·위치별 영양성분 분석 이유범, 구희연, 김선암, 오상아, 권혜영, 김지수, 주경천 .....	112
<b>G-05</b>	경남 창원지역에서 사체곤충의 천이 경향 분석 김나연, 백인성, 오현석, 정재봉, 박상현 .....	113
<b>G-06</b>	사체 무게가 부패율과 곤충상에 미치는 영향 오현석, 백인성, 김나연, 정재봉, 박상현 .....	114





## 특별강연

사단법인 한국곤충학회 THE ENTOMOLOGICAL SOCIETY OF KOREA

11월 24일(목) 13:30 ~ 15:20


순천향대학교 유니토피아관 3D 극장















〈특별강연 1〉

 **GFID** | 방역연계 범부처 감염병 연구개발 사업단

## 신종/재출현 감염병 대응을 위한 범부처 방역연계감염병연구개발

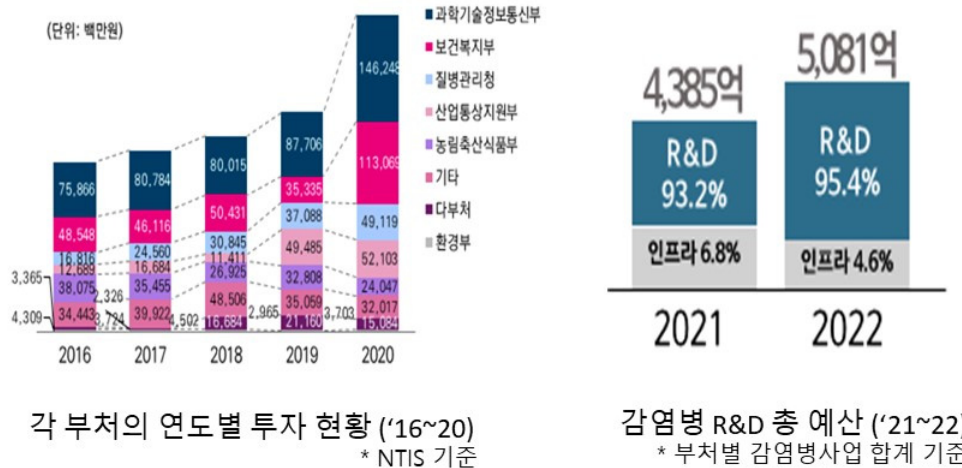
2022. 11. 24

**(재) 방역연계범부처감염병연구개발사업단  
이주실**

 보건복지부
  질병관리청
  과학기술정보통신부
  농림축산식품부
  산업통상자원부
  행정안전부
  식품의약품안전처
  환경부

<h1 style="margin: 0;">CONTENTS</h1>	<ol style="list-style-type: none"> <li>1. COVID-19 발생 전후의 정부의 감염병연구개발계획                     <ul style="list-style-type: none"> <li>• 국가감염병위기대응기술개발추진전략 비교</li> </ul> </li> <li>2. (재) 방역연계범부처 감염병연구개발사업단의 연구개발                     <ul style="list-style-type: none"> <li>• ‘방역연계범부처감염병연구개발사업단’ 개요 및 연구성과 활용</li> <li>• 2022년 신규 사업 및 후속사업</li> </ul> </li> </ol>
--------------------------------------	---

## COVID 19 발생 전 후 국가 감염병 연구개발 투자 변화



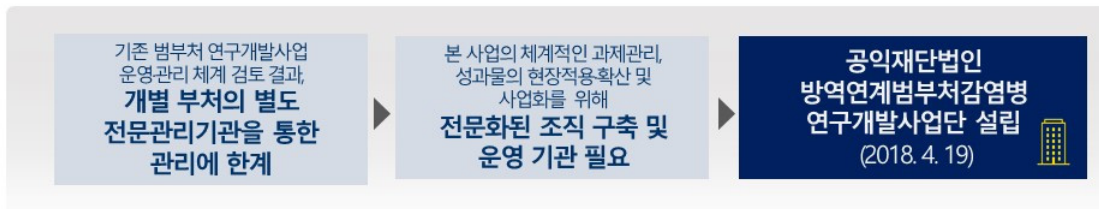
출처 : 제3차 감염병위기대응기술개발추진전략 2022년도 시행계획(안)

## 국가감염병위기대응기술개발추진전략 2차 (2017~2021) vs 3차 (2022~2026)



## (재) 방역연계 범부처감염병연구개발사업단 개요

**설립배경** 국가방역체계 강화를 위해 「제2차 국가감염병 위기대응기술개발 추진전략(17~21)」을 수립하고, '방역연계 범부처 감염병 공동기획사업' 추진(17.4, 다부처특위)



### 사업단 현황

기관명	(재단법인) 방역연계범부처감염병연구개발사업단					
예산(억원)	2018	2019	2020	2021	2022	총 예산
	83	84.83	92	76	233.9	569.73
추진사업	3개 사업 (범부처협력R&D사업 1개, 부처협력R&D사업 2개)					
인력	총 17명 (단장(1인), 본부장(1인), 사무국장(1인), 팀장(4인), 선임연구원(2인), 연구원(7인))					

## 사업단 추진방향

**추진사업** 총 3개 국가연구개발사업 추진

방역연계범부처감염병 R&D사업	'18~'22	총 400억 원 (당해년도 59억 원)	33개 연구과제	(주관) 복지부 (참여) 과기정통부, 농식품부, 산업부, 식약처, 환경부, 행안부
감염병의료안전강화 기술개발사업(R&D)	'22~'24	총 400억 원 (당해년도 108억 원)	17개 연구과제	(주관) 복지부
신종감염병대응체계고도화 기술개발사업	'21~'24	총 185억 원 (당해년도 62억 원)	4개 연구과제	(주관) 행안부

**사업추진 전략** 방역현장 수요를 반영한 **기술개발 성과물의 현장연계와 활용 지원을 기본 방향**으로 설정

- 1 정부정책과 부합되며 감염병 대응을 위한 방역활동의 **보완, 실행차원의 기술개발사업**
- 2 방역체계상의 감시, 예측·차단, 대응, 복구 등 **방역활동 전 주기 과정과 연계된** 기술개발사업
- 3 방역현장의 애로사항, 기술개발 수요를 반영한 **현장문제 해결형 사업**
- 4 단기간 내 성과창출을 위한 **실용·실증화 중심**의 사업
- 5 개별 부처, 단일 기술개발에서 벗어나 **감염병 대응기술 고도화의 목적 달성을 위한 협력연구**

## 방역연계범부처감염병R&D사업

### 사업개요

감염병 걱정없는 건강하고 안전한 국가실현을비전으로, 감염병유입차단·현장대응·확산방지 기술 개발을 통해 **감염병 대응역량 강화 및 현장중심방역체계 구축**

- 사업유형 : 공공기술개발
- 사업기간 : 2018~2022(5년)
- 총 사업비 : 400억
- 지원형태 : 출연금
- 투자부처 : 7개부처(복지부(질병관리청), 과기정통부, 농식품부, 환경부, 행안부, 산업부, 식약처)
- 사업시행주체: (재)방역연계범부처감염병연구개발사업단

### 추진절차




#### 추진체계

신·변종 감염병 대비 대응을 위한 공동의 목표로 참여부처의 공동 예산 투자 및 부처간 역할에 따라 협업연구수행



## 방역연계범부처감염병R&D사업 ('2018~'2022)

### 추진 목표 및 중점기술분야

비전		국가방역체계 강화를 통한 감염병 걱정 없는 건강하고 안전한 국가실현	
추진 목표		목표1. (유입차단) 한국형 통합 감시 체계 구축 등으로 감염병 사전대비 고도화 연구 목표2. (현장대응) 현장대응 신속성 및 방역현장 업무 효율/안전성 강화 연구 목표3. (확산방지) 위기 소통체계의 신뢰성 향상 및 자기격리환자의 자동관리체계 구축 연구	
단계별 목표		1단계 (2018~2020) 감염병 대응 및 방역 분야 우수 연구성과 창출 및 방역체계 기반 기술 확보	2단계 (2021~2022) 감염병 대응 및 방역기술의 현장 적용 및 활용 확대
중점 기술 분야	[유입차단] 감염병 사전대비 고도화 연구	1. 한국형 Bio-surveillance 감시망 구축 2. 매개체 전파 감염병 감시예측 및 방제 연구 3. 백신 이상반응 연구	세계최고수준의 국가 감시시스템 구축 
	[현장대응] 감염병 현장대응 강화 연구	4. 다중 감염성 질환 스크리닝을 위한 멀티채널 진단키트 개발 5. 방역현장 활동강화를 위한 개인보호구 개발	감염병 신속진단 및 방역효율화 
	[확산방지] 감염병 소통체계 구축 연구	6. 감염병 전주기적 정보 환류 및 소통체계 고도화 연구 7. 감염병 자기격리자 최적 모니터링 시스템 개발	범부처 소통강화 및 대 국민 불안감 해소 



## 중점 분야별 수행과제

유인 차단	1. 한국형 Bio-surveillance 감시망 구축	<ul style="list-style-type: none"> <li>감염병 생물감시 마스터플랜 수립 및 한국 생물감시체계플랫폼(BP) 구축</li> <li>해외유입 고위험 감염병 임상 의사 감시 네트워크(KoED) 구축</li> <li>감염병 예측 정보 자동수집을 위한 웹크롤링 시스템 구축</li> </ul>	감염병 사전대비 고도화
	2. 매개체 전파 감염병 감시예측 및 방제연구	<ul style="list-style-type: none"> <li>SFTSV 유병률 조사 및 감염실태 파악</li> <li>SFTS 감수성 동물모델 개발 및 백신/치료물질 유효성 검증</li> <li>매개체 감염병 진단제 개발 및 감시체계 표준화</li> <li>살충제/방제제 개발 및 저항성 조사</li> <li>전국적인 실시간 매개체 발생밀도 예측모형 구축</li> </ul>	
	3. 백신 이상반응 연구	<ul style="list-style-type: none"> <li>백신 이상반응 통합신고 및 관리체계 구축</li> <li>능동적 이상반응 감시체계 구축</li> <li>이상반응 실마리정보 검색/인과성 평가 및 세부지침 개발</li> </ul>	
현장 대응	4. 다중 감염성질환 스크리닝을 위한 멀티채널 진단키트 개발	<ul style="list-style-type: none"> <li>감염병 현장에서 진단을 위한 다중 라만진단키트 및 광학리더 개발(4분류 질환 대상)</li> <li>감염병 발생 현장에서 2 시간 내에 스크리닝 할 수 있는 유전자 기반 신개념 분자진단 시스템 개발</li> <li>멀티채널 진단키트 개발 안전성, 유효성 평가기술 개발</li> </ul>	현장대응 신속성 및 업무효율/안전성 강화
	5. 방역현장 활동 강화를 위한 개인보호구개발	<ul style="list-style-type: none"> <li>글로벌 안전기준의 착용자 사용환경을 고려한 감염성 생물체 보호구 개발을 위한 가이드라인 개발</li> <li>국제기준 개인보호구 품질평가 기술 개발 및 시험 인프라 구축</li> <li>의료용/야외용 감염성 생물체 저항성 보호복 원단, 보호복 및 마스크 개발</li> </ul>	
확산 방지	6. 감염병 전주기적 정보 환류 및 소통 체계 고도화 연구	<ul style="list-style-type: none"> <li>감염병 감시자료 및 건강보험/심평원 자료 등을 활용하여 감염병 유행 시 조기경보시스템 개발</li> <li>감염병관련 GIS 정보분석을 위한 기본 데이터셋 구축</li> <li>인공지능 기반 신속경보시스템 개발</li> <li>첨단 딥러닝 기술을 활용한 해외 감염병의 국내유입 위험도 예측모델 구축</li> </ul>	위기 소통체계 신뢰성 향상
	7. 자가격리자 최적 모니터링 시스템 개발	<ul style="list-style-type: none"> <li>KT 기술 기반 자가격리자 및 접촉자 관리시스템의 평가방법 및 조기대응 모니터링 시스템 개발</li> <li>감염병 환자 접촉패턴에 따른 감염병 전파 확산모델 개발</li> <li>KT 기술 활용 자가격리자 및 접촉자 관리 시스템 시범사업 및 개선 연구</li> </ul>	

## 2. 매개체 전파 감염병 감시.예측 및 방제연구

- SFTSV 유병률 조사 및 감염실태 파악
- SFTS 감수성 동물모델 개발 및 백신/치료물질 유효성 검증
- 매개체 감염병 진단제 개발 및 감시체계 표준화
- 살충제/방제제 개발 및 저항성 조사
- 전국적인 실시간 매개체 발생밀도 예측모형 구축

포럼자료 및 성과 첨가

## 방역연계범부처감염병R&D사업 (18~22, 다부처)

### 2. 추진사업 소개

#### 주요 연구성과

##### 매개체 감염병 진단키트 국산화 및 성능개선

- 1) 플라비바이러스 진단키트
  - 국외제품(Qiagen) 대비 2배 저렴
  - 8중 동시진단/진단단계 단축(2단계→5단계)/민감도 100배 이상
- 2) SFTSV 진단키트
  - 변이 SFTSV 검출 가능/ 소요시간 단축(2시간 이내)/가격 저렴(약 50%), 민감도 16배 증가

질병관리청 및 기후변화매개체감시거점센터 16개소 활용 중

##### 코로나19 진단키트(3건) 및 검체수송배지 산업화(국산화 성공)



##### 기능 고도화된 보호복 원단 개발 및 산업화(수출 성공)

글로벌 안전기준 부합 바이러스 차단성 및 통기성을 보유한 보호복 원단/제품 개발 및 판매(수출)

(국내) 국내조달물량용으로 원단 판매 중 보호복 완제품 국내조달물량으로 등록 완료  
(일본) 정부입찰용, 협력업체를 통해 원단 수출  
(미국) 개발원단을 활용한 보호복 주문 제작 및 월20만벌 납품 예정



##### 국내 감염저항성 보호구 성능평가 인프라 구축 성공

감염성 생물체 저항성 개인 보호구  
국내 평가 인프라 구축  
(“감염성생물체 저항성 보호구 시험실(Clean room) 서비스 실시”(20.8월))



##### “국내 N95마스크” 제품 인증허가를 위한 식약처 품목신설 지원

식품의약품안전처 ‘의료용 호흡기 보호구’ 품목 신설 지원(‘20.12월)  
(“의료용 호흡기 보호구 허가심사 가이드라인”)

한국형 의료용 호흡기 보호구 개발 및  
국내 1호  
허가 획득(‘20.12월)

[도우3D 써지컬 N95마스크]



##### 코로나19 대응을 위한 정책결정 지원

코로나19 유행확산 예측 연구를 통한 과학적 근거 제공  
질병관리청 및 복지부 정책결정을 위해 매주 제공(20년~현재)



코로나19 초기대응 시 전문가 집단 토의를 통한 감시 및 대응체계 구축  
임상 의사 감시네트워크(KoEID) 구축·운영  
(감염내과 등 8개 진료과 342명, 39개 병원 참여)

## (후속사업) 범부처감염병방역체계고도화R&D사업 (23~27, 다부처)



## 감염병의료안전강화기술개발사업 (‘22~’24, 보건복지부)

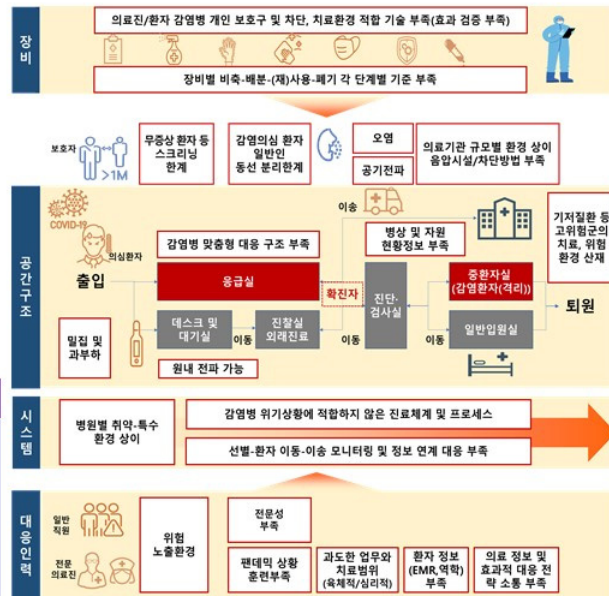
### 2. 추진사업 소개

#### 추진배경

- 코로나19 팬데믹 장기화에 따라 최전선에 있는 의료현장은 이전에 경험하지 못한 혼란에 희생적인 노력으로 대응하고 있으나,
- 병원 이용 안전성, 의료진 대응 효율성, 인체환경 위해성 등 감염병 위험에 대비한 의료현장의 방역 공백, 한계 개선 및 보완 시급

#### 의료현장의 수요 발굴

- ※ 코로나19 대응 시 발생하는 의료현장 문제점, 해결방안 관련 전문가 의견수렴(‘20.11월~’21.3월)
- ※ 대한중환자의학회, 대한병원협회 등 의료현장 의견수렴 (‘21.4.2, 4.6)
- ※ 의료현장의 의료진 관점의 의료안전 해결방안 모색을 위한 전문가 교류회 개최(‘21.4.27)



## 감염병의료안전강화기술개발사업 (‘22~’24, 보건복지부) 포스트 코로나 대비 의료안전 고도화를 통한 국민의 건강-삶 보호

### 목표

“감염병 재난 대비 의료환경 체질개선 및 역량 고도화”  
감염병 대응에 최적화된 구조, 시스템, 장비, 인력 ▶ 지속가능한 K-의료

#### 전략분야및중점기술분야

<b>전략1. S<sub>structure</sub></b> 의료현장 공간 구조의 감염 제어, 치료기반 강화 (4개과제, 총 34억원)	1-1 다중수단감염제거기술에기반한감염재난대응응급의료시설개발 1-2 의료현장안전성강화를위한지능형실내환경측정및관계기술개발 1-3 긴급병상확충을위한조립식병실시스템구축 1-4 감염병 격리치료시설확충을위한기초의료시설간접전환기술개발	원내공기 전파/환자접촉 환자수용성및치료 적시성확보
<b>전략2. S<sub>ystem</sub></b> 감염 환자 대응 시스템 최적화 기술개발 (4개과제, 총 26억원)	2-1 확진자 및환자의이동, 환자특성등 데이터기반의사결정지원시스템 2-2 의료체계안전성을위한신종감염병유행단계별사회적거리두기의사결정지원시스템개발 2-3 OMOP/CDM 기반의감염병환자정보관리통합시스템구축 2-4 감염자 중증도분류정보및의료기관가용병상정보 실시간공유시스템개발	병원간환자/ 자원/병상(이송) 정보체인화
<b>전략3. S<sub>uff</sub></b> 감염병 대응 및 보호 장비 고도화 (4개과제, 총 25억원)	3-1 의료환경의오염제거를위한자동화기술과장비개발및평가 3-2 가변형호흡기차단형 음압기기개발및효과입증	의료종사자안전및 치료환경 고도화
<b>전략4. S<sub>aff</sub></b> 의료 종사자 대응력 확보 (2개과제, 총 15억원)	4-1 시나리오기반의역할분담/연속성체계개발 4-2 감염병 위기상황대비가상시물리이전모델및교육프로그램개발	의료진 회복및활력 (지속성)확보



## 신종감염병대응체계고도화기술개발사업 (21~24, 행정안전부)

2 추진사업 소개

신종 감염병 유행에 체계적인 대응방안을 수립하기 위하여 해외 유입에서부터 국내의 자가격리자 및 격리치료시설 다중이용시설 관리 등 다양한 방역현장에서 감염병 대응체계 고도화·효율화를 위한 기술 개발지원

세부사업	재난안전 부처협력 기술개발사업(R&D)		
내역사업	신종감염병대응체계고도화기술개발사업		
목적	신종 감염병 유행에 체계적인 대응을 위하여 해외 유입에서부터 자가격리자 관리, 격리치료시설 효율적 운영 및 다중이용시설 역학조사 지원 등 기술개발 지원		
주관부처	행정안전부	총괄기관	(재)방역연계범부처감염병연구개발사업단
총예산	185억원(당해년도 62억원)	사업규모	총 4개 과제
중점 기술 분야	신종 감염병 해외유입 예측 및 지능적 차단 기술개발	국내의 신종 감염병의 감염 특성의 추세와 국내 유입 가능성을 예측하는 감염병 발병 감시모델 및 모니터링 시스템 개발	21~23 총 4,200백만원
	격리치료시설 설치 및 운영 첨단화/효율화 기술개발	감염전파 최소화, 의료진 업무 효율화, 신속한 감염병 대처, 편안한 격리치료 시설 등 제공하기 위해 격리치료시설 관리통합 시스템 및 매뉴얼 개발	21~24 총 4,800백만원
	안전역이 좁은 격리자의 모니터링을 위한 AIOT(AI+IOT) 기반 스마트 비대면 통합 관리시스템 고도화 기술개발	자가 격리용 감염성 질환 대응 모니터링 및 대상자 관리 SW 실증	21~23 총 5,100백만원
	감염병 대응 다중이용시설 지능형 관리 기술개발	다중이용시설 환경에서의 확진자 관리를 위한 AI 기반에 비접촉 체온측정/사람 속성 분석/시설 간 동일 인물 분석/ 마스크 착용 분석 및 역학조사 시스템 연계 기술개발	21~23 총 4,400백만원

## 신종감염병대응체계고도화기술개발사업 (21~24, 행정안전부)

발생감시/차단	확산방지/시설감시	감염자 관리 및 지원
<p>신종 감염병 해외유입 예측 및 지능적 차단 기술개발 (한국과학기술원 / 총예산 42억원)</p>  <p><b>발생감시</b></p> <p>① 국외 신종감염병 발생정보 자동 수집·모니터링 시스템</p> <p>② 항공/항만 기반 국내유입 가능성 예측 및 자동알림 시스템</p>  <p><b>신종감염병 예측 및 조기 차단을 통한 감염병 확산 방지 등 선제적 대응 체계 구축</b></p>	<p>감염병 대응 다중이용시설 지능형 관리 기술개발 (한국과학기술연구원/ 총예산 48억원)</p>  <p><b>수하물 자동 소독 장치</b></p> <p>① 기존 수화물 컨베이어 벨트에 적용가능한 자동 소독 장치 (UV 살균식/소독수 분사식)</p> <p>② 시설물 적재 공간의 살균을 위한 항균 조영 등 무인 방역장치</p> <p><b>다중이용시설 출입관리</b></p> <p>① 다중이용시설 출입관리를 위한 다양한 형태의 카메라 (카메라+AI/CCTV+에이티형/로봇형)</p> <p>② 다중촬영검출 기능을 이용한 확진자/입국자 동선분석 시스템 * 개인정보 비식별화(사생활유지) 가능 * 시설간 동일인물 분석 가능</p> <p><b>확산방지/시설감시</b></p> <p><b>다중이용시설 무인 방역 시스템을 통한 신종감염병 확산 예방</b></p>	<p>안전역이 좁은 격리자의 모니터링을 위한 AIOT(AI+IOT) 기반 스마트 비대면 통합 관리시스템 고도화 기술개발 (위소프트넷/총예산 51억원)</p>  <p><b>자가격리자 관리 시스템</b></p> <p>① 감염성 질환 자가격리자 상태정보 수집을 위한 웨어러블 디바이스(스마트밴드형/가슴착용형) 및 격리시나리오/가이드 설계</p> <p>② 자가격리자 관리를 위한 격리자/관리자용 APP 및 통합관리시스템(대시보드)</p> <p><b>격리치료시설 설치 및 운영 첨단화/효율화 기술개발</b> (한국전자기술연구원/총예산 44억원)</p>  <p><b>격리치료시설용 병실 보조로봇</b></p> <p>다양한 격리시설 형태에서 활용가능한 환자 원격 모니터링 병실 보조로봇 (동작 및 위치 인식/생체정보 획득 등 환자 모니터링과 기록저장 가능)</p> <p><b>자가격리자 실시간 모니터링을 통한 효율적인 자가격리자 관리체계 확보</b></p> <p><b>격리치료시설 첨단화로 국민들에게 향상된 의료서비스 제공</b></p>
<p><b>바이러 차단 방역터널</b></p> <p>출입(출입)기 살균 및 내부공기 소독기능을 가진 이동설치/확장가능 바이러 차단 방역터널</p> <p><b>비대면 대인 안내 AI로봇</b></p> <p>공항, 항만에서 무인 방역/방제 서비스 제공하는 이동식 대인 안내 AI로봇</p>	<p><b>자가격리자 관리 시스템</b></p> <p>① 감염성 질환 자가격리자 상태정보 수집을 위한 웨어러블 디바이스(스마트밴드형/가슴착용형) 및 격리시나리오/가이드 설계</p> <p>② 자가격리자 관리를 위한 격리자/관리자용 APP 및 통합관리시스템(대시보드)</p> <p><b>AI로봇센터</b></p> <p>자가격리자 모니터링 기반 격리자 케어 및 이상징후/위급상황 예측 가능 AI로봇센터</p>	<p><b>물류로봇</b></p> <p>음식/약/물품 등 비대면 물류배송 및 폐기물 운반 등을 위한 물류로봇</p>

## R&D 성과 창출·확산

### 3. 사업단 주요활동

#### 1 One Body : 범부처의 통합된 목표

- 보건복지부를 중심으로 범부처의 감염병 유입차단, 현장대응, 소통체계 구축의 연계와 역할분담을 통한 연구생산성 향상

#### 2 One Team : 참여과제간 상호 협력 및 학계지원 유도

- 상위 목표 달성을 위한 과제간 협력 및 학계의 자원 활용 유도

#### 3 Open Innovation : 연구자와 방역수요부서 간의 협력 강화

- 최종성과물의 질적 우수성과 현장 활용도를 높이기 위한 협력과 평가



감사합니다.

〈특별강연 2〉

## Phylogenetic and genomic analysis of *Coxiella burnetii* isolates collected from the patients with Q fever in Korea

Shinhyun Park<sup>1</sup>, Euihyun Bhae<sup>2</sup>, Eun-Chae Choi<sup>4</sup>, Minjoo Kwon<sup>4</sup>, Jinsung Seo<sup>4</sup>, Kwang-Jun Lee<sup>4</sup>, Du-Gyeong Han<sup>5</sup>, Se-Mi Jeon<sup>5</sup>, Mina Rho<sup>1,2,3</sup>, and Hyuk Chu<sup>4</sup>

<sup>1</sup>Department of Biomedical Informatics, Hanyang University, Seoul, Korea;

<sup>2</sup>Department of Artificial Intelligence, Hanyang University, Seoul, Korea;

<sup>3</sup>Department of Computer Science, Hanyang University, Seoul, Korea;

<sup>4</sup>Division of Zoonotic and Vector Borne Disease Research, KNIH, Chungcheongbuk-do, Korea;

<sup>5</sup>Division of Bacterial Disease Research, KNIH, Chungcheongbuk-do, Korea

**Background:** *Coxiella burnetii* is a pathogen that causes a infectious disease in humans. Domesticated livestock such as sheep, goats, and cattle has been implicated as the source of human infection. Since the first Q fever was reported in 1935, biochemical markers and genomic contents have been studied to characterize the virulence of *C. burnetii* and its clinical relevance of Q fever.

**Materials/Methods:** *C. burnetii* isolates were collected from two patients with Q fever in South Korea. Their whole genomes and transcriptomes that were sequenced using the MiSeq sequencing platform were analyzed. We constructed a phylogenetic tree with multispacer sequence typing (MST) loci to reveal MST types. In addition, we performed a comparative analysis using the core genes shared by 30 *C. burnetii* isolates sequenced in the previous studies.

**Results:** Using 1,070 core genes of *C. burnetii*, a phylogenetic tree was constructed, revealing distinct phylogenetic clades. The VR615 were assigned to GG I with RSA493, a representative of *C. burnetii*. Our isolates, KZQ2 and KZQ3, were assigned to GG IV. Core complex of the T4BSS, DotC, DotD, DotF/IcmG, DotG/IcmE, and DotH/IcmK was detected in KZQ2 and KZQ3. A difference was not detected in the expression of Dot/Icm T4SS genes but was detected in that of T4SS effector genes. T4SS effectors such as CBUD\_2154, CetCb3, CoxCC15, and CBUD\_1734 were more expressed in two KZQ isolates than VR615 (fold change > 2).

**Conclusions:** In this study, our phylogenetic analysis of *C. burnetii* core genes showed the same classification pattern as traditional MST analysis, where *C. burnetii* KZQ2 and KZQ3 were in the same group as those from livestock. The expression of T4SS effector genes showed a different pattern from the ones in *C. burnetii* VR615.

\* This work was supported by intramural grants from the Korea Institute of Health (2019-NI-076-00, 2022-NI-033-00).

## 〈특별강연 3〉

## 분자생물학 방법을 이용한 질병매개체에서 살충제 저항성 돌연변이의 정량적 진단

김영호<sup>1</sup>, 이시혁<sup>2</sup>, 최광식<sup>3</sup>

<sup>1</sup>경북대학교 생태환경대학 곤충생명과학과, 상주 37224;

<sup>2</sup>서울대학교 농업생명과학대학 농생명공학부, 서울 08826;

<sup>3</sup>경북대학교 자연과학대학 생물학전공, 대구 415669

최근 국가 간 교류 및 교역의 증가로 인한 국내 발생 이력이 없던 해외 해충의 국내 유입 가능성이 높고, 지구 온난화로 인한 이들 해충 및 국내 자생 해충의 연중 발생 가능 기간이 증가되고 있다. 특히 일본뇌염과 말라리아 등 모기 매개 질병의 발생이 지속적으로 보고되고 있고, 최근에는 작은소피참진드기(*Haemaphysalis longicornis*)가 매개하는 중증열성혈소판감소 증후군(Severe Fever with Thrombocytopenia Syndrome, SFTS)의 피해가 심화되고 있는 등, 어느 때보다도 질병매개 절지동물에 대한 발생 감시와 더불어 이들의 효과적인 방제 전략이 요구되고 있다. 이에 질병관리청에서는 전국 16개 기후변화매개체감시센터 운영을 통해 매개체의 환경별, 지역별 발생을 연중 모니터링하고 있으며, 이들 매개체 발생 정보는 방제 전략을 구축하는 데 중요한 생태학적 정보를 제공하고 있다. 매개체의 효과적인 방제를 위해서는 이들의 생태학적 정보와 더불어 개체군내 살충제 저항성 발달에 대한 정보가 필수적이나 아직 전국적인 조사가 부재한 상황이다. 이에 본 연구에서는 분자생물학적 기법을 적용하여 모기 4개 종과 진드기 1개 종에 대한 살충제 저항성의 정량적 진단 방법을 구축하였다. 본 연구에서는 유기인계 살충제의 표적 분자인 acetylcholinesterase (AChE)와 pyrethroid계 살충제의 표적 분자인 voltage-sensitive sodium channel (VSSC)에서 보고된 살충제 저항성 돌연변이에 대한 개체군내 정량적 분석이 가능한 quantitative sequencing (QS) 진단법을 개발하였고, 모기와 진드기 개체군내 살충제 저항성 발달 비율을 전국적으로 조사하였다. 그 결과, *Aedes albopictus*, *Aedes vexans*와 *H. longicornis*에서는 AChE와 VSSC에서 살충제 저항성 돌연변이가 진단되지 않았으나, *Anopheles sinensis*와 *Culex pipiens*에서는 지역별로 상이한 수준의 돌연변이가 관찰되었다. 또한 QS의 진단 한계인 개체군내 10% 미만의 돌연변이 발생을 진단하기 위해서 본 연구에서는 droplet digital PCR을 이용한 저밀도 돌연변이 개체군 진단법을 개발하여 연구 중이다. 본 연구에서 개발한 진단법은 대량의 개체군내 살충제 저항성 돌연변이 발생을 효과적으로 진단하고, 이를 바탕으로 높은 방제 효과를 기대할 수 있는 살충제를 선정하기 위한 근거자료를 제공할 수 있을 것으로 기대된다.

〈특별강연 4〉

## The importance of vector-borne disease detection in 'One Health'

Yeon Soo Han

*Chonnam National University-Gwangju*

Vector-borne and zoonotic infectious diseases are serious public health concerns that affect approximately half of the world's population. In particular, arthropod-borne viruses (arboviruses) have contributed to more mortality and morbidity worldwide with the emergence of dengue, chikungunya, yellow fever, and Zika virus diseases. Traditionally, the spread of mosquito-borne viral diseases to humans was considered a low health priority concern. However, their categorization as emerging infectious diseases and public health emergencies of international concern has heightened the attention given by the government, academia, research, and industry for the development of timely, cost-efficient, and sustainable solutions. In addition, the global rise in tick-borne virus diseases has been linked to climate change which has reduced tick mortality in the winter and extended their active period. The spread of tick-borne viral diseases to humans has received significant interest due to the increased threat to human life; epidemiological monitoring of tick-borne viruses using molecular, immunological, and environmental methods is now a priority. Nevertheless, many tick-borne diseases remain undiagnosed, which poses a challenge to public administration and health care officials. The importance of **vector-borne disease detection in conjunction with One Health will be discussed.**



## 일반구두발표

사단법인 한국곤충학회 THE ENTOMOLOGICAL SOCIETY OF KOREA

11월 24일(목) 15:40 ~ 16:55

순천향대학교 유니토피아관 3D 극장





## 〈구두발표 1〉

Monitoring the diel activity pattern of *Haemaphysalis longicornis*

Byung-Eon Noh<sup>p</sup>, Gi-hun Kim, Chang-Won Jang, Tae-Kyu Kim,  
Wook-Gyo Lee, and Hee Il Lee<sup>c</sup>

*Division of Vectors and Parasitic Diseases, Korea Disease Control and Prevention Agency (KDCA)*

*Haemaphysalis longicornis* is one of the most medically important carriers for the transmission of a variety of pathogens. Although *H. longicornis* is important as an infectious disease vector, only basic ecological and biological information has been investigated, mainly focused on their abundance and distribution. The purpose of this study was to determine the most active time and meteorological conditions of *H. longicornis* during the day. This study was conducted a total of 5 times from April to September for 24 hours at an interval of 2 hours each time (4 hours combined for statistical analysis). Diel activity pattern of *H. longicornis* was significantly ( $P < 0.05$ ) most active between 10:00 and 14:00 hours. As a result of the correlation analysis between diel activity and climate factors, temperature showed the highest correlation ( $R = 0.679$ ). Results can offer as baseline information for the development of tick-borne disease vector control programs.



〈구두발표 2〉

## Molecular analysis of tick-borne bacterial pathogens from ticks infesting livestock in Kyrgyzstan, 2021

Yu-Jung Kim<sup>p1</sup>, Jin Seo Park<sup>1</sup>, Ji Ye Seo<sup>1</sup>, Bekbolsun Aknazarov<sup>2</sup>,  
Hee Il Lee<sup>1</sup>, and Seong Yoon Kim<sup>c1</sup>

<sup>1</sup>*Division of Vectors and Parasitic Diseases, Korea Disease Control and Prevention Agency (KDCA);*

<sup>2</sup>*Faculty of Veterinary Medicine and Biotechnology, Kyrgyz National Agrarian University (KNAU)*

Kyrgyzstan is a traditional nomadic country located in the Central Asia, and known for various human and material exchanges with neighboring Kazakhstan, Tajikistan, and China. Recently, *Anaplasma*, *Babesia*, and *Theileria*, which are tick-borne zoonotic pathogens, were first reported in cattle blood. However, there is no information on vectors and its occurrence of tick-borne pathogen. This study was conducted to investigate the prevalence of *Anaplasma* and *Ehrlichia* on 358 engorged ticks collected from cattle, horse, sheep, and chicken in 6 regions of northern Kyrgyzstan. A total of 9 tick species consist of 2 families and 4 genera were confirmed based on CO1 and 16S rRNA genes. Overall infection rate of *Anaplasma* was 15.6% (56/358) including *A. bovis* (62.5%), *Anaplasma* spp. (28.6%), *A. ovis* (5.4%), and *A. capra* (3.6%). To our knowledge, this is the first investigation of tick-borne bacterial pathogens in ticks collected from Kyrgyzstan. The current work will contribute to the understanding of tick-borne infections in Kyrgyzstan.

## 〈구두발표 3〉

## Monitoring of Japanese encephalitis vector mosquitoes (*Culex tritaeniorhynchus*) in Korea, 2021

SoEun Shin<sup>P</sup>, Haneul Jung, Wook-Gyo Lee, Hee Il Lee<sup>C</sup>

*Division of Vectors and Parasitic Diseases, Korea Disease Control and Prevention Agency (KDCA),  
Osong 28159*

In order to monitoring of Japanese encephalitis (JE) vector, mosquitoes was collected by black light trap in twice a week at nine locations across the whole country from April to October 2021. Weekly mosquito monitoring information was converted into an average daily number of individuals collected per trap (trap index; number of mosquitoes/trap/day) to compare and analyze weekly mosquito monitoring information. Based upon the surveillance data, *Cx. tritaeniorhynchus* was first collected in Jeju and Busan area on March 22th and issued warning. On August 5th, Japanese encephalitis alarm was issued nationwide as more than 50% of *Cx. tritaeniorhynchus* was confirmed among total mosquitoes. In 2021, total 291,405 mosquitoes were collected, which increased by 53.5% compared to 189,898 in 2020. Among the total mosquitoes density, the occurrence rate of *Cx. tritaeniorhynchus* was 6.1% (17,528) in 2021, decrease of 44.2% compared to 2020. *Cx. tritaeniorhynchus* was popular in the southern areas, but the number of Japanese encephalitis patients was high in Gyeonggi region. This kind of discrepancy could be suspect another mosquitoes vector such as *Cx. pipiens* and *Cx. orientalis* have a role to transmit Japanese encephalitis virus in our country. Thus, It is necessary to continuous monitoring and data analysis of vector prevalence, detailed epidemiological survey of JE patients, and find out the novel JE vector for genotype 5.

〈구두발표 4〉

## Status of malaria vector mosquitoes monitoring and vivax malaria infection in malaria risk areas in the Republic of Korea, 2021

Bo Gyeong Han<sup>p</sup>, Hyun Jung Kim, Ester Park, Hee Il Lee, and Hyun-Il Shin<sup>c</sup>

*Division of Vectors and Parasitic Diseases, Korea Disease Control and Prevention Agency (KDCA),  
Osong 28159*

Since 2009, Korea Disease control and Prevention Agency (KDCA) has monitored the distribution of malaria mosquitoes and the rate of infection *Plasmodium vivax* in high-risk areas (Incheon, northern Gyeonggi-do, and Gangwon-do). Mosquito collection sites are 50 locations, 36 in civilian areas and 14 in military areas. The surveillance period was for a week from April to October in the civilian area and for two days a week from May to September in the military area. As a result of the collection in 2021, the proportion of vector mosquitoes among the collected total mosquitoes was 35.6% (26,092/73,335 mosquitoes), and the number of mosquitoes increased by 51.6% (8,878 mosquitoes) compared to 2020 (17,214 mosquitoes). The increase in vector mosquito population is presumed to be due to the absence of continuous precipitation and typhoon effects. In the collected vector mosquitoes, 1 pool of parasitic malaria parasite was detected. The minimum infection rate (MIR) of *P. vivax* is 0.1, which was significantly reduced from 4.3(63 pools) in the previous year. This is presumably due to the reduction of chance to blood feeding from patient because of decreased malaria patients. In order to eradicate malaria, it is necessary to continuously monitor the density of vector mosquitoes and survey the possession of protozoa in the risk area. And then it is necessary to link these monitoring results to control.

## 〈구두발표 5〉

## Exploring the efficiency of termite food transportation in a sinusoidal-shaped tunnel

Sang-Hee Lee<sup>pc1</sup>, Cheol-Min Park<sup>1</sup>, and Sang-Bin Lee<sup>2</sup>*<sup>1</sup>Division of Industrial Mathematics, National Institute for Mathematical Sciences,  
Daejeon 34047, South Korea**<sup>2</sup>Ft. Lauderdale Research and Education Center, Department of Entomology and Nematology,  
University of Florida, Ft. Lauderdale, Florida 33314, USA*

From an evolutionary perspective, it is inferred that termites evolved to build tunneling patterns in a way that optimizes search and transport efficiency. So far, there have been many studies on search efficiency, but few studies on transport efficiency due to the difficulty of direct observation under the field condition. To overcome the difficulty, we developed an individual-based model to simulate the transport process. The model was characterized by four variables: (1) the frequency of food transfer ( $P_T$ ), (2) the loss of food during transfer ( $P_L$ ), (3) the effect of tunnel curvature ( $P_C$ ), and (4) the number of individuals participating in the transport ( $N_0$ ). We explored the effect of the variables on the efficiency of food transport ( $E$ ). When the distance between the food site and the nest was short, food transport with  $P_T=0$  was advantageous for high  $E$ , whereas for long and narrow tunnels with high traffic jam frequency, transport with  $P_T>0$  could be rather advantageous for the increase of  $E$ . Another finding was that  $P_T$  had the greatest effect on  $E$ , followed by  $P_L$ , and third on  $P_C$ .  $N_0$  had the least impact. In the discussion section, we discuss strategies that termites could take to optimize  $E$  with respect to the findings and presented ideas worth exploring experimentally. In addition, we briefly mentioned how the model could be improved to be more realistic.

\* This work was supported by National Institute for Mathematical Sciences.





## 이공대학생 구두발표

사단법인 한국곤충학회 THE ENTOMOLOGICAL SOCIETY OF KOREA

11월 24일(목) 16:55 ~ 17:40

순천향대학교 유니토피아관 3D 극장





## 〈이공대학생 구두발표 1〉

## 상용 복합사료를 활용한 갈색거저리 사육 기술 최적화 연구

조준호<sup>p1</sup>, 장호암<sup>2</sup>, 심재관<sup>1</sup>, 이용석<sup>2</sup>, 조용훈<sup>2</sup>, 한연수<sup>c1</sup><sup>1</sup> 전남대학교 농생명과학대학 응용생물학과, 광주광역시 61186;<sup>2</sup> 순천향대학교 자연과학대학 생명과학과, 아산시 31538

식용곤충 산업은 전 세계적 인구증가에 따른 대체 동물성 단백질 자원으로써 중요성이 부각되고 있으며, 갈색거저리(*Tenebrio molitor*)는 주요 곤충자원으로 잘 알려져 있다. 산업의 발전을 위하여 전 세계적으로 대량생산을 통한 단가경쟁에 뛰어들고 있지만, 현실적으로 사용 가능한 복합사료로써 먹이원은 전무한 실정이다. 본 연구에서는 밀기울(대조군), 산란계 사료, 육계 펠릿 사료 및 소사료를 36일간 섭식시킨 후 무작위로 50마리를 선택하여 성장률을 측정하였다. 갈색거저리의 체장 측정결과, 대조구 2.95 cm, 산란계 사료 2.88 cm, 펠릿 사료 2.92 cm, 소사료 2.95 cm의 체장을 보여주고 있어, 대조구인 밀기울과 유사한 성장을 보여주었다. 개체중량 측정 결과, 대조구 7.87 g, 산란계 사료 7.43 g, 펠릿 사료 7.60 g, 소사료 7.63 g으로 확인되었으며, 대조구와 유사한 중량증가 결과를 확인하였다. 가축사료 섭취량 및 배설량 분석결과, 섭취량은 대조구 290.4 g, 산란계 사료 137.7 g, 육계 사료 220.2 g, 소사료 230.3 g으로 나타났으며, 대조구인 밀기울 대비 가축사료가 높은 사료 전환율을 보여주고 있다. 배설량 분석 결과는 대조구 161.6 g, 산란계 사료 93.37 g, 펠릿 사료 93.4 g, 소사료 133.87 g로 나타났으며, 대조구인 밀기울에 비해 적은 배설량을 보여주고 있다. 처리구별 갈색거저리 9대 영양소 함량 분석결과, 대조구인 밀기울과 비교 시 큰 차이를 보이지 않아 영양학적 가치는 유사한 것으로 판단 되어진다. 이를 통하여 기존 상용 사료를 기반으로 갈색거저리 사육 시 갈색거저리 가격 경쟁력 향상 및 생산된 갈색거저리의 QC가 가능할 것으로 판단된다.



〈이공대학생 구두발표 2〉

## 무척추동물 NGS 데이터 분석을 위한 데이터베이스, PANM DB (Version V) 업데이트

정준양<sup>1,2</sup>, 박지은<sup>1,2</sup>, 송대권<sup>1,2</sup>, 홍찬의<sup>1,2</sup>, 김용태<sup>1,2</sup>, 신현준<sup>1,2</sup>, 류자미<sup>1</sup>, 상민규<sup>3</sup>,  
강세원<sup>4</sup>, 박소영<sup>5</sup>, 이준상<sup>2</sup>, 한연수<sup>6</sup>, 박홍석<sup>7</sup>, 이용석<sup>1,2,3</sup>

<sup>1</sup>순천향대학교 자연과학대학 생명과학과, 아산 31538;

<sup>2</sup>순천향대학교 한국자생동물자원활용 융복합연구소 아산, 31538;

<sup>3</sup>순천향대학교 생명자원 바이오빅데이터 분석 및 활용 연구지원센터, 아산 31538;

<sup>4</sup>한국생명공학연구원 생물자원센터, 정읍 56212; <sup>5</sup>국립낙동강생물자원관 동식물연구실, 상주 37242;

<sup>6</sup>전남대학교 식물생명공학부, 광주광역시 61186; <sup>7</sup>㈜지엔시바이오, 대전광역시 34069

본 연구실에서 구축된 PANM 데이터베이스(Protostome DB)는 무척추동물(Arthropoda, Nematoda, Mollusca)에 속하는 종들의 차세대 시퀀싱(Next-Generation Sequencing, NGS) 데이터의 효율적인 분석을 위해 2015년에 설립된 공공데이터베이스 플랫폼이다. PANM-DB는 NGS 데이터 annotation 결과의 정확도 향상과 분석에 소요되는 시간을 줄이기 위해 정기적으로 업데이트가 진행하고 있다. PANM DB 버전 5.0은 기존에 구축되어 있던 PANMDB version 4.0에 2021년 3월부터 2022년 9월까지 NCBI에 등록된 Arthropoda, Nematoda, Mollusca의 protein sequences를 추가하여 업데이트를 진행하였다. PANM DB 버전 5.0은 전체 NCBI-nr 데이터의 약 4% 정도 크기의 database로 Arthropoda, Nematoda, Mollusca에 속하는 종의 대규모 NGS 데이터에 대한 전체 annotation 시간을 단축시키는 반면 annotation 되는 결과는 NCBI-nr DB와 크게 다르지 않은 것을 확인하였다. PANM DB version 5.0은 <http://panm.sch.ac.kr/>에서 무료로 다운로드 가능하며 BLAST 분석 또한 가능하게 하여 관련 연구자들이 PANM DB를 활용할 수 있도록 하였다.

\* 본 연구는 교육부에서 지원하는 지역대학 우수과학자(한국연구재단 NRF-2017R1D1A3B03034971), 중점연구소(NRF-2021R1A6A1A03039503) 및 국가연구시설장비진흥센터(2022R1A6C101B794), 순천향대학교 학술연구비의 지원을 받아 수행하였습니다.

## 〈이공대학생 구두발표 3〉

## Lytic polysaccharide monooxygenase is required for chitinous cuticle turnover during insect molting

Myeongjin Kim<sup>p1</sup>, Seulgi Mun<sup>1</sup>, Mi Young Noh<sup>2</sup>, Karl J. Kramer<sup>3</sup>,  
Subbaratnam Muthukrishnan<sup>3</sup>, and Yasuyuki Arakane<sup>c1</sup>

<sup>1</sup>*Department of Applied Biology, Chonnam National University, Gwangju 61186;*

<sup>2</sup>*Department of Forestry, Chonnam National University, Gwangju 61186;*

<sup>3</sup>*Department of Biochemistry and Molecular Biophysics, Kansas State University, Kansas 66506*

Lytic polysaccharide monooxygenases (LPMOs) are able to cleave the glycosidic bond of crystalline polysaccharides such as chitin and cellulose in an oxidative manner. The wide distribution of LPMO-like proteins (LPMO15s) in various insect species suggests that these enzymes could be involved in chitin degradation in the cuticle, tracheae and peritrophic matrix during development. However, the physiological functions of insect LPMO15s are still undetermined. A phylogenetic analysis indicates that insect LPMO15s could be divided into at least four subgroups. In this study, we investigated the function of subgroup I LPMO15 (TcLPMO15-1) in the red flour beetle, *Tribolium castaneum*. RNAi for *TcLPMO15-1* resulted in lethal arrest of molting at all developmental stages. TEM analyses revealed failure of turnover of chitinous exoskeletal and tracheal cuticles. These results indicate that TcLPMO15-1 plays a role in cuticular chitin degradation, which is essential for completion of insect molting.





## 신진과학자 발표

사단법인 한국곤충학회 THE ENTOMOLOGICAL SOCIETY OF KOREA

11월 25일(금) 10:00 ~ 11:00

순천향대학교 유니토피아관 3D 극장





## 〈신진과학자 1〉

Predicting hosts through molecular analysis of  
ichneumonid gutsGyu Won Kang<sup>P</sup>*Insect Inquiry Education Institute, Daegu National University of Education,  
Daegu 42411, South Korea*

Family Ichneumonidae are the most diverse taxa within the order Hymenoptera, with about 25,000 cosmopolitan species. This group are also well-known as parasitoids of the larvae or pupae of other insects. This study analyzed whether the abdominal DNA of two ichneumonid wasps, *Pimpla disparis* and *Theronia atalantae gestator* (Hymenoptera: Ichneumonidae), known as parasitoids of *Ivela auripes* (Lepidoptera: Erebidae). This experiment was conducted on Ichneumonidae, which occurred in more than 1,400 individuals of *I. auripes*. In addition, sequence analysis showed that the mitochondrial COI gene of the host was amplified completely from the DNA extracted from the ichneumonid adults. Even after 96 h of adulthood, the host's DNA were amplified in many individuals. These results suggest a constructive first step for establishing of a host information bank for ichneumonids in the future.

\* This work was supported by the Basic Science Research Program through the National Research Foundation of Korea (NRF) funded by the Ministry of Education (2021R1A6A3A01086474).

〈신진과학자 2〉

## Illumina HiSeq 4000을 이용한 작은소피참진드기 (*Haemaphysalis longicornis*)의 transcriptome 분석

상민규<sup>p1</sup>, 박지은<sup>2,3</sup>, 송대권<sup>2,3</sup>, 정준양<sup>2,3</sup>, 홍찬의<sup>2,3</sup>, 김용태<sup>2,3</sup>, 신현준<sup>2,3</sup>, 류자미<sup>2</sup>,  
Patnaik Hongray Howrelia<sup>3</sup>, Bharat Bhusan Patnaik<sup>3</sup>, 신이현<sup>4</sup>, 조용훈<sup>2</sup>, 박홍석<sup>5</sup>,  
한연수<sup>6</sup>, 이용석<sup>c1,2,3</sup>

<sup>1</sup>순천향대학교 생명자원 바이오빅데이터 분석 및 활용 연구지원센터, 아산시 31538;

<sup>2</sup>순천향대학교 생물학과, 아산시 31538; <sup>3</sup>순천향대학교 한국자생동물자원활용 융복합연구소, 아산시 31538;

<sup>4</sup>한국방역협회 부설 기술연구소, 서울특별시 08501; <sup>5</sup>㈜지앤시바이오, 대전광역시 34069;

<sup>6</sup>전남대학교 식물생명공학부, 광주광역시 61186

참진드기는 흡혈을 통해 라임병, 중증열성혈소판감소증후군(Severe Fever with Thrombocytopenia Syndrome, SFTS), 진드기매개뇌염 등의 인수공통질환을 매개하는 매개체이다. 최근 전 세계적인 기후 변화로 인해 진드기의 겨울철 생존기간, 활동기간 및 범위가 증가되어 매개능력이 증가되고 있으며, 신종 매개질환이 지속적으로 발견되어 공중 보건에서 중요한 매개체로 알려져 있다. 국내에서는 참진드기의 분포, 매개 병원체에 대한 연구가 중점적으로 이루어지고 있어 유전자원이 매우 제한적이다. 이에 본 연구진은 작은소피참진드기 (*Haemaphysalis longicornis*)의 transcriptome 분석을 통해 발현유전체 정보를 확인하고자 하였다. 시퀀싱 결과 73,270,436개의 raw read를 얻었으며, Trinity, TransDecoder, TGICL 등의 프로그램을 이용하여 28,078개의 unigenes을 확보하였다. 확보한 unigenes을 공공데이터베이스 (PANM, UniGene, SwissProt, KOG database)를 이용하여 annotation을 하고, GO 분석을 통해 유전자의 기능을 분류하였으며, KEGG pathway, InterProScan, SSR 분석을 진행하였다. 또한 SFTS 데이터베이스를 구축하여 분석한 결과 SFTS 병원체로 예측되는 서열을 확인하였다. 본 연구를 통하여 국내에 서식하는 작은소피참진드기의 기본적인 발현유전체의 정보를 확보하였으며, 한국산 SFTS 병원체로 예측되는 서열을 확보하였다. 이러한 자료는 참진드기에 대한 백신 및 살비제 후보 물질 검색, 동결 내성 유전자 검색, 계통학적 및 유전적 특성 확인 등의 연구의 기초 자료로 활용될 수 있을 것으로 사료된다.

\* 이 연구는 교육부의 재원으로 중점연구소(NRF-2021R1A6A1A03039503) 및 국가연구시설장비진흥센터(2022R1A6C101B794), 순천향대학교 학술연구비의 지원을 받아 수행하였습니다.

## 〈신진과학자 3〉

## Current status of immune deficiency pathway in *Tenebrio molitor* innate immunity

Ho Am Jang<sup>p1</sup>, Maryam Ali Mohammadie Kojour<sup>p1</sup>, Bharat Bhusan Patnaik<sup>1</sup>,  
Yeon Soo Han<sup>2</sup>, and Yong Hun Jo<sup>c1</sup>

<sup>1</sup>Department of Biology, College of Natural Sciences, Soonchunhyang University,  
Asan City 31538, Korea;

<sup>2</sup>Department of Applied Biology, Institute of Environmentally-Friendly Agriculture (IEFA), College of  
Agriculture and Life Sciences, Chonnam National University, Gwangju 61186, Korea

Yellow mealworm (*Tenebrio molitor*) is a highly beneficial beetle that serves as an excellent source of edible protein as well as a practical study model. Therefore, studying its immune system is important. Like in other insects, the innate immune response effected through antimicrobial peptides production provides the most critical defense armory in *T. molitor*. Immune deficiency (Imd) signaling is one of the major pathways involved in the humoral innate immune response in this beetle. However, the nature of the molecules involved in the signaling cascade of the Imd pathway, from recognition to the production of final effectors, and their mechanism of action are yet to be elucidated in *T. molitor* model. In this review, we present a general overview of the current literature available on the Imd signaling pathway and its identified interaction partners in *T. molitor*.

**Keywords:** *Tenebrio molitor*, Imd pathway, innate immunity, antimicrobial peptides, cross-regulation







## 포스터 발표

사단법인 한국곤충학회 THE ENTOMOLOGICAL SOCIETY OF KOREA

11월 24일(목) 15:20 ~ 15:40 / 11월 25일(금) 09:00 ~ 11:00

순천향대학교 유니토피아관 3D 극장(로비)





## 【분류】

A-01

## A new species of subfamily Acaenitinae

Gyu Won Kang<sup>a1</sup> and Jin Kyung Choi<sup>a2</sup><sup>1</sup>*Insect Inquiry Education Institute, Daegu National University of Education, Daegu 42411;*<sup>2</sup>*Department of Science Education, Daegu National University of Education, Daegu 42411*

The subfamily Acaenitinae are moderately sized group of the family Ichneumonidae, including 280 species in 28 genera worldwide. Among them 16 species have been recorded from South Korea. This group is known as koinobiont endoparasitoids of larvae and pupae of longhorn beetles (especially Cerambycidae). One of the small genus of Acaenitinae, *Asperpunctatus* Wang, comprises only two described species from Oriental region. This genus can be distinguished by follow: complete occipital carina, clypeus without subapical transverse carina, prepectal carina reaching the lower middle hollow of the hind margin of pronotum, apex of propodeum clearly projected backwards and with a strong and short longitudinal carina.

In this study, we report a new species of the genus *Asperpunctatus*. This genus also newly recorded from South Korea for the first time. Our new species easily distinguished from other two species with entirely yellow body color and clear face and ridge of propodeum. Photographs and diagnosis of new species are provided.

\* This work was supported by the Basic Science Research Program through the National Research Foundation of Korea (NRF) funded by the Ministry of Education (2021R1A6A3A01086474).

## Four species of the subfamilies Tryphoninae and Xoridinae (Hymenoptera: Ichneumonidae) new to South Korea

Jin-Kyung Choi

*Department of Science Education, Daegu National University of Education, Daegu 42411*

The family Ichneumonidae belongs to the order Hymenoptera, class Insecta, and includes over 60,000 species in 39 subfamilies. They occurs around the world and this family is parasitoids of immature holometabolous insects, Coleoptera, Lepidoptera, Diptera, Hymenoptera, Trichoptera ect.. Tryphoninae Shuckard, 1840 is a moderately medium-sized subfamily of Ichneumonidae, cosmopolitan subfamily more than 1,293 described species in 57 extant genera (Yu et al., 2016; Broad et al., 2018). Most species of Tryphoninae are known as a ectoparasitoid of Lepidoptera. The second subfamily Xoridinae Shuckard, 1840 is a small group, includes more than 225 valid species in 4 genera (Yu et al., 2016). Also, they are known as a ectoparasitoid wasps. Among them, we report two species of Tryphoninae and two species of Xoridinae from South Korea.

In this study, diagnoses and photographs of four newly recorded species, *Orthomiscus unicinctus* (Holmgren, 1857), *Thymaritis tener* (Gravenhorst, 1829), *Odontocolon rufum* (Uchida, 1928), and *Xorides iwatensis* (Uchida, 1928), from South Korea are provided.

\* This work was supported by the National Research Foundation of Korea (NRF) grant funded by the Korea government (MSIT) (NRF-2021R1F1A1052395).

## Korean stoneflies (Plecoptera) with five new species and three new Korean records

Jeong Mi Hwang<sup>p1</sup>, Ji Hyoun Kang<sup>1</sup>, David Murányi<sup>2</sup>, and Yeon Jae Bae<sup>c1,3</sup>

<sup>1</sup>Korean Entomological Institute, Korea University, Seoul 02841, Korea;  
msmay74@korea.ac.kr (J.M.H), yjbae@korea.ac.kr (Y.J.B)

<sup>2</sup>Department of Zoology, Eszterházy Károly Catholic University, Leányka u. 6, Eger H-3300, Hungary;  
d.muranyi@gmail.com

<sup>3</sup>Division of Environmental Science and Ecological Engineering, College of Life Sciences,  
Korea University, Seoul 02841, Korea

The stonefly diversity has been investigated more intensively from remote areas for last several decades and the recorded number is increasing with approximately 4,000 species in the world. In the Korean peninsula, a total of 96 species, 38 genera, and 11 families of Plecoptera were catalogued by Kim et al. (1998), Ham (2009), and Hwang and Murányi (2015, 2020) including the following three species recorded only from North Korea: *Pictetiella asiatica* Zwick & Levanidova, *Claassenia radiata* (Klapálek), and *Xanthoneuria unimaculata* (Zhiltzova). In this study, five new species are described from South Korea with additional three species new to the Korean peninsula: *Kogotus* n. sp., *Skwala* n. sp., *Pictetiella* n. sp., *Pomoleuctra* n. sp., *Xanthoneuria* n. sp., *Paracapnia khorensis* Zhiltzova, 1972, *Haploperla maritima* Zhiltzova & Levanidova, 1978, and *Alloperla tiunovae* Teslenko, 2009. Material and distributional data, descriptions for new species, and diagnoses for newly recorded species are provided.

**Keywords:** Plecoptera, stoneflies, new species, new Korean records, Korean peninsula

\* This work was supported by a grant from the National Institute of Biological Resources (NIBR), funded by the Ministry of Environment (MOE) of the Republic of Korea (NIBR 202203201).

## First record of *Lema (Lema) diversipes* Pic (Coleoptera: Chrysomelidae: Criocerinae) from Korea

Joong Youb Kim<sup>P1</sup>, Jinyoung Park<sup>2</sup>, and Jong Eun Lee<sup>c1,3</sup>

<sup>1</sup>Department of Biological Science, Andong National University, Andong 36729;

<sup>2</sup>Team of Protected Area Research, National Institute of Ecology, Seoecheon 33657;

<sup>3</sup>Environment Institute, Andong National University, Andong 36729

*Lema* Fabricius is the largest genus of the subfamily Criocerinae and is distributed worldwide (Monrós 1959, Schmitt 1988). In Korea, genus *Lema* is represented by 12 species: *Lema (Lema) concinnipennis*, *L. (L.) coreensis*, *L. (L.) cyanella*, *L. (L.) decempunctata*, *L. (L.) delicatula*, *L. (L.) dilecta*, *L. (L.) diversa*, *L. (L.) scutellaris*, *L. (Petauristes) adamsii*, *L. (P.) fortunei*, *L. (P.) honorata*. Most species of this genus are known as crop and medical plants pest.

*Lema (Lema) diversipes* Pic, are known to feeding on *Pueraria lobata*. Both early stage of larvae and adults are gregarious feeding habit living groups on leaves.

In the present study, *Lema (Lema) diversipes* Pic, is reported for the first time from Korea. A dorsal habitus image and illustration of the male genitalia are provided. A key to and checklist of Korean subgenus *Lema* species are also given.



## Three new record species of genus *Boletina* Staeger (Diptera: Mycetophilidae: Gnoristinae) from the Korean peninsula

Dongho Lee<sup>p</sup> and Yeon Jae Bae<sup>c</sup>

*Department of Environmental Science & Ecological Engineering, Korea University, Seoul, Korea*

The fungus gnat genus *Boletina* Staeger, 1840, is one of the largest genera in the family Mycetophilidae. The genus includes 167 species worldwide with 63 Palaearctic species but has not been recorded from the Korean peninsula. The genus can be characterized by the three long hairs on the laterotergite and wing veins such as C, R<sub>5</sub>, Sc, and Sc<sub>2</sub>. In this study, we report three new record species *Boletina nasuta* Haliday, 1839, *Boletina nitida* Grzegorzek, 1885 and *Boletina takagii* Sasakawa & Kimura, 1974 for the first time from Korea. Adult specimens were collected from a well-preserved forest nearby a water stream, using a Malaise trap. These species can be distinguished from other congeners by the characterized shape of gonocoxites, gonostylus, and the number of cerci spin. Illustrations and photographs of adult male diagnostic characters are provided.

\* This work was supported by a grant from the National Institute of Biological Resources (NIBR), funded by the Ministry of Environment (MOE) of the Republic of Korea (NIBR202231206) and (NIBR202203201).

## DNA barcode library of South Korean limoniid crane flies (Diptera: Limoniidae)

Jisoo Kim<sup>p1</sup>, Dae-Am Yi<sup>2</sup>, and Yeon Jae Bae<sup>c1</sup>

<sup>1</sup>*Department of Environmental Science and Ecological Engineering, Graduate School,  
Korea University, Seoul 02841;*

<sup>2</sup>*Yeongwol Insect Museum, Yeongwol 26223*

Limoniidae is one of the largest families in Diptera and comprises 10,700 species worldwide. Identification of this family has been mainly based on morphological characteristics, but their taxonomy has not been solved thoroughly due to individual variations, sexual dimorphism, and cryptic species. Therefore, DNA barcodes have recently been used to support the species delimitation. In the South Korean fauna, limoniid crane flies are represented by 127 species belonging to 32 genera in three subfamilies and they have barcoded on public databases for only 25 species. In this study, 162 COI sequences from 100 species in 37 genera were obtained. More than 85 percent of the DNA barcode library was newly constructed to identify the species in South Korea. The mean intraspecific genetic distance (0.19%) was much lower than the mean interspecific distance (13.80%). Current DNA barcode library covers 79 percent of known South Korean limoniid crane fly species.

\* This work was supported by a grant from the National Institute of Biological Resources (NIBR), funded by the Ministry of Environment (MOE) of the Republic of Korea (NIBR202231206). This study was also presented at the BSA international symposium in 2022.

A-07

## Contributions to the knowledge of the three new genera of the microleafhopper tribe Empoascini from Korea (Homoptera: Cicadellidae: Typhlocybinae)

Jin Hyung KWON<sup>pc1</sup>, Md. Shamim HOSSAIN<sup>2</sup>, Sang Jae SUH<sup>3,4,5</sup>, and Yong Jung KWON<sup>3</sup>

<sup>1</sup>*Illinois Natural History Survey, University of Illinois, Champaign, IL, USA;*

<sup>2</sup>*Bangabandhu Sheikh Mujibur Rahman Agricultural University, Gazipur, Bangladesh;*

<sup>3</sup>*School of Applied Biosciences, Kyungpook National University, Daegu, Korea;*

<sup>4</sup>*Institute of Plant Medicine, Kyungpook National University, Daegu, Korea;*

<sup>5</sup>*Graduate School of Plant Protection and Quarantine, Daegu, Korea*

A total of 14 genera of the typhlocybinae microleafhoppers comprising the tribe Empoascini have been known from Korean peninsula, since Hossain's Ph.D. thesis (2018). As the continuous taxonomic survey on the subfamily Typhlocybinae in Korea, the authors have found further 3 genera unknown so far, based on each nominate species new to science: *Sarahempoa sarahae* gen. et sp. nov., *Yudalempoa yudalsana* gen. et sp. nov., and *Yunaempoa yunae* gen. et sp. nov. Descriptions and illustrations of morphological features of the present new taxa and keys to the Korean genera of the tribe Empoascini are provided respectively.

A peculiar new microleafhopper genus, *Koreoridia* gen. nov.,  
belonging to the tribe Erythroneurini from Korea  
(Homoptera: Cicadellidae: Typhlocybinae)

Jin Hyung KWON<sup>pc1</sup>, Md. Shamim HOSSAIN<sup>2</sup>, Sang Jae SUH<sup>3,4,5</sup>, and Yong Jung KWON<sup>3</sup>

<sup>1</sup>*Illinois Natural History Survey, University of Illinois, Champaign, IL, USA;*

<sup>2</sup>*Bangabandhu Sheikh Mujibur Rahman Agricultural University, Gazipur, Bangladesh;*

<sup>3</sup>*School of Applied Biosciences, Kyungpook National University, Daegu, Korea;*

<sup>4</sup>*Institute of Plant Medicine, Kyungpook National University, Daegu, Korea;*

<sup>5</sup>*Graduate School of Plant Protection and Quarantine, Daegu, Korea*

In the course of the continuous survey on the taxonomy of typhlocybinae microleafhoppers from Korean peninsula, the authors have found a peculiarly remarkable genus unknown so far, base on the nominate species new to science, having the characteristic morphology in male genitalia: *Koreoridia koreana* gen. et sp. nov. This new genus reveals an affinity of *Arboridia* Zachvatkin, 1946, belonging to the tribe Erythroneurini Young, 1952. Description and illustration of morphological features of the present new taxa and key to the Korean genera of the tribe Erythroneurini are provided respectively.

A-09

## Classification of the microleafhopper genus *Alebroides* Matsumura from Korea (Homoptera: Cicadellidae: Typhlocybinae)

Jin Hyung KWON<sup>pc1</sup>, Md. Shamim HOSSAIN<sup>2</sup>, Sang Jae SUH<sup>3,4,5</sup>, and Yong Jung KWON<sup>3</sup>

<sup>1</sup>*Illinois Natural History Survey, University of Illinois, Champaign, IL, USA;*

<sup>2</sup>*Bangabandhu Sheikh Mujibur Rahman Agricultural University, Gazipur, Bangladesh;*

<sup>3</sup>*School of Applied Biosciences, Kyungpook National University, Daegu, Korea;*

<sup>4</sup>*Institute of Plant Medicine, Kyungpook National University, Daegu, Korea;*

<sup>5</sup>*Graduate School of Plant Protection and Quarantine, Daegu, Korea*

The microleafhopper genus *Alebroides* Matsumura, 1931, in the tribe Empoascini Distant, 1908, from Korea is revised herein. So far, 4 species belonging to this genus have been known to be occurred in Korean peninsula, since Hossain's Ph.D. thesis (2018). In the course of the continuous survey on the taxonomy of typhlocybinae leafhoppers from Korea, the authors have found further 2 species new to science: *Alebroides insularis* sp. nov. and *A. yokjidoensis* sp. nov. Thus, all together 6 constituent species of the genus *Alebroides* are included in the inventory of Korean leafhoppers. Descriptions and illustrations of morphological features of the present new taxa and key to the Korean species are provided respectively.

## Classification of the microleafhopper genus *Empoa* Fitch from Korea (Homoptera: Cicadellidae: Typhlocybinae)

Jin Hyung KWON<sup>pc1</sup>, Md. Shamim HOSSAIN<sup>2</sup>, Sang Jae SUH<sup>3,4,5</sup>, and Yong Jung KWON<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Illinois Natural History Survey, University of Illinois, Champaign, IL, USA;

<sup>2</sup>Bangabandhu Sheikh Mujibur Rahman Agricultural University, Gazipur, Bangladesh;

<sup>3</sup>School of Applied Biosciences, Kyungpook National University, Daegu, Korea;

<sup>4</sup>Institute of Plant Medicine, Kyungpook National University, Daegu, Korea;

<sup>5</sup>Graduate School of Plant Protection and Quarantine, Daegu, Korea

Hitherto, 7 species belonging to the leafhopper genus *Empoa* Fitch, 1851 have been known to Korean fauna, since Hossain's Ph.D. thesis (2018): *E. (Parempoa) albifascia* Anufriev, 1979, *E. (Empoides) aglaie* (Anufriev, 1968), *E. (Empoides) anufrievi* Dworakowska, 1970, *E. (Empoides) fumapicata* Dlabola, 1967, *E. (Empoides) parva* Choe, 1986, *E. (Empoides) punicea* (Matsumura, 1932) and *E. (Empoides) thalia* (Anufriev, 1968). Among them, *E. (Parempoa) albifascia* Anufriev and *E. (Empoides) fumapicata* Dlabola, were reported as newly recorded species during the annual meetings of ESK in 2016 and 2018, respectively. For the continuous taxonomic survey on the typhlocybinae microleafhoppers from Korea, the authors have found a further species new to science: *E. (Empoides) innaesana* sp. nov. Thus, a total of 8 species of the present genus are recognized to be occurred in Korean fauna. A key to discriminate the subgenera and species from Korea are provided here.

## Classification of the leafhopper genus *Macropsis* Lewis from Korea (Homoptera: Cicadellidae)

Jin Hyung KWON<sup>pc1</sup>, Sang Jae SUH<sup>2,3,4</sup>, and Yong Jung KWON<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Illinois Natural History Survey, University of Illinois, Champaign, IL, USA;

<sup>2</sup>School of Applied Biosciences, Kyungpook National University, Daegu, Korea;

<sup>3</sup>Institute of Plant Medicine, Kyungpook National University, Daegu, Korea;

<sup>4</sup>Graduate School of Plant Protection and Quarantine, Daegu, Korea

Until now, a total of 8 species of the genus *Macropsis* Lewis, 1834, including the reconfirmation of *M. illota* (Horváth, 1899), are listed in the Korean fauna by the present authors (2021, 2022). During the continuous taxonomic survey on the leafhoppers in Korean peninsula, the authors have found further 7 unknown species new to science, and discovered 3 newly recorded species from Korea: *M. costalis* (Matsumura, 1911), *M. irenae* (Viraktamath, 1912) and *M. jozankeana* (Matsumura, 1912). Thus, a total of 18 species of the genus *Macropsis* are known to be occurred in Korea. Descriptions and illustrations of morphological features of these newly added taxa, and the revised key to the Korean species of the genus *Macropsis* are provided respectively.

## Classification of the leafhopper genus *Oncopsis* Burmeister belonging to the tribe Macropsini from Korea (Homoptera: Cicadellidae)

Jin Hyung KWON<sup>pc1</sup>, Sang Jae SUH<sup>2,3,4</sup>, and Yong Jung KWON<sup>2</sup>

<sup>1</sup>*Illinois Natural History Survey, University of Illinois, Champaign, IL, USA;*

<sup>2</sup>*School of Applied Biosciences, Kyungpook National University, Daegu, Korea;*

<sup>3</sup>*Institute of Plant Medicine, Kyungpook National University, Daegu, Korea;*

<sup>4</sup>*Graduate School of Plant Protection and Quarantine, Daegu, Korea*

In the previous report presented in the spring conference of ESK (2022), the authors rectified all the erroneous records and arranged 3 species of the genus *Oncopsis* Burmeister, 1838 to be listed in Korean inventory of Cicadellidae. During the continuous taxonomic survey on the leafhopper in Korean peninsula, the authors have found the further 6 unknown species new to science. Thus, a total of 9 species of the genus *Oncopsis* are known to be occurred in Korea. Descriptions and illustrations of morphological features of these new taxa, and the key to Korean species of the present genus are provided respectively.



A new species of the leafhopper genus *Pedionis* Hamilton  
belonging to the tribe Macropsini from Korea  
(Homoptera: Cicadellidae)

Jin Hyung KWON<sup>pc1</sup>, Sang Jae SUH<sup>2,3,4</sup>, and Yong Jung KWON<sup>2</sup>

<sup>1</sup>*Illinois Natural History Survey, University of Illinois, Champaign, IL, USA;*

<sup>2</sup>*School of Applied Biosciences, Kyungpook National University, Daegu, Korea;*

<sup>3</sup>*Institute of Plant Medicine, Kyungpook National University, Daegu, Korea;*

<sup>4</sup>*Graduate School of Plant Protection and Quarantine, Daegu, Korea*

The leafhopper genus *Pedionis* Hamilton 1980, is characterized by having the pronotum with oblique striations, distinctly declivous and weakly arched in shape; male pygofer armed with tiny apical spine or acute tip. Previously, the following species is recorded alone in Korean peninsula: *Pedionis* (*Pedionis*) *garuda* (Distant, 1916). During the continuous taxonomic survey on the leafhoppers in Korean peninsula, the authors have found a further unknown species new to science. Thus, all together 2 species of the genus *Pedionis* are known to be occurred in Korea. Description and illustration of morphological features of this new species, and the key to Korean species of the present genus are provided respectively.

## Classification of the jumping plant-louse genus *Calophya* R w belonging to the family Calophyidae from Korea (Homoptera: Psylloidea)

Jin Hyung KWON<sup>pc1</sup>, Sang Jae SUH<sup>2,3,4</sup>, and Yong Jung KWON<sup>2</sup>

<sup>1</sup>*Illinois Natural History Survey, University of Illinois, Champaign, IL, USA;*

<sup>2</sup>*School of Applied Biosciences, Kyungpook National University, Daegu, Korea;*

<sup>3</sup>*Institute of Plant Medicine, Kyungpook National University, Daegu, Korea;*

<sup>4</sup>*Graduate School of Plant Protection and Quarantine, Daegu, Korea*

Hitherto, 7 species belonging to the genus *Calophya* R w, 1879 have been known in Korean fauna. As the continuous taxonomic survey on the jumping plant-lice in Korean peninsula since the recent completion of the monograph on the Korean Psylloidea (Kwon & Kwon, 2020), the authors have found a further new species from eastern mountainous region in Central Korea: *Calophya yunuae* sp. nov. The invalid species, *Calophya phellodendricola* Cho, 2019 nom. nud. is placed to the synonymy of *C. phellodendri* Loginova, 1976. Thus, all together 8 species of this genus are listed in the inventory of Korean Homoptera. Description and illustration of morphological features of the new species and key to the Korean species of the genus are provided respectively.

## Classification of the jumping plant-louse genus *Acizzia* Haslop-Harrison belonging to the subfamily Acizziinae from Korea (Homoptera: Psylloidea)

Jin Hyung KWON<sup>pc1</sup>, Sang Jae SUH<sup>2,3,4</sup>, and Yong Jung KWON<sup>2</sup>

<sup>1</sup>*Illinois Natural History Survey, University of Illinois, Champaign, IL, USA;*

<sup>2</sup>*School of Applied Biosciences, Kyungpook National University, Daegu, Korea;*

<sup>3</sup>*Institute of Plant Medicine, Kyungpook National University, Daegu, Korea;*

<sup>4</sup>*Graduate School of Plant Protection and Quarantine, Daegu, Korea*

The constituent members of the genus *Acizzia* Heslop-Harrison, 1961 can be characterized apparently by having the subtriangular posterior lobe of proctiger in male genitalia. So far, 3 species belonging to this genus have been known in Korean fauna: *Acizzia jamatonica* (Kuwayama, 1908), *A. moiwasana* (Kuwayama, 1908) and *A. sasakii* (Miyatake, 1963). As the continuous taxonomic survey on the jumping plant-lice in Korean peninsula since the recent completion of the monograph on the Korean Psylloidea (Kwon & Kwon, 2020), the authors have found a further new species from highlands in Central Korea: *Acizzia gangwona* sp. nov. Thus, all together 4 species of this genus are listed in the inventory of Korean Homoptera. Description and illustration of morphological features of the new species and key to the Korean species of the genus are provided respectively.

## Classification of the jumping plant-louse subgenus *Koreopsylla* Kwon et Kwon belonging to the genus *Psylla* Geoffroy from Korea (Homoptera: Psylloidea)

Jin Hyung KWON<sup>pc1</sup>, Sang Jae SUH<sup>2,3,4</sup>, and Yong Jung KWON<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Illinois Natural History Survey, University of Illinois, Champaign, IL, USA;

<sup>2</sup>School of Applied Biosciences, Kyungpook National University, Daegu, Korea;

<sup>3</sup>Institute of Plant Medicine, Kyungpook National University, Daegu, Korea;

<sup>4</sup>Graduate School of Plant Protection and Quarantine, Daegu, Korea

The current concepts and boundaries of the jumping plant-lice genera *Psylla* Geoffroy and *Cacopsylla* Ossiannilsson are confusedly defined so far, and badly remained partially as an artificial assemblage of either subgeneric or supra-specific taxa. Yet, it has faced with disagreements as well as retaining old problem for these obscure concepts of the taxa among the authors, inspite of a few attempts to find molecular characteristics by using only limited taxa. The subgenus *Koreopsylla* Kwon et Kwon, 2020 can be separated from other subgenera of *Psylla* by having the slender genal cones, elongate apical setae of antennae, ovoid forewings, hind tibia armed with 6-7 saltatory spurs, and short female genitalia. As the continuous taxonomic survey on the jumping plant-lice in Korea, the authors have found the second constituent species new to science: *Psylla* (*Koreopsylla*) *chloeae* sp. nov. Description and illustration of morphological features of the new species and key to the Korean species of the genus are provided respectively.

## A new species of the jumping plant-louse belonging to the genus *Cacopsylla* Dwelling on Japanese rowan tree from Korea (Homoptera: Psyllidae)

Jin Hyung KWON<sup>PC1</sup>, Sang Jae SUH<sup>2,3,4</sup>, and Yong Jung KWON<sup>2</sup>

<sup>1</sup>*Illinois Natural History Survey, University of Illinois, Champaign, IL, USA;*

<sup>2</sup>*School of Applied Biosciences, Kyungpook National University, Daegu, Korea;*

<sup>3</sup>*Institute of Plant Medicine, Kyungpook National University, Daegu, Korea;*

<sup>4</sup>*Graduate School of Plant Protection and Quarantine, Daegu, Korea*

As the continuous taxonomic survey on the jumping plant-lice in Korean peninsula since the recent completion of the monograph on the Korean Psylloidea (Kwon & Kwon, 2020), the authors have found a further species new to science: *Cacopsylla magamoka* sp. nov. Both nymphal stages and adults have been observed dwelling on Japanese rowan trees (*Sorbus commixta*) at high altitude of Mt. Palgongsan, South Korea. It has been also monitored that the adult populations after emergence emigrate often from the nymphal host to *Ilex macropoda* near by, predominantly during early summer. Description with illustration of morphological features and host record are provided respectively.

## Classification of the planthopper genus *Stenocranus* Fieber of the subfamily Stenocraninae Wagner from Korea (Homoptera: Delphacidae)

Min Wook KIM<sup>P1</sup>, Jin Hyung KWON<sup>2</sup>, Yong Jung KWON<sup>1</sup>, and Sang Jae SUH<sup>c1,3,4</sup>

<sup>1</sup>*School of Applied Biosciences, Kyungpook National University, Daegu, Korea;*

<sup>2</sup>*Illinois Natural History Survey, University of Illinois, Champaign, IL, USA;*

<sup>3</sup>*Institute of Plant Medicine, Kyungpook National University, Daegu, Korea;*

<sup>4</sup>*Graduate School of Plant Protection and Quarantine, Daegu, Korea*

Hitherto, a total of 11 species belonging to the genus *Stenocranus* Fieber, 1866 have been known in Korean fauna. Among these taxa, 10 species including 2 unpublished new species were described by the first author (Kim, 2019: M.agr. thesis). Subsequently, the other one newly recorded species was reported by the authors in the annual conference of ESK in 2021. In the course of taxonomic survey on the planthoppers in Korean peninsula, the authors have found a further unknown species new to science, and describe here along with the previous 2 unpublished new species: *Stenocranus bukbaesanus* sp. nov., *S. heuksanus* sp. nov. and *S. hwawangsanus* sp. nov. Thus, all together 12 species of this genus are listed in the inventory of Korean Homoptera. Descriptions, illustrations of morphological features and keys to the Korean species of the genus are provided respectively.

A new species belonging to the dancefly genus *Syneches*  
Walker of the subfamily Hybotinae from Korea  
(Diptera: Empidoidea: Hybotidae)

Jin Hyung KWON<sup>a1</sup>, Yong Jung KWON<sup>c2</sup>, Sang Jae SUH<sup>1,3,4</sup>, and Ding YANG<sup>5</sup>

<sup>1</sup>*School of Applied Biosciences, Kyungpook National University, Daegu, Korea;*

<sup>2</sup>*Illinois Natural History Survey, University of Illinois, Champaign, IL, USA;*

<sup>3</sup>*Institute of Plant Medicine, Kyungpook National University, Daegu, Korea;*

<sup>4</sup>*Graduate School of Plant Protection and Quarantine, Daegu, Korea;*

<sup>5</sup>*Department of Entomology, China Agricultural University, Beijing, China*

The dancefly genus *Syneches* Walker, 1852 can be characterized by having the wing with anal cell about as long as basal cell; radical sector strikingly longer than the distance from humeral crossvein to its origin. Hitherto, only one unnamed species has been recorded to Korean fauna. In the course of taxonomic survey on the danceflies in Korean peninsula, the authors have found the second Korean species of the present genus new to science: *Syneches koreana* sp. nov. This new species is closely allied to *S. bicornutus* Yang et Yang, 2004, distributed in Guangdong Province, China. Description, illustration of morphological features and key to the Korean species of the genus are provided respectively.

## A new genus belonging to the dancefly tribe Drapetini Collin of the subfamily Tachydromiinae from Korea (Diptera: Empidoidea: Hybotidae)

Jin Hyung KWON<sup>a1</sup>, Yong Jung KWON<sup>c2</sup>, Sang Jae SUH<sup>1,3,4</sup>, and Ding YANG<sup>5</sup>

<sup>1</sup>*School of Applied Biosciences, Kyungpook National University, Daegu, Korea;*

<sup>2</sup>*Illinois Natural History Survey, University of Illinois, Champaign, IL, USA;*

<sup>3</sup>*Institute of Plant Medicine, Kyungpook National University, Daegu, Korea;*

<sup>4</sup>*Graduate School of Plant Protection and Quarantine, Daegu, Korea;*

<sup>5</sup>*Department of Entomology, China Agricultural University, Beijing, China*

In the dancefly tribe Drapetini Collin, 1961 of the subfamily Tachydromiinae, the genus *Elaphropeza* Macquart, 1827 alone has been recorded in the inventory of Korean Empidoidea made by Kwon et al. (2021). During the taxonomic survey on the danceflies in Korean peninsula, the authors have found the second Korean genus new to science: *Stilponoides yunae* gen. et sp. nov. The present new genus is allied to *Stilpon* Loew, 1850 distributed in Holarctic region, but it can be easily recognized by having the wing with shallowly rounded anal margin. Description, illustration of morphological features and key to the Korean genera are provided respectively.



A-21

# A new species belonging to the dancefly genus *Roederiodes* Coquillett of the subfamily Clinocerinae from Korea (Dptera: Empidoidea: Empididae)

Jin Hyung KWON<sup>a1</sup>, Yong Jung KWON<sup>c2</sup>, Sang Jae SUH<sup>1,3,4</sup>, and Ding YANG<sup>5</sup>

<sup>1</sup>*School of Applied Biosciences, Kyungpook National University, Daegu, Korea;*

<sup>2</sup>*Illinois Natural History Survey, University of Illinois, Champaign, IL, USA;*

<sup>3</sup>*Graduate School of Plant Protection and Quarantine, Daegu, Korea;*

<sup>4</sup>*Graduate School of Plant Protection and Quarantine, Daegu, Korea;*

<sup>5</sup>*Department of Entomology, China Agricultural University, Beijing, China*

The dancefly genus *Roederiodes* Coquillett, 1901 in the subfamily Clinocerinae Collin, 1928 can be characterized by having the rostriform cheek below compound eye, the elongate slender proboscis, and the wing with fork of R<sub>4</sub> and R<sub>5</sub>. Hitherto, only one species, *Roederiodes japonica* Saigusa, 1964, has been recorded to Korean fauna since Lee and Kwon (1975). In the course of taxonomic survey on the danceflies in Korean peninsula, the authors have found the second Korean species of the present genus new to science: *Roederiodes spinosa* sp. nov. This new species is closely allied to the previously known former one. Description, illustration of morphological features and key to the Korean species of the genus are provided respectively.

## Classification of the leafhopper genus *Macrosteles* Fieber and allied genera of the world (Hemiptera: Cicadellidae)

Jin Hyung KWON<sup>pc1</sup>, Sang Jae SUH<sup>2,3,4</sup>, and Yong Jung KWON<sup>2</sup>

<sup>1</sup>*Illinois Natural History Survey, University of Illinois, Champaign, IL, USA;*

<sup>2</sup>*School of Applied Biosciences, Kyungpook National University, Daegu, Korea;*

<sup>3</sup>*Institute of Plant Medicine, Kyungpook National University, Daegu, Korea;*

<sup>4</sup>*Graduate School of Plant Protection and Quarantine, Daegu, Korea*

All of the known species of *Macrosteles* and allied genera, *Davisonia*, *Sagatus*, and *Sonronius*, previously treated as subgenera of *Macrosteles*, along with *Nabiya* gen. nov., are reviewed, primarily based on the genitalia and abdominal apodemes of males. These genera are also redefined as constituent taxa of the subtribe *Macrostelina* (partim, s. str.) to distinguish them from other closely related genera. A total of 135 species in 5 genera are treated, of which 45 species are new to science. Particularly, 19 new synonymies are made, while 1 species is removed from synonymy and recognised as valid, while 17 lectotypes and 2 neotypes are designated. The new genus, *Nabiya* gen. nov., is also established to encompass *Macrosteles* (*Sagatus*) *flavalis* Hamilton, 1972. All the species are described and illustrated showing the diagnostic features for both sexes where these are known. Keys for the identification of males, distribution ranges, host plants, and additional characters of the higher taxa are provided. The present monograph has been published by the National Institute of Biological Resources, Korea, in 2022.

## Taxonomic revision of the family Strongylophthalmyiidae (Diptera: Neriioidea) from Korea

Junyeong Woo<sup>p1</sup> and Sang Jae Suh<sup>c1,2,3</sup>

<sup>1</sup>*School of Applied Biosciences, College of Agricultural and Life Sciences,  
Kyungpook National University, Daegu;*

<sup>2</sup>*Institute of Plant Medicine, Kyungpook National University, Daegu;*

<sup>3</sup>*Graduate School of Plant Protection and Quarantine, Daegu, Korea*

Up to now, only one species, *Strongylophthalmyia ustulata* (Zetterstedt, 1847) of the family Strongylophthalmyiidae has been recorded in North Korea. In the course of taxonomic survey on this family in Korean peninsula, the authors have found three unrecorded species, *S. crinita* Hennig, 1940, *S. raricornis* Shatalk, 1981, and *S. vikhrevi* Galinskaya & Shatalkin, 2018. All the newly found species were described, and a key to the Korean species of the family Strongylophthalmyiidae were provided in this study.

## Taxonomic review of Mongolian Ephemerellidae (Ephemeroptera)

Sang Kyu SHIN<sup>P1</sup>, Jeong Mi HWANG<sup>2</sup>, Badamdorj BAYARTOGTOKH<sup>3</sup>, and  
Yeon Jae BAE<sup>c1,2</sup>

<sup>1</sup>*Department of Environmental Science and Ecological Engineering, Graduate School,  
Korea University, Seoul 02841, South Korea;*

<sup>2</sup>*Korean Entomological Institute, Korea University, Seoul 02841, South Korea;*

<sup>3</sup>*School of Arts and Sciences, National University of Mongolia, Ulaanbaatar 14200, Mongolia*

The mayfly family Ephemerellidae (Ephemeroptera) is particularly diverse and abundant in the cold mountain streams in the Northern Hemisphere, such as Mongolian alpine streams. Although Mongolian mayfly fauna has been continuously investigated since 1970s, knowledge on mountainous ephemerellids is still waning. In this study, we reviewed Mongolian ephemerellids using materials from our long-term investigation from 2009-2022. As a result, we reviewed 16 species of Mongolian Ephemerellidae, including two new records of *Drunella ishiyamana* Matsumura, 1931, and *Cincticostella nigra* (Uéno, 1928). With DNA barcode analysis, special attention was paid on the cryptic diversity of the species of *Drunella* Needham, 1905. Further comprehensive morphological and phylogenetic studies of *Drunella* are needed to reveal cryptic species within the genus.

\* This work was supported by the National Research Foundation of Korea (NRF) grant funded by the Korean Government (MSIT) (2022R1A2C1009024). This study was also presented at the BSA International Symposium 2022.

## DNA barcode analysis of chironomid larvae (Diptera: Chironomidae) from large rivers in South Korea to facilitate freshwater biomonitoring and public health surveillance

Hyo Jeong Kang<sup>p1</sup>, Min Jeong Baek<sup>2</sup>, Ji Hyoun Kang<sup>3</sup>, and Yeon Jae Bae<sup>c3,4</sup>

<sup>1</sup>*Department of Life Science, Graduate School, Korea University, Seoul 02841;*

<sup>2</sup>*National Institute of Biological Resources, Incheon 22689;*

<sup>3</sup>*Korean Entomological Institute, Korea University, Seoul 02841;*

<sup>4</sup>*Department of Environmental Science and Ecological Engineering, College of Life Sciences,  
Korea University, Seoul 02841*

Chironomid larvae are among the dominant benthic macroinvertebrates in all types of water systems in South Korea. They may pass through pipes in rivers (raw water) and occur in drinking/tap water, thus creating public health issues. However, little is known about the larval stages of chironomids in large South Korean rivers. Therefore, we examined larval-adult associations in chironomids inhabiting major rivers used as water sources. The samples from the four rivers yielded 61 mitochondrial *COI* sequences belonging to 18 species, including *Hydrobaenus kondoi* Saether, 1989, which was reported for the first time in the Korean Peninsula. Further, morphological identification of the larvae was conducted, and a pictorial taxonomic key to Chironomidae species in large rivers in South Korea was developed to facilitate freshwater biomonitoring research.

\* This work was supported by the National Institute of Biological Resources (NIBR) (NIBR202203201) under the Ministry of Environment (MOE). This study was also presented at the BSA international symposium and published in IJERPH in 2022.

## Descriptions of two new species of the genus *Scaphisoma* Leach (Coleoptera: Staphylinidae: Scaphidiinae) in Korea

Ye Jun Kim<sup>p</sup> and Kee-Jeong Ahn<sup>c</sup>

*Department of Biology, Chungnam National University, Daejeon 34134*

*Scaphisoma* Leach is composed of 770 species worldwide. In East Asia, 104 species, 31 species and eight species are described in China, Japan and the Russian Far East, respectively. In Korea, six species have been recorded. Members of *Scaphisoma* are usually found fungus, but some species occur in leaf litters and under bark.

Korean *Scaphisoma* is characterized by the following features: body oval and convex; antennomeres 6 or 7 to 11 flattened, antennomere 3 significantly shorter and smaller than 4; metacoxal sutural area of abdominal sternite III widened.

In this study, two new species (*Scaphisoma koreanum* and *Scaphisoma rubromaculatum*) are described with illustrations of habitus, antennomere, and aedeagus.

\* This work was supported by NIBR202203201 grant.

## A new species of *Siagonium* Kirby & Spence (Coleoptera: Staphylinidae: Piestinae) in Korea

Joon-Yong Park<sup>p</sup> and Kee-Jeong Ahn<sup>c</sup>

*Department of Biology, Chungnam National University, Daejeon 34134*

*Siagonium* Kirby & Spence is composed of 24 species and occurs in the Palearctic and Nearctic region. In East Asia, 18 species have been known in China and Japan.

During an ongoing taxonomic study of Korean Piestinae, we found a new species of *Siagonium* in Korea.

Members of *Siagonium* are characterized by the combination of the following characters: gular plate with deep median depression; mesoventral process very narrow; abdominal segments with paratergites.

The new species is similar to *S. vittatum* Fauvel in having elytra with one pair of reddish yellow markings along lateral margins. But they can be distinguished by the shape of mouthparts and the ratio of antennal segments. A description and illustrations of the habitus and diagnostic characters of the new species are provided.

\* This work was supported by NIBR grant.

## Two *Lathrobium* Gravenhorst species (Coleoptera: Staphylinidae: Paederinae) new to Korea

Gae-Nam Jeon<sup>P</sup> and Kee-Jeong Ahn<sup>C</sup>

*Department of Biology, Chungnam National University, Daejeon 34134*

Two *Lathrobium* Gravenhorst species, *L. coreanum* Watanabe, 2000 and *L. dignum* Sharp, 1874, have been listed from the Korean Peninsula (Sharp, 1874; Watanabe, 2000; Ahn et al., 2017). Recently, we identified two additional *Lathrobium* species (*L. sinense* Herman, 2003 and *L. ishiharai* Hayashi, 1994) and they are reported for the first time in Korea. Specimens of *L. ishiharai* were collected in Mt. Sikjangan and *L. sinense* in Jeju Province, Daejeon City, and Gangwon Province. They are deposited in the Chungnam National University Insect Collection (CNUIC). A key and illustrations of habitus and abdominal segment of these two species are provided to facilitate identification. As a result of this study, a total of four *Lathrobium* species are documented in the Korean Peninsula.

\* This work was supported by NIBR grant.



## Integrative taxonomy of Korean *Adota* Casey (Coleoptera: Staphylinidae: Aleocharinae)

Jong-Kuen Jung<sup>p1</sup>, Seung-Gyu Lee<sup>2</sup>, In-Seong Yoo<sup>3</sup>, and Kee-Jeong Ahn<sup>c1</sup>

<sup>1</sup>Department of Biology, Chungnam National University, Daejeon 34134, Korea;

<sup>2</sup>Animal Resources Division, National Institute of Biological Resources, Incheon 22689, Korea;

<sup>3</sup>Division of Restoration Research, Research Center for Endangered Species,  
National Institute of Ecology, Yeongyang 36531, Korea

The marine littoral Athetine genus *Adota* Casey contains seven species worldwide. In Korea, three species are recorded [*Adota koreana* Lee and Ahn, *A. magnipennis* (Bernhauer), and *A. ushio* (Sawada)]. As a result of taxonomic study of Korean *Adota* based on morphological and molecular characters (*COI* and 28S), two new species (*A. sinanensis* sp. nov. and *A. namhae* sp. nov.) are added to the Korean fauna.

Intraspecific genetic divergence of *COI* using uncorrected p-distance among individuals of Korean *Adota* species ranged from 0% to 2.08%, while interspecific divergence among seven species ranged from 6.25% to 14.5%.

All compared species were each supported as a single lineage using *COI* and 28S on both parsimony and maximum likelihood trees. Morphological characters among *A. sinanensis* sp. nov. and *A. namhae* sp. nov. and the other Korean *Adota* species are compared. The morphological characters and molecular analyses support the validity of these two new species.

\* This work was supported by NIBR grant.

【 생 태 】

B-01

## 돌흑이꽃자왈에서 생태교육을 통한 곤충 다양성 조사

고민희<sup>a</sup>, 장은비, 이승학, 윤원중, 정용환<sup>c</sup>

제주테크노파크 생물종다양성연구소, 제주 63608

본 연구는 2022년 6월부터 9월까지 제주특별자치도 서귀포시 대정읍 저지리의 돌흑이꽃자왈에 분포하는 곤충류의 다양성을 조사하기 위하여 실시되었다. 돌흑이꽃자왈은 한경-안덕꽃자왈 지대에 포함되는 곳으로 도너리오름에서 시작된 용암에 의해서 형성된 꽃자왈이며, 마을 안쪽을 둘러싸고 있는 작은 숲으로 형성되어있다. 저청초등학교 6학년 학생 13명과 함께 월 1회 2시간 동안 포충망과 핀셋을 이용하여 곤충을 채집하였다. 본 조사기간 동안 채집을 통해 확인된 곤충류는 8목 35과 162개체이며, 조사기간 중에 6월이 51개체로 가장 많은 개체가 조사되었다. 조사기간별로 7월의 종다양성(1.71)이 가장 높게 나타났으며, 6월의 종다양성(0.94)이 낮게 나타났다. 종풍부도의 경우 7월(5.86)이 가장 높았으며, 9월(2.73)이 가장 낮았다. 이는 6월의 경우 나비목의 출현이 많아 채집된 개체 수는 많았지만 채집된 종의 수가 적었기 때문으로 보이며, 9월의 경우 잠자리목과 메뚜기목이 다수를 차지하여 잡힌 개체 수에 비하여 종의 풍부도가 낮은 것으로 보인다.

이러한 결과를 통하여 돌흑이꽃자왈의 곤충 종다양성에 대한 기초자료를 확보하였으며, 지속적인 생태조사를 통하여 돌흑이꽃자왈의 정확한 곤충류 생태자료를 확보하고자 한다.

\* 본 연구는 환경부 서식지외보전기관 운영사업과 저지리의 지원을 받아 수행되었습니다.

## Analysis of *Linepitha humile* (Hymenoptera: Formicidae) distribution and characteristics of accompanying ants near Busan Station, South Korea

Jongwon Song<sup>P</sup>, Seung won Lee, Jeongeun Bak, and Yongho Cho<sup>c</sup>

*Ecological Technology Research Team, Division of Ecological Applications Research, Conservation Research Bureau, National Institute of Ecology, Seocheon 33657*

*Linepithema humile* (Mayr, 1868) is a native South American ant species that has invaded Europe, Asia, Africa, and North America due to human-mediated activities. The invasion of *L. humile* in Korea was first observed near the Busan Station in 2019, and the species was subsequently designated as an “Ecosystem disturbing species” in 2020 to counter its rapid spread. This study investigated the distribution characteristics of ant groups near the Busan station by installing ant traps in the *L. humile* habitat.

A total of 3,767 captured ants from 15 species, 15 genera, and one family were investigated by classification and ordination analyses in this study. The collected ants were classified into six groups on the basis of the TWINSpan analysis. Among these, *L. humile* appeared in four groups which did not include *Tetramorium tsushimae*. *T. tsushimae* appeared in the remaining two groups which in turn did not contain *L. humile*. A comparison of the actual distribution with the classification and ordination results revealed that while the groups without *L. humile* were concentrated only in the northern patch, those containing *L. humile* was distributed in other regions. This study thus identified the distribution of ant groups in the *L. humile* emergence area near the Busan Station. Additionally, it can be used as a reference to determine the impact of *L. humile* on native ant colonies in South Korea in future studies.

## 지리산국립공원 심원마을 복원지역의 곤충다양성에 관한 연구

한용구<sup>d1</sup>, 윤명수<sup>2</sup>, 차수민<sup>2</sup>, 최영화<sup>2</sup>, 박민지<sup>2</sup>, 최형진<sup>2</sup>, 이호재<sup>2</sup>

<sup>1</sup>드림네이처, 공주 32561; <sup>2</sup>지리산국립공원전남사무소, 구례 57616

본 연구는 지리산국립공원 심원마을 복원지역 모니터링 사업으로 해당 복원지역의 곤충다양성을 파악하기 위해 실시되었으며, 다양한 곤충류를 조사하기 위해 초지, 습지 및 산림 등의 서식지 유형을 고려하여 주간 및 야간 조사를 수행하였다. 조사결과, 총 12목 79과 442종의 곤충류가 확인되었다. 분류군별로는 나비목이 24과 256종으로 가장 높은 출현을 보였고, 딱정벌레목 14과 62종, 노린재목 16과 51종, 메뚜기목 7과 22종, 벌목 8과 23종, 파리목 6과 15종의 순으로 출현이 높게 나타났다. 군집분석 결과, 우점종은 오리나무잎벌레(0.213)로 확인되었으며, 다양도지수는 4.920으로 높게 나타났다. 그 밖에 풍부도는 55.609, 균등도는 0.812의 지수를 나타내어 지리산국립공원 심원마을 복원지역의 곤충류 군집구조는 안정된 상태를 보이는 것으로 확인되었다. 향후 국립공원 복원지역의 곤충상 변화 파악 및 보전 대책을 수립하기 위해 주기적인 모니터링이 필요할 것으로 사료된다.

B-04

## 경상북도 남부 지역의 모기(Diptera: Culicidae) 발생소장 및 Real-Time PCR을 이용한 Flavivirus 감염조사

전지승<sup>p1,3</sup>, 최광식<sup>c1,2,3</sup>

<sup>1</sup>경북대학교 자연과학대학 생명과학부, 대구 41566; <sup>2</sup>경북대학교 계통진화유전체연구소, 대구 41566;

<sup>3</sup>경북대학교 울릉도·독도 중점연구소, 대구 41566

모기(Diptera: Culicidae)에 의해 전파되는 질병은 Flavivirus에 의한 것으로, 암컷 모기가 숙주의 혈액을 흡혈하는 과정에서 질병이 전파된다고 알려져 있다. 모기가 매개하는 대표적인 질병은 *Anopheles*속이 매개하는 말라리아, *Culex*속 모기가 매개하는 일본뇌염, 그리고 *Aedes*속이 매개하는 뎅기열, 지카바이러스감염증이 있다. 이러한 모기 조사를 위하여 2022년 3월부터 10월까지 도심(대구 북구 및 서구), 철새도래지(군위), 축사(대구 현풍) 3곳의 환경에서 채집을 진행하였다. 채집된 모기는 총 6속 10종 7,557마리로 이 중 도심지역에서는 총 1,422마리, *Culex pipiens complex*가 1,108마리(77.9%)로 가장 많이 채집되었고, 다음으로 *Armigeres subalbatus*가 152마리(10.7%) 채집되었다. 철새도래지에서는 총 113마리 중 *Armigeres subalbatus*가 51마리(45.1%)로 가장 많이 채집되었다. 축사에서는 총 6,022마리의 모기가 채집되었으며 말라리아 매개 모기인 *Anopheles spp.*가 4,117마리(68.4%)로 가장 많이 채집되었고, *Culex pipiens complex* 959마리(15.9%), *Aedes vexans* 552마리(9.1%), 일본뇌염 주요 매개모기인 *Culex tritaeniorhynchus*는 402마리(6.6%)가 채집되었다. 채집된 모기의 Flavivirus 감염 여부를 확인하기 위하여 최대 30마리씩 pooling하여 Real-time PCR을 이용해 조사한 결과 모두 음성으로 확인되었다. 모기에 의한 질병은 매해 지속적으로 발생하므로 체계적인 감시와 조사가 필요할 것으로 생각된다.

## 2021년 경상북도 김천시 야생 설치류 및 털진드기 발생량 조사

이현승<sup>p1,2</sup>, 최광식<sup>c1,2,3,4</sup>

<sup>1</sup>경북대학교 자연과학대학 생명과학부, 대구 41566; <sup>2</sup>경북대학교 울릉도·독도 연구소, 대구 41566;

<sup>3</sup>경북대학교 계통진화연구소, 대구 41566; <sup>4</sup>경북대학교 생명과학대학 BK21 FOUR KNU

쯔쯔가무시증은 급성 열성 질환으로 털진드기를 매개로 전파되며 한국에서는 제3급 법정 감염병으로 지정하여 관리하고 있다. 털진드기의 유충은 주로 봄철과 가을철에 집중적으로 나타나며 유충에서 약충으로 성장할 때 반드시 동물의 조직액이 필요로 하기 때문에 이 시기에 야생 설치류 등에 일시적으로 기생한다. 이러한 털진드기 조사를 위하여 경상북도 김천시에서 2021년 3, 4월과 10, 11월 5가지 환경(밭, 논, 수로, 저수지, 야산)에서 sherman trap을 이용하여 설치류를 채집하였다. 채집결과 총 27마리가 채집되었으며, 등줄쥐(*Apodemus agrarius*)(70.4%)가 주로 채집되었다. 설치류에서 얻은 총 털진드기의 개수는 5,045마리이다. 또한 채집된 털진드기의 반수에 대한 병원체 검사를 실시한 결과, 11월 pool에서는 쯔쯔가무시증 양성을 확인할 수 있었다. 쯔쯔가무시증은 간헐적으로 유행할 가능성이 있으므로 체계적 모니터링을 통해 지속적인 감시가 필요할 것으로 생각된다.

B-06

## A change of benthic macroinvertebrate community caused by environmental change in the lower reach of the Nakdong river

Taek Geun Lee<sup>P1</sup>, Jung Woo Kim<sup>1</sup>, Mi Jung Bae<sup>2</sup>, Jung Nam Ryu<sup>2</sup>,  
Nam Joo Lee<sup>3</sup>, and Myoung Chul Kim<sup>C1</sup>

<sup>1</sup>*SOKN Institute of Ecology & Conservation, Seoul 01895;*

<sup>2</sup>*Nakdonggang National Institute of Biological Resources, Sangju 37242;*

<sup>3</sup>*Kyung Sung University, Busan 48434*

In order to understand the change of benthic macroinvertebrates groups in the lower reach of the Nakdong river along with the change of altitude, we surveyed at 20 sites on Nam river on May and September in 2021. As a result of examining the river bed structure of Namgang, the proportion of sand was the highest with an average of 37.4%. Comparing the number of species at each survey point, 50 species appeared the most in Namgang N3, and the least number of species appeared in N20, the lowest stream, with 9 species. As for the ratio of the number of individuals per unit area of ??the major taxa at each surveyed point, the ratio of Ferminoptera in the upstream and Hemiptera in the downstream was high, and the appearance rate of Diptera was the highest in the Nakdong River.

\* This work was supported by NNIBR & KEITI Project (2020003050002) grant.

## 생물지수 검토를 위한 주요하천 수생태계 평가 및 조사

김지원<sup>1</sup>, 이택근<sup>1</sup>, 김정우<sup>1</sup>, 곽인실<sup>2</sup>, 유태식<sup>2</sup>, 김명철<sup>c1</sup>

<sup>1</sup>SOKN생태보전연구소, 서울 01895; <sup>2</sup>전남대학교 수산과학연구소, 여수 59626

2021년도에 15개 하천을 대상으로 수질 및 저서성 대형무척추동물의 군집을 조사하였음. 측정된 수질 결과에 따르면, 조사하천 지점 중에서는 기수역인 수어천1(30,723  $\mu\text{S}/\text{cm}$ )과 수영강5(25,601  $\mu\text{S}/\text{cm}$ ) 지점에서 전기전도도가 높게 나타났으며, 기수역인 수어천1(35,262  $\mu\text{S}/\text{cm}$ )과 수영강5(6,380  $\mu\text{S}/\text{cm}$ ) 지점에서 전기전도도가 높게 나타났음. 대상하천에서 확인된 저서성 대형무척추동물은 총 4문 7강 26목 84과 156종, 평균 432.8 개체/ $\text{m}^2$ 가 확인됨. 출현종수는 봉화(49종)에서 가장 많았으며, 옹포천(7종)에서 가장 적었음. 평균 개체수는 동홍천(1,598 개체/ $\text{m}^2$ )에서 가장 많았고, 안성천3(31.3 개체/ $\text{m}^2$ ) 및 수어천1(60.5 개체/ $\text{m}^2$ )에서 낮은 수치로 확인됨. 실지렁이, 참갯지렁이류, 다슬기, 원돌이물달팽이, 새뱅이, 옆새우류 등이 우점 및 아우점종으로 확인됨. 동홍천, 옹포천, 수영강5에서 우점도가 0.90 이상으로 높았고, 경안천6에서 다양도(3.42)와 종풍부도(3.48)가 높고, 우점도(0.44)가 낮았음. 수생태계건강성평가인 BMI지수 평가는 봉화(74.8)에서 ‘ 좋음’ 환경상태로 확인되었고, 광산(27.6), 옹천천2(31.3), 갑천5-1(26.8), 곡교천2(23.9), 수영강5(27.9), 전주천6(16.3)에서 ‘매우나쁨’으로 확인됨.

\* 본 연구는 KEITI 수생태계 건강성 확보 기술개발사업의 과제(국내 고유종 기반 퇴적물 수생태계 통합 위해성 평가 기술 개발)의 지원하에 수행됨.



## 2022년 경상북도 남부지역 참진드기 감시

장준혁<sup>c12</sup>, 최광식<sup>p123</sup><sup>1</sup>경북대학교 자연과학대학 생명과학부, 대구 41566; <sup>2</sup>경북대학교 계통진화유전체연구소, 대구 41566;<sup>3</sup>경북대학교 울릉도 독도 중점연구소, 대구 41566

참진드기가 매개하는 질병은 SFTS (Severe Fever with Thrombocytopenia Syndrome)으로, 바이러스를 보유한 참진드기가 숙주를 흡혈할 때 전파된다고 알려져 있다. 2011년 중국에서 첫 감염자가 발생한 것을 시작으로, 국내에서는 2013년에 처음으로 확인되었다. 월별 참진드기 분포와 SFTS 감염 여부를 조사하기 위해서, 발생 감시를 4월부터 10월까지 매달 1회씩 실시하였다. 이를 위해, 김천시의 무덤, 산길, 잡목림, 초지 4곳에 각각 Dry ice trap을 3개씩 설치해 채집하였다. 채집된 참진드기는 1속 4종 3,509마리로 무덤에서 1,558마리(44.4%), 잡목림에서 706마리(20.1%), 산길에서 633마리(18.0%), 초지에서 612마리(17.4%) 채집되었다. 각 발생단계별로는 암컷 569마리(16.2%), 수컷 243마리(6.9%), 약충 1,083마리(30.9%), 유충 1,614마리(46.0%)가 채집되었다. 종별로는 *Haemaphysalis longicornis*가 2,192마리(98.7%)로 가장 많이 채집되었고 그 외에 *Amblyomma testidunarium* 12마리(0.5%), *Haemaphysalis flava* 9마리(0.4%), *Ixodes nipponensis* 8마리(0.4%)가 채집되었다. 채집된 참진드기의 병원체 유무를 확인하기 위해 성충은 최대 5마리, 약충은 최대 30마리, 유충은 50마리씩 pooling하여 Nested PCR을 실시한 결과 양성은 발견되지 않았다. 현재 백신과 치료제가 없고 SFTS에 감염되었을 때 치사율이 높은 편이기 때문에, 참진드기에 대한 지속적인 감시를 할 필요가 있다고 생각된다.

## 야행성 말벌 큰흙눈말벌(*Vespa binghami*)의 시간대별 야외활동 분석

최문보<sup>1</sup>, 권오석<sup>2</sup>

<sup>1</sup>경북대학교 식물의학연구소, 대구 41566; <sup>2</sup>경북대학교 식물방역대학원, 대구 41566

국내에서 2011년 처음 기록된 큰흙눈말벌(*Vespa binghami*)은 태국, 미얀마, 라오스, 인도와 같은 동남아 일대와 더불어 중국과 러시아 일부 지역에서 발견되는 희귀말벌이다. 특히 큰흙눈말벌은 이름에서도 알 수 있듯이 흙눈이 크게 발달되어 주로 밤에 활동하는 야행성 말벌이다. 이처럼 야행성인 탓에 그동안 국내에서 개체들은 종종 채집되었으나 벌집은 공식적으로 한 번도 기록된 적이 없는 말벌이다. 따라서 이들의 벌집 및 개체들의 생태 특성은 전혀 알려진 바가 없다. 최근 2022년 8월 경북 의성군 일대에서 죽은 나무 기둥 내에서 벌집이 처음으로 발견됨에 따라 9월 1일 18:00시부터 9월 2일 18:00시까지 24시간 동안 벌집 입구에 촬영 장비를 설치한 후 이들의 야행성 활동을 분석하였다. 그 결과 총 5,740회의 개체 출입이 확인되었으며 그중 9월 1일 일몰 후 9월 2일 일출까지는 총 5,735회로 99.9%가 야간 활동으로 나타났고 단지 5회만(0.09%)이 주간 활동으로 나타났다. 특히 일몰 직후 그리고 자정에 가장 많은 야외활동이 관찰되었다. 야간 외부활동은 대부분 사냥이나 벌집 재료 채집, 수액터 방문 등이 주를 이루었고 주간 외부활동은 벌집 내 폐기물질 처리 및 수액터 방문 등을 주로 하였으며 간간이 벌집 및 벌집 입구 등을 수리하거나 보강하는 벌집 관리 행동이 관찰되었다. 비록 야생동물의 공격으로 벌집이 파괴되어 추가 행동 분석이 진행되지 못하였으나 추후 추가 벌집 조사를 통해 먹이원 종류, 벌집 구조 및 생활사와 같은 생태적 특성이 더 조사되어야 할 것이다.

## 2022년 조사된 독도의 곤충상

최문보<sup>1</sup>, 민남경<sup>3</sup>, 권오석<sup>2,3,4</sup><sup>1</sup>경북대학교 식물의학연구소, 대구 41566; <sup>2</sup>경북대학교 식물방역대학원, 대구 41566;<sup>3</sup>경북대학교 응용생명과학부, 대구 41566; <sup>4</sup>경북대학교 울릉도·독도연구소, 대구 41566

독도의 곤충상은 1978년 첫 조사 이후로 지금까지 약 11목 65과 130여 종이 기록되어져 왔다. 독도는 대부분이 30° 이상의 급격한 경사면으로 이루어져 있고, 강한 해풍, 그리고 대부분의 토양의 깊이가 30 cm 미만인 척박한 토질로 인해 식물이 서식하기에 적합한 환경은 아니다. 따라서 식물과 매우 밀접한 연관성을 보이는 곤충의 경우에도 악조건의 환경에 영향을 많이 받는 대형 종보다 미소곤충류가 대부분이다. 2022년 7월 조사에서 독도의 헬기장 아래, 국기 게양대, 성화대 3지점을 조사하였으며 총 6목 23과 38종 390개체가 채집되었다. 채집된 대부분의 종들은 기존 기록 종들이었으나 그동안 거의 조사가 이뤄지지 못한 미소 벌들이 추가로 조사되었다. 추가 기록된 미소벌과는 금줄벌과(Pteromalidae), 납작턱줄벌과(Platygastroidae), 꼬리줄벌과(Torymidae), 씨살이줄벌과(Eurytomidae) 등이다. 그러나 국내 전문가 부족으로 인해 종 동종까지는 진행되지 못하였고 추후 국외 전문가를 통해 종 동정이 이뤄져야 할 것이다.

\* 이 논문은 2016년도 정부(교육부)의 재원으로 한국연구재단의 지원을 받아 수행된 기초연구사업임(No. 2016R1A6A1A05011910).

## 하수처리장 처리수가 저서성 대형무척추동물 특정 분류군에 미치는 영향

정우현<sup>p1</sup>, 이종은<sup>c12</sup>

<sup>1</sup>안동대학교 생명과학대학 생물학과, 안동 36729; <sup>2</sup>안동대학교 환경연구소, 안동 36729

하수처리장 처리수가 저서성 대형무척추동물의 군집구조에 미치는 영향을 분석하기 위해 2021년 9월, 2022년 4월, 6월 총 3회에 걸쳐 안동, 예천, 문경, 상주, 대구 총 5지역을 조사하였다. 조사지점은 하수처리장 처리수 배출부를 기준으로 각각 300 m 상류(St.1, 지류), 하수처리장 직하류(St.2, 지류+처리수), 300 m 하류(St.3, 지류+처리수)를 대상으로 하였다. St.1에서 총 4문 7강 16목 57과 107종 15,728.7개체/m<sup>2</sup>가 출현하였으며 St.2에서 총 4문 7강 17목 46과 75종 4,539.9개체/m<sup>2</sup>, St.3에서 총 4문 7강 19목 60과 107종 18,522.2개체/m<sup>2</sup>가 출현하였다. 분류군 분석결과, St.1에서 EPT, OHC, GOLD 분류군의 출현개체수비율과 종수는 각각 33.52%, 41종, 12.84%, 34종, 42.65%, 21종이며, St.2에서는 각각 22.49%, 18종, 0.81% 25종, 50.45% 20종, St.3은 39.79%, 40종, 21.37%, 28종, 28.87%, 26종으로 나타났다. EPT와 OHC 분류군은 St.2에서 개체수비율과 종수가 급감 후 St.3에서 St.1 정도로 회복되었으며, GOLD 분류군은 모든 지점에서 상대적으로 일관된 종수를 유지하는 것으로 나타났다.

## Difference of gut bacterial community and wing morphology in *Chlaenius pallipes* (Coleoptera: Carabidae) by habitat condition

Woong-Bae Park<sup>p</sup>, Jun-Kyu Park, and Yuno Do<sup>c</sup>

*Department of Biological Science, Kongju National University, Gongju 32588*

We attempted to identify the comparison of gut bacterial community and wing morphology in *Chlaenius pallipes* by their habitats condition. The habitats conditions of carabid populations were selected as stable or unstable habitats considering the ecological traits of the species. Food quality ( $\delta^{15}\text{N}$ ) and body and wing morphology may be significant factors that affect the gut bacterial community of this species. Proteobacteria and Firmicutes were the predominant group in the gut bacterial community of *C. pallipes*. We also observed significant difference in the gut bacterial community structure between organisms inhabiting unstable and stable habitats in this study. Centroid size indicating the size of the wings was correlated with differences in the gut bacterial community composition of the species. Since the large variation in the gut bacterial community composition of carabid beetles, the gut bacterial community can be used to evaluate the condition of each habitat and individual condition through consistent investigation.

## Community Loss Index (CLI) analysis of benthic macroinvertebrates in Deogyusan National Park

Hui Won Roh<sup>p1</sup> and Jong Eun Lee<sup>c1,2</sup>

<sup>1</sup>*Department of Biological Science, Andong National University, Andong 36729*

<sup>2</sup>*Environment Institute, Andong National University, Andong 36729*

The study was conducted three times a year for three years from 2019 to 2021 at 8 site in Deogyusan National Park. The collected benthic macroinvertebrates were composed of 156 species, 72 families, 16 orders, 6 classes, and 5 phyla. In the result of taxonomic group analysis, it was confirmed that the E.P.T. group had a high species share of 72.31(±1.29)% on average, and that the water environment remained stable without significant annual fluctuations. In the results of community analysis, the dominance index (DI) was highest at 0.53 on average in 2021, while the average diversity index (H'), species richness index (R') and evenness index (J') were the highest at 3.40, 3.14, and 0.80, respectively, in 2019. As a result of analyzing the Community Loss Index (CLI), it was confirmed that the annual species appearance pattern remained almost unchanged with CLI 0.11 in 2020 and CLI 0.13 in 2021. At survey site 6, a total of 64 species and 38 species were identified as common species, and CLI showed the lowest community fluctuations at 0.23 in 2021.

B-14

## Community stability and functional feeding groups of the benthic macroinvertebrates in Gwangju stream of Mudeungsan National Park

Su Jin Kim<sup>p1</sup> and Jong Eun Lee<sup>c1,2</sup>

<sup>1</sup>*Department of Biological Science, Andong National University, Andong 36729*

<sup>2</sup>*Environment Institute, Andong National University, Andong 36729*

From May to September, 2022, the survey was conducted twice at 8 survey sites in the Gwangju Stream in Mudeungsan National Park. During the research period, a total of 5 phyla, 7 classes, 18 orders, 60 families and 123 species appeared at the eight survey sites. The E.P.T. taxa had 74 out of total 123 species appearing, representing a high ratio of 60.16% of the total species. In the analysis result of functional feeding groups (FFGs), Gathering-Collector (GC) is 33 species, showing a high number of species, and the individuals ratio is also the highest (40.67%). In the analysis result of Functional Habitat Groups (FHGs), Clinger (CL) is 60 species, showing a high number of species, and the individuals ratio is also the highest (43.12%). As a result of community analysis, the average DI is 0.49, J' is 0.73, H' is 3.20, and R1 is 3.15 respectively. As a result of community stability analysis with resistance and resilience, all the eight sites are included into Group I (49.1~72.1%) which is represented for high resilience and resistance indices.

## Seasonal community fluctuation and functional feeding groups of benthic macroinvertebrates in Yeongyang Janggumegi wetland

Kwang Deok Kim<sup>p1</sup> and Jong Eun Lee<sup>c1,2</sup>

<sup>1</sup>*Department of Biological Science, Andong National University, Andong 36729;*

<sup>2</sup>*Environment Institute, Andong National University, Andong 36729*

Five locations in the Yeongyang Janggumegi wetland were surveyed three times in 2022 (April, July, and September). As a result of survey, the collected benthic macroinvertebrates from the surveyed sites were composed of 65 species, 50 families, 14 orders, 7 classes and 5 phyla. The identified species were composed 9 species of E.P.T group, 21 species of O.H.C group, 18 species of GOLD group and 7 species of non-insecta. The identified individuals were composed 3,267.1 inds./m<sup>2</sup> of GOLD group, 414.4 inds./m<sup>2</sup> of E.P.T group, 185.0 inds/m<sup>2</sup> of O.H.C group and 347.8 inds./m<sup>2</sup> of non-insecta. In FFG, predator showed the highest number of species (30 spp.) and gathering collector(GC) showed the highest number of individual (2,823.1 inds./m<sup>2</sup>). In the results of community analysis, the highest average dominance index (DI) from St.3 was 0.87 and average diversity index (H'), abundance index (R') and uniform index (J') were lowest at 1.21, 1.10 and 0.43 respectively. On the other side, the lowest average dominance index(DI) from St.5 was 0.54 and average diversity index (H'), abundance index (R') and evenness index (J') were highest at 2.78, 1.96, 0.81 respectively.



B-16

## 예산 지역의 쯔쯔가무시증 매개 털진드기(Acari: Trombiculidae) 밀도 조사(2020~2021)

신현준<sup>p1,2</sup>, 박지은<sup>1,2</sup>, 송대권<sup>1,2</sup>, 정준양<sup>1,2</sup>, 홍찬의<sup>1,2</sup>, 김용태<sup>1,2</sup>, 류자미<sup>1</sup>, 상민규<sup>3</sup>, 이용석<sup>c1,2,3</sup>

<sup>1</sup>순천향대학교 자연과학대학 생명과학과, 아산 31538;

<sup>2</sup>순천향대학교 한국자생동물자원활용 융복합연구소, 아산 31538;

<sup>3</sup>순천향대학교 생명자원 바이오빅데이터 분석 및 활용연구지원센터(핵심시설), 아산 31538

쯔쯔가무시증(Scrub Typhus)은 *Orientia tsutsugamushi*에 의해 발생하는 질병으로, 국내에서는 4속 8종의 털진드기가 매개하는 것으로 보고되어 있다. 질병 초기에는 남한에서 주로 발생하였지만, 지구온난화에 따른 생활사의 영향으로 충청·동남권 방면으로 확산하고 있다. 현재까지 경남, 전남, 전북, 충청 순으로 높은 발생률을 나타내는 것으로 확인되었다. 증상 심각도와 치사율로 인해 법정 감염병 제3군에 속해 있으며, 범국가적 공중보건을 위한 감시 및 관리의 필요성을 가진다. 이러한 영향을 확인하기 위해 2020~2021년 3~4월과 10~12월에 5개의 환경(논, 밭, 저수지, 수로, 야산)에 Sherman live trap을 환경마다 20개씩(총 100개) 설치하여 설치류를 포획하였다. 또한, 2020~2021년 9~12월에 4개의 환경(논, 밭, 수로, 초지)에 털진드기 채집기를 환경마다 5개씩(총 20개)을 설치하여 털진드기를 채집하였다. Sherman live trap으로 2020년도에 채집된 설치류는 총 26마리이며, 등줄쥐(*Apodemus agrarius*)가 수로에서 가장 많이 채집되었다. Hanging method로 분리된 Chigger mite는 3,458마리로, Chigger Index는 133이다. 2021년도에 채집된 설치류는 총 16마리이며, 등줄쥐(*A. agrarius*)가 수로에서 가장 많이 채집되었다. Chigger mite는 2,253마리로, Chigger index는 140.8이다. 털진드기 채집기로 2020년도에 수염털진드기(*Leptotrombidium palpalis*)가 초지에서 가장 많이 채집되었고, 2021년도에는 대잎털진드기(*L. pallidum*)가 초지에서 가장 많이 채집되었다. Chigger mite 샘플(2020년 1,737개체, 2021년 1,130개체)을 통해 쯔쯔가무시병 양성도를 확인한 결과 2020년 0건, 2021년 9건을 확인하였다. 이에 대한 Strain 분석을 실시하였고, Karp (Je-cheon strain)형 8건, Saitama (Young-worl strain)형 1건으로 나타났다. 기후변화의 영향으로 급격히 변하는 자연생태계와 발맞추어 공중보건에 대한 위협도 직접적으로 다가오고 있다. 따라서 질병 발병률과 인명 피해를 초래할 매개체 감염 질환의 영향이 더욱 커질 것으로 예상된다. 이를 대비하여 잠재적인 감염 예방과 신속 정확한 진단·치료를 위해 방지대책과 지속적인 모니터링이 요구된다.

\* 이 연구는 보건복지부가 지원하는 2022년 권역별 기후변화 매개체 감시 거점센터(충청3권)(6332304210), 순천향대학교 학술연구비의 지원을 받아 수행하였습니다.

## 기후변화에 따른 SFTS 매개 참진드기(Acari: Ixodidae) 발생밀도 조사(2019~2021년)

김용태<sup>p1,2</sup>, 박지은<sup>1,2</sup>, 송대권<sup>1,2</sup>, 정준양<sup>1,2</sup>, 홍찬의<sup>1,2</sup>, 신현준<sup>1,2</sup>, 류자미<sup>1</sup>, 상민규<sup>3</sup>, 이용석<sup>c1,2,3</sup>

<sup>1</sup>순천향대학교 자연과학대학 생명과학과, 아산 31538;

<sup>2</sup>순천향대학교 한국자생동물자원활용 융복합연구소, 아산 31538;

<sup>3</sup>순천향대학교 생명자원 바이오빅데이터 분석 및 활용 연구지원센터(핵심시설), 아산 31538

최근 지구온난화로 인하여 한반도를 비롯한 전 세계적으로 기후변화가 일어나고 있다. 이러한 기후변화는 매개체의 서식 환경과 성장 발달에 영향을 주는 것으로 판단되고 있으며 기온과 습도에 민감한 매개체인 참진드기의 발생을 촉진 또는 저해시킬 수 있는 것으로 알려져 있다. 이러한 현상을 효율적으로 모니터링을 하기 위해 중증혈소판감소증후군(SFTS), 라임병(Lyme disease) 등의 인수공통질병을 매개하는 매개체인 참진드기를 2019년부터 2021년까지 드라이아이스 유인 trap을 이용하여 충남 당진지역에서 3년간 월 1회 총 4개(초지, 무덤, 잡목, 산지)의 환경에서 채집하여 발생 현황을 조사하였다. 그 결과 채집된 참진드기는 2속 3종으로 총 개체 수는 39,528마리였으며, 각각 2019년에는 21,668마리, 2020년에는 9,086마리, 2021년에는 8,774마리였다. 분류 동정 결과 2019년에는 *Haemaphysalis longicornis*가 21,352마리, *H. flava*가 218마리, *Ixodes nipponensis*가 98마리 채집되었다. 2020년에는 *H. longicornis*가 8,417마리, *I. nipponensis*가 451마리, *H. flava*가 218마리 채집되었다. 2021년에는 *H. longicornis*가 8,417마리, *I. nipponensis*가 451마리, *H. flava*가 218마리 채집되었다. 모든 연도에서 *H. longicornis*가 발생밀도가 높은 것으로 나타났다. 환경별로는 2019년부터 2021년도 모두 초지, 산지 순으로 높은 밀도를 보였고 Tick trap index가 각각 2019년에는 225.7, 2020년에는 94.6, 2021년에는 91.3으로 나타났다. 위 결과를 보면 2019년에 비해 2020년도에 채집된 개체 수가 약 58%가 급격하게 감소된 것을 확인할 수 있었고 2021년도도 2020년도보다 약 3.4%가 감소된 것을 확인할 수 있다. 이러한 모니터링 결과는 각 연도별 기상 조건이 생체량에 영향을 미치는 것으로 추측되며 추후 추가적인 채집을 통하여 지속적인 모니터링이 필요할 것으로 요구된다.

\* 이 연구는 보건복지부가 지원하는 2022년 권역별 기후변화 매개체 감시 거점센터(충청3권)(6332304210), 순천향대학교 학술연구비의 지원을 받아 수행하였습니다.

## 【 형 태 】

C-01

# Fine structural characteristics of the microspheres on the chorionic surface of the orb web spider *Trichonephila clavata*

Seung-Min LEE<sup>p</sup> and Myung-Jin MOON<sup>c</sup>

Department of Biological Sciences, Dankook University, Cheonan 31116, Korea  
E-mail: moonmj@dankook.ac.kr

The chorionic surface of the golden orb-web spider, *Trichonephila clavata* is covered with a milky-white substance which function is not clearly known. Here we examined the fine structure of egg surfaces to elucidate the function. The white coating in eggmass consists of microspheres (MS) with a uniform distribution around 2  $\mu$ m. The MSs are abundantly attached on chorion surfaces in eggmass. Although the surface of eggmass is seen multi-layered, the spherical coating adheres to the chorion consists of a monolayer. It is observed that MSs were not generated during egg maturation. Proteinaceous granular structure secreted together with a sticky (or gluey) substance during the oocyte maturation. Mucus in oviposition fluid attaches to the MSs or chorion and appears to make the surfaces sticky and rough. It has been revealed that the MSs on the chorionic surface can perform the complementary role during eggcase formation in this spider, since abundant spherical coatings are suggested to complement a loose eggcase instead of densely encapsulated silken egg-sac. The MSs with water insoluble coating are suitable not only as a physical barrier but also as against moisture blocking. In addition, it is also expected to perform a shock-absorbing function between densely connected eggs.

**Keywords:** Egg, Chorion, Fine structure, Microsphere, *Trichonephila clavata*

\* This research was supported by the National Research Foundation of Korea (NRF) grant funded by the Korea government (MSIT) (No. 2019R1I1A3A01062105).

## Fine structure of web decoration in the garden spider, *Argiope bruennichi*

Seung-Min LEE and Myung-Jin MOON

Department of Biological Sciences, Dankook University, Cheonan 31116, Korea

E-mail: moonmj@dankook.ac.kr

Web decoration structure in genus *Argiope* has been studied as named stabilimentum. The function of this web decoration is still under debate, but it has been suggested that stabilimenta could provide either attraction for prey insects or protection to the spider by extending the outline of the web to visible against predator. The conspicuous microstructural features of the stabilimentum in the garden spider, *Argiope bruennichi* is basically a zig-zag lines of silk structure that produced from the aciniform silk glands. These decorative silks are constructed entirely from the silks of both posterior median (PM) and posterior lateral (PL) spinnerets. In this study, microscopic preparation techniques and field emission scanning electron microscopy (FESEM) visualization were used to investigate the microstructural characterization of stabilimenta in both juvenile and adult spiders. Our results represent that the decorative structure of stabilimentum shows diverse microstructural features according to the maturation level of the spider. In addition, it was confirmed that there is a relationship between the location where decorative silk is installed on the web and the location where the spider hides. This could support the hypothesis that stabilimentum reflects UV light to attract certain prey insects.

**Keywords:** microstructure, silk, spider, stabilimentum, *Argiope bruennichi*

\* This research was supported by the National Research Foundation of Korea (NRF) grant funded by the Korea government (MSIT) (No. 2019R1I1A3A01062105).

## Microstructural aspects of the silk-based scaffolds for tissue engineering from the silkworm, *Bombyx mori*

Bon-Jin KU<sup>p</sup>, Yan SUN, and Myung-Jin MOON<sup>c</sup>

*Department of Biological Sciences, Dankook University, Cheonan 31116, Korea*

*E-mail: moonmj@dankook.ac.kr*

Animal silk has been known to be biodegradable and less toxic to the human body, and has excellent mechanical properties in terms of strength, elasticity and flexibility. Recently, the composite structure and its properties of silkworm cocoon are attracted by several researches. In order to observe the structural characteristics of the scaffold according to the fabricating method, in this study, a silk solution was prepared from silks for fabricating scaffolds such as films, sponges, and membranes after degumming process. The solution was fabricated as scaffolds through freeze-drying and dip-coating methods. Finally, the fine structure of the various silk scaffolds were observed using light and field emission scanning electron microscopy (FESEM). Our microscopic observation show film scaffolds with a flat surface and sponge scaffolds with numerous round pores. It was found that the difference in the fine structural characteristics of each silk-fabricated scaffolds was depended on the fabrication method rather than the composition of the silk.

**Keywords:** silkworm, silk, scaffold, biomaterial, microstructure

\* This research was supported by the National Research Foundation of Korea (NRF) grant funded by the Korea government (MSIT) (No.2019R1I1A3A01062105).

## Microstructural aspects of the plastic waste biodegradation in the digestive tract of the mealworm, *Tenebrio molitor*

Bon-Jin KU<sup>p</sup>, Yan SUN, and Myung-Jin MOON<sup>c</sup>

*Department of Biological Sciences, Dankook University, Cheonan 31116, Korea*

*E-mail: moonmj@dankook.ac.kr*

Globally, plastics are produced and used in a variety of fields. Plastic has the advantage of being easy to deform and simple to manufacture, but its recycling rate is low, so it is thrown away in land and marine ecosystems, causing environmental pollution. Biodegradation is receiving great attention as an effective way to dispose of plastics. In particular, it has been reported that the biodegradation of plastics by intestinal microbes of mealworm is an environmentally friendly and good solution.

In this study, polystyrene, polyethylene, and polyurethane were ingested into mealworm larvae, and the biodegradation process in the digestive tract of mealworms was visualized through optical and scanning electron microscopy of the digestive tract and plasma. We observed plastic weakening and loss of shape within the digestive tract of mealworms, suggesting that plastics may be biodegradable. Further research is needed to apply the biodegradation of plastics through the digestive tract of mealworms in a sustainable way.

**Keywords:** mealworm, plastic, biodegradation, environmental pollution, microstructure

\*This research was supported by the National Research Foundation of Korea (NRF) grant funded by the Korea government (MSIT) (No.2019R1I1A3A01062105).

Fine structural characteristics of the silk-based film scaffolds  
for derived from the golden orb-web spider  
*Trichonephila clavata*

Yan SUN<sup>1</sup>, Bon-Jin KU<sup>1</sup>, Jae-Kyung KIM<sup>2</sup>, and Myung-Jin MOON<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Department of Biological Sciences, Dankook University, Cheonan 31116, Korea

<sup>2</sup>Department of Biomedical Laboratory Science, Dankook University, Cheonan 31116, Korea

E-mail: moonmj@dankook.ac.kr

Compared with other biopolymers, spider silk can significantly reduce inflammation and serve as a scaffold for cell culture enable to growth of different cell types. In this experiment, the silk solution of the major ampullate gland in the orb-web spider *Trichonephila clavata* were made into a silk fibroin film and it was compared with the cocoon of silkworm *Bombyx mori*. The cytocompatibility and cytotoxicity of silk fibroin films were also determined by LDH and WST-8 assays. The  $\beta$ -sheet content of the spider silk film is higher, and it is less soluble in water. The surface of the spider silk film is relatively rough, so the cell adhesion is strong. Therefore, the film has no cytotoxicity and supports the growth of A549 cells. Experiments have shown that the spider silk film has good stability in liquid solvent, no cytotoxicity and good cytocompatibility. These can improve the desirability of spider silk materials in in vitro cell culture and regeneration bioengineering.

**Keywords:** silk, scaffold, spider, silkworm, cell culture

\* This research was supported by the National Research Foundation of Korea (NRF) grant funded by the Korea government (MSIT) (No.2019R1I1A3A01062105).

## Fine structure of the silk fibroin-based scaffolds derived from the orb-web spider *Trichonephila clavata*

Yan SUN, Bon-Jin KU, and Myung-Jin MOON

*Department of Biological Sciences, Dankook University, Cheonan 31116, Korea*  
*E-mail: moonmj@dankook.ac.kr*

Compared with other biopolymers, spider silk can significantly reduce inflammation and serve as a scaffold for cell culture enable to growth of different cell types. In this experiment, the silk solution of the major ampullate gland and tubuliform gland in the orb-web spider *Trichonephila clavata* were made into silk fibroin film and hydrogels, then compared with the cocoon of silkworm *Bombyx mori*. The cytocompatibility and cytotoxicity of silk fibroin films and hydrogels were also determined by LDH assays. The  $\beta$ -sheet content of the spider major ampullate gland silk film is higher, and it is less soluble in water. The surface of the spider major ampullate gland silk film is relatively rough, at the same time, the porosity of the hydrogel made from the spider silk protein of the large ampulla gland was 62.55%, the thickness of the pore wall was approximately 3.5-5.0  $\mu\text{m}$ , and the tiny fibers on the walls of the pores, so the cell adhesion is strong. The hydrogel made of tubuliform gland spider silk protein has an average porosity of 52.65% and a pore wall thickness of 1.5-3.5  $\mu\text{m}$ . These can improve the desirability of spider silk materials in in vitro cell culture and regeneration bioengineering.

**Keywords:** scaffold, silk, spider, hydrogel

\* This research was supported by the National Research Foundation of Korea (NRF) grant funded by the Korea government (MSIT) (No.2019R1I1A3A01062105).



## DNA barcoding reveals possible cryptic species from *Potamanthus* (Ephemeroptera: Potamanthidae): The case of *Potamanthus luteus oriens* Bae & McCafferty

Alfredo MAYORGA<sup>1</sup> and Yeon Jae BAE<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>Department of Environmental Science and Ecological Engineering, Graduate School, Korea University, Seoul 02841, Korea;

<sup>2</sup>Institute of Life Science and Nature Resources, Korea University, Seoul 02841, Korea  
E-mail: yjbae@korea.ac.kr

Recently, DNA barcoding studies have helped to solve taxonomic issues among species from several insect orders. Within the mayfly genus *Potamanthus* Pictet (Potamanthidae) specimens of species with wide distribution have not been comprehensively compared in terms of morphology, and various species have not been well-delineated using an integrated approach. This is the case with the Palearctic species *Potamanthus luteus*. The neotype of this species is from England, and posteriorly this species was separated by Bae & McCafferty into two subspecies: *P. luteus luteus* and *P. luteus oriens*. The differentiation of both subspecies was basically based on their distribution (*P. luteus luteus* = Europe, and *P. luteus oriens* = Far East Asia). In this study, by using a DNA barcode analysis using a segment of the mitochondrial (COI) gene from specimens from South Korea and Mongolia we found out that *P. luteus oriens* might be not a subspecies, but possibly a different species for South Korea and Mongolia (mean interspecific genetic distance = 13.2%, mean intraspecific genetic distance = 0.15%). In addition, we propose some concrete morphological characters using European, South Korean and Mongolian specimens at adult and larval stage for comparison.

**Keywords:** DNA barcoding, Ephemeroptera, South Korea, Mongolia, Potamanthidae, *Potamanthus*

【 생 리 】

D-01

## Immunological roles of *TmToll-2* and *TmToll-3* in response to systemic infection in *Tenebrio molitor*

Maryam Ali Mohammadie Kojour<sup>p1</sup>, Ho Am Jang<sup>2</sup>, Yong Seok Lee<sup>2</sup>, Su Hyeon Hwang<sup>p1</sup>,  
Keunho Yun<sup>1</sup>, Yong Hun Jo<sup>c2</sup>, and Yeon Soo Han<sup>c1</sup>

<sup>1</sup>Department of Applied Biology, Institute of Environmentally-Friendly Agriculture (IEFA),  
College of Agriculture and Life Sciences, Chonnam National University, Gwangju 61186, Korea;

<sup>2</sup>Department of Biology, College of Natural Sciences, Soonchunhyang University,  
Asan City 31538, Korea

The antimicrobial roles of Toll-like receptors have been mainly identified in mammalian models and *Drosophila*. However, its immunological function in other insects has yet to be clarified. Here, we determined the innate immune response involvement of *TmToll-2* and *TmToll-3* encountering Gram-negative, Gram-positive, and fungal infection. Our data revealed that *TmToll-2* expression could be induced by *Escherichia coli*, *Staphylococcus aureus*, and *Candida albicans* infections in the fat bodies, gut, Malpighian tubules, and hemolymph of *Tenebrio molitor* young larvae. However, *TmToll-2* silencing via RNAi technology revealed that in the absence of *TmToll-2*, the final Toll signaling effector, antimicrobial peptide (AMP) genes, and relevant transcription factors were significantly downregulated mainly *E. coli* post-insult. We showed that the expression of all AMP genes was suppressed in the main immune organ of insects, namely, fat bodies, in silenced individuals, while the relevant expressions were not affected after fungal infection. Moreover, we showed that *TmToll-3* expression was induced after infection with *Staphylococcus aureus* and *Candida albicans*. However, we found that *TmToll-3* knockdown reduced larval survival to *E. coli*, but not to *S. aureus*, and *C. albicans* infections. To understand the reasons for this difference, we examined the effects of *TmToll-3* knockdown on antimicrobial peptide (AMP) gene expression and found a significant reduction of *E. coli*-induced expression of AMP genes such as *TmTenecin-1*, *TmDefensin*, *TmDefensin-like*, *TmColeopteracin-A*, *TmColeopteracin-B*, *TmAttacin-1a*, *TmAttacin-1b* and *TmAttacin-2*. Taken together, our research revealed the immunological roles of *TmToll-2* and *TmToll-3* in different organs of *T. molitor* in response to pathogenic insults.

**Keywords:** Toll-2, Toll-3, *Tenebrio molitor*, microbial infection, antimicrobial peptides, RNAi

D-02

## Effects of *TmTak1* gene silencing on expression patterns of antimicrobial peptides (AMPs) in *Tenebrio molitor*

Su Hyeon Hwang<sup>p1</sup>, Keunho Yun<sup>1</sup>, Maryam Ali Mohammadie Kojour<sup>1</sup>, Ho Am Jang<sup>2</sup>,  
Yong Seok Lee<sup>2</sup>, Yong Hun Jo<sup>c2</sup>, and Yeon Soo Han<sup>c1</sup>

<sup>1</sup>Department of Applied Biology, Institute of Environmentally-Friendly Agriculture (IEFA), College of Agriculture and Life Sciences, Chonnam National University, Gwangju 61186, Korea;

<sup>2</sup>Department of Biology, College of Natural Sciences, Soonchunhyang University, Asan City 31538, Korea

Previous reports showed that insects have two major immune signaling cascades (Toll and Imd) to produce antimicrobial peptides (AMPs) in responses to various pathogens. The Imd pathway initiates following sensation of peptidoglycan derived from Gram-negative bacteria by PGN recognition proteins (PGRPs), which eventually leads to expression of final effectors including but not limited to AMPs. It has been clarified that Tak1 plays an important role in phosphorylation of IKK complex in the Imd signaling pathway activated during the host-pathogen interactions in insects. However, functional characterization of *TmTak1* in *Tenebrio molitor* is yet to be clarified. Analysis of temporal expression patterns showed that the highest expression level of *TmTak1* mRNA was detected at young larvae (YL), but the lowest expression levels were observed at both larval-pupal transition stage (PP) and pupal-adult transition stage (P7). Spatial expression analysis indicated that *TmTak1* mRNA is mainly expressed in the fat bodies and gut of *T. molitor* larvae in a descending manner. Interestingly, induction pattern analysis revealed that the highest expression level (20 times at 6 h post-infection) was detected in Malpighian tubules when *T. molitor* larvae were immune-challenged with *Candida albicans*. Moreover, analysis of AMPs expression patterns after *TmTak1* gene silencing showed that most of the AMP mRNAs including *TmTenecin-1*, *-2*, *-4*, *TmDefencin*, *TmDefencin-like*, *TmColeopteracin-A*, *-B*, *-C*, *TmAttacin-1a*, *-1b*, *-2*, and *TmThaumatococcus-like 1* were down-regulated compare to control group. Taken together, our results suggest that *TmTak1* may play a critical role in innate immune responses in *T. molitor*.

**Keywords:** IMD pathway, Tak1, *Tenebrio molitor*, RNAi, antimicrobial peptides

## *TmFADD* plays important role in response to gram-negative bacteria by regulating antimicrobial peptides (AMPs) as an adaptor protein of Imd pathway in *Tenebrio molitor*

Keunho Yun<sup>P1</sup>, Ho Am Jang<sup>2</sup>, Su Hyeon Hwang<sup>1</sup>, MaryamAli Mohammadie Kojour<sup>1</sup>,  
Yong Seok Lee<sup>2</sup>, Yong Hun Jo<sup>C2</sup>, and Yeon Soo Han<sup>C1</sup>

<sup>1</sup>Department of Applied Biology, Institute of Environmentally-Friendly Agriculture (IEFA),  
College of Agriculture and Life Sciences, Chonnam National University, Gwangju 61186, Korea;

<sup>2</sup>Department of Biology, College of Natural Sciences, Soonchunhyang University,  
Asan City 31538, Korea

Fas-associated death domain protein (FADD) was first identified for its function in apoptosis in mammals. Furthermore, several studies in arthropods have revealed that FADD, forming a complex with other adaptor proteins, IMD and DREADD, plays a role in initiation of the immune deficiency (Imd) pathway. However, the role of FADD in the mealworm beetle, *Tenebrio molitor*, has not been identified yet. Herein, we identified and cloned the FADD sequence of *Tenebrio molitor*. To further elucidate the specific role of *TmFADD* in *Tenebrio molitor* upon microbial infection, we designed RNA interference technology and applied systemic infection using different microbial challenges including, *Escherichia coli* (*E. coli*), *Staphylococcus aureus* (*S. aureus*), and *Candida albicans* (*C. albicans*). Using RNAi technology, *TmFADD* gene level was knockdown down to 30% at 6 days post double-strand injection. Further, we have studied survivability of *TmFADD*-silenced larvae following systemic infection induced by *E. coli*, *S. aureus*, or *C. albicans*. We found that ds*TmFADD*-injected larvae survival rate significantly decreased post *E. coli* infection (about 30%) compare to control group. To justify the observation from survivability test, we analyzed the AMP mRNA expression and relevant NF- $\kappa$ B transcription factor genes in *TmFADD*-silenced larvae of *Tenebrio molitor*. Accordingly, following *E. coli* infection, AMP mRNA expressions were positively regulated even in *TmFADD*-silenced group. These results may suggest that due to the tight involvement of *TmFADD* in initiation of Imd signaling pathway, and also due to the activation of possible gene redundancy mechanisms in the absence of *TmFADD* following Gram-negative bacteria insult, other compartments involved in innate immune response can be activated. The relevant activation and homeostasis may be responsible for AMP production rescue as the main innate immune arm in *TmFADD*-silenced larvae of *Tenebrio molitor*.

**Keywords:** IMD pathway, FADD, *Tenebrio molitor*, RNAi, antimicrobial peptides

D-04

## Study of JNK pathway transcription factor *TmKayak* gene in *Tenebrio molitor*

Ho Am Jang<sup>1</sup>, Keunho Yun<sup>2</sup>, Su Hyeon Hwang<sup>2</sup>, Maryam Ali Mohammadie Kojour<sup>2</sup>,  
Yong Seok Lee<sup>1</sup>, Yeon Soo Han<sup>2</sup>, and Yong Hun Jo<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Department of Biology, College of Natural Sciences, Soonchunhyang University,  
Asan City 31538, Korea;

<sup>2</sup>Department of Applied Biology, Institute of Environmentally-Friendly Agriculture (IEFA),  
College of Agriculture and Life Sciences, Chonnam National University, Gwangju 61186, Korea

Insect innate immune responses are activated by several signaling pathways such as Toll, immune deficiency (IMD), Jun N-terminal kinase (JNK), and Janus kinase/signal transducers (JAK/STAT). JNK is one of the mitogen-activated protein kinases and regulates a number of cellular processes. Kayak is one of the JNK-activated transcription factors. In *Tenebrio molitor*, the studies of JNK pathway are largely unknown. In this study, using RNAi experiment, we demonstrated that *TmKayak* regulated expression of antimicrobial peptide (AMP) genes. First, we identified *Kayak* gene by analysis of sequence information generated from EST and RNA sequencing data in *T. molitor*. Temporal and spatial expression patterns of *TmKayak* mRNA were analyzed with late instar larvae and 5-day-old adults of *T. molitor*. *TmKayak* expression levels were examined at 3, 6, 9, 12, and 24 h in different tissues and the whole body after infection with *E. coli*, *S. aureus* and *C. albicans*. To know the immunological role of *TmKayak*, RNAi technique was used to silence *TmKayak* gene. Functional loss of *TmKayak* has distinct effect on the survival of *T. molitor*s infected *E. coli*, *S. aureus*, and *C. albicans*. Also, this functional loss reduced mRNA expression of AMP genes in all organs, except hemocytes. Conclusively, *TmKayak* is required for *T. molitor* defense against gram-negative, -positive bacteria and fungus.

**Keywords:** JNK pathway, *TmKayak*, *Tenebrio molitor*, antimicrobial peptides, microbial challenge

## Induction patterns of detoxification genes against heavy metal injection in *Tenebrio molitor*

Ho Am Jang<sup>a1</sup>, Hyung-Seon Baek<sup>2</sup>, Bo Bae Kim<sup>2</sup>, Yong Seok Lee<sup>1</sup>,  
Yeon Soo Han<sup>2</sup>, and Yong Hun Jo<sup>c1</sup>

<sup>1</sup>Department of Biology, College of Natural Sciences, Soonchunhyang University,  
Asan City 31538, Korea;

<sup>2</sup>Department of Applied Biology, Institute of Environmentally-Friendly Agriculture (IEFA),  
College of Agriculture and Life Sciences, Chonnam National University, Gwangju 61186, Korea

The wheat contaminated by heavy metals not only escalates food insecurity crisis, but also affects the stability of future alternative food. Mealworms (*Tenebrio molitor*) are representative future replacement edible insects that feed on wheat bran. It is necessary to study detoxification mechanism of heavy metals contamination in *T. molitor*. Detoxification is a physiological function that neutralizes and removes toxic substances from living organisms. To investigate the expression patterns of detoxification enzymes, *T. molitor* were injected with different concentration (0.5, 5, 50  $\mu$ M) of cadmium ( $\text{CdCl}_2$ ) or zinc ( $\text{ZnCl}_2$ ) and the samples were collected at 3, 6, 9, 12, and 24 hours post-chemical injection. We analyzed the expression pattern of five detoxification gene families (glutathione-S-transferases, peroxidases, catalases, superoxide dismutase and zinc transferase). This study will be supported to understand the *T. molitor* detoxification.

**Keywords:** Detoxification, heavy metals, *Tenebrio molitor*, induction patterns

## Induction patterns of detoxification genes against pesticides injection in *Tenebrio molitor*

Ho Am Jang<sup>p1</sup>, Hyoung-Seon Baek<sup>2</sup>, Bo Bae Kim<sup>2</sup>, Yong Seok Lee<sup>1</sup>,  
Yeon Soo Han<sup>2</sup>, and Yong Hun Jo<sup>c1</sup>

<sup>1</sup>Department of Biology, College of Natural Sciences, Soonchunhyang University,  
Asan City 31538, Korea;

<sup>2</sup>Department of Applied Biology, Institute of Environmentally-Friendly Agriculture (IEFA),  
College of Agriculture and Life Sciences, Chonnam National University, Gwangju 61186, Korea

The use of agricultural chemicals has increased the quality and productivity of agricultural products. A large amount of agricultural products contaminated with agricultural chemicals are used as feed sources for insect. Because the edible insects containing high protein, unsaturated fatty acids, various minerals, and vitamins, insects were suggested as future alternative food. Therefore, agricultural use of chemical may cause as an insect contaminants. This may pose a risk to human health. The yellow mealworm, *Tenebrio molitor*, is main pest of stored grain, major edible insect, and model organisms for insect innate immunity. To screen the molecular diagnostic markers for pesticide contamination, we identified the genes-related to detoxify toxic substances in *T. molitor*. The induction patterns of detoxification gene were investigated at 3, 6, 9, 12, and 24 hours-post injection of pesticides or herbicides. This study presents basic information on how *T. molitor* detoxifies toxic substances.

**Keywords:** Detoxification, Pesticide, Herbicide, *Tenebrio molitor*, induction patterns

【 분자생물 】

E-01

## RNAi-based functional analysis of molting fluid chitinases from the Japanese pine sawyer beetle

Youngseo Lee<sup>p1</sup>, Seulgi Mun<sup>2</sup>, Yasuyuki Arakane<sup>2</sup>, and Mi Young Noh<sup>c1</sup>

<sup>1</sup>Department of Forest Resources, Chonnam National University, Gwangju 61186;

<sup>2</sup>Department of Applied Biology, Chonnam National University, Gwangju 61186

Insect cuticle is an extracellular matrix formed primarily from two different biopolymers, chitin and protein. During each molt cycle, a new cuticle is deposited simultaneously with degradation of the old one by molting fluid cuticle degrading-enzymes, including epidermal group I and II chitinases (CHTs). Insect chitinases belong to family 18 glycosylhydrolase (GH-18) and have been classified into at least eleven groups based on phylogenetic analysis. In this study, we report physiological functions of the molting fluid chitinases, MaCHT5 (group I) and MaCHT10 (group II), including two alternatively spliced isoforms of the later, MaCHT10a and MaCHT10b, from the Japanese pine sawyer beetle, *Monochamus alternatus*. RNA interference (RNAi) studies reveal that MaCHT5 is required for both larval-pupal and pupal-adult molts, while depletion of MaCHT10a has little or no effect on those molts. RNAi for both *MaCHT10a* and *MaCHT10b*, however, causes failure of pupation and adult eclosion. All of these results suggest functional specialization of insect molting fluid chitinase genes.



## Tyrosine hydroxylase and DOPA decarboxylase are required for adult cuticle morphology and pigmentation of *Monochamus alternatus*

Mi Young Noh<sup>d1</sup>, Jiyun Wi<sup>1</sup>, and Yasuyuki Arakane<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Department of Forest Resources, Chonnam National University, Gwangju 61186;

<sup>2</sup>Department of Applied Biology, Chonnam National University, Gwangju 61186

In insects, tanning is a complex and vital physiological process in cuticle coloration (pigmentation) and hardening (sclerotization). With tyrosine as the initial substrate, the early steps in the tanning pathway are the hydroxylation of tyrosine to produce 3,4-dihydroxyphenylalanine (DOPA) by tyrosine hydroxylase (TH), followed by the decarboxylation of DOPA to dopamine by DOPA decarboxylase (DDC). In this study, we report the physiological functions of MaTH and MaDDC from the Japanese pine sawyer beetle, *Monochamus alternatus*, which is a major vector of the pinewood nematode, *Bursaphelenchus xylophilus* that causes Pine wilt disease. We identify, clone and characterize the *MaTH* and *MaDDC* cDNAs. Loss of function(s) of *MaTH* and *MaDDC* by RNA interference (RNAi) causes abnormally pale/white and light yellow-brown cuticle of *M. alternatus* adults, respectively. These results indicate that both MaTH and MaDDC play critical roles in normal cuticle coloration of *M. alternatus* adult.

## Function of *yellow-y* in adult cuticle melanization of *Monochamus alternatus*

Jihwan Han, Jiyun Wi, and Mi Young Noh<sup>d</sup>

*Department of Forest Resources, Chonnam National University, Gwangju 61186*

Cuticle tanning (pigmentation and sclerotization) is an important physiological event in insect development. In this vital metabolism initiated with tyrosine, dopachrome conversion enzymes (DCEs) encoded by the *yellow* genes accelerate significantly melanization reaction. Insect *yellow* is a rapidly evolving gene family generating functionally diverse paralogs. In this study we identified, cloned cDNA and investigated the function of *yellow-y* (*MaY-y*) in adult cuticle melanin-type pigmentation of the Japanese pine sawyer beetle, *Monochamus alternatus*, which is a major vector of the pinewood nematode, *Bursaphelenchus xylophilus* that causes Pine wilt disease. Real-time qPCR revealed that *MaY-y* was sharply induced in day 9 pupae and declined thereafter during late developmental stages. Loss of function of *MaY-y* caused by RNAi had no effect on larval and pupal development. However, the resulting adults exhibited a reddish-brown body wall and elytra as well as bristles instead of a black coloration in the control animals. These results indicate that *MaY-y* has a critical role in normal black pigmentation of *M. alternatus* adult.

## Population genetic analyses of a burrowing mayfly, *Ephoron shigae* (Ephemeroptera: Polymitarcyidae), from Korea and Japan

Ji Hyoun Kang<sup>p1</sup>, Jeong Mi Hwang<sup>1</sup>, Soon-Jik Kwon<sup>2</sup>, Sekine, Kazuki<sup>3</sup>,  
Sun-Jae Park<sup>4</sup>, Min Jeong Baek<sup>4</sup>, and Yeon Jae Bae<sup>c1,5</sup>

<sup>1</sup>Korean Entomological Institute, Korea University, Seoul 02841, Korea;

<sup>2</sup>Ecoplex, Seoul 02841, Korea;

<sup>3</sup>Geo-Environmental Science, Rissho University, Saitama 360-0194, Japan;

<sup>4</sup>National Institute of Biological Resources, Incheon 22689, Korea;

<sup>5</sup>Division of Environmental Science and Ecological Engineering, College of Life Sciences,  
Korea University, Seoul 02841, Korea

*Ephoron shigae* is a burrowing mayfly renowned with its extremely short adult period (1-2 h) and population-specific asexual reproduction (i. e. parthenogenesis). It is also well known as a nuisance insect due to its frequently reported mass emergence patterns across Japan. Molecular analyses on this mayfly species have focused on its phylogeny and phylogeography with mainly single mitochondrial marker; however, the population genetic structure using highly polymorphic and co-dominant marker like microsatellite loci, have not been investigated so far. Here, we developed a total of ten novel microsatellite markers based on the 222,890 microsatellite loci isolated from *E. shigae* genomic DNA sequences, for the first time, for *Ephoron* species and analysed the genetic structure of 220 individuals from 11 *E. shigae* populations in Korea and Japan. This information of the population genetic structures and the level of genetic diversity with genome-wide microsatellites of *E. shigae* would provide insight into the present and past microevolutionary process of the populations of *E. shigae*, a potentially nuisance insect in South Korea.

\* This work was supported by a grant from the National Institute of Biological Resources (NIBR), funded by the Ministry of Environment (MOE) of the Republic of Korea (NIBR202211101).

## Chitin deacetylases are necessary for insect femur muscle attachment and mobility

Seulgi Mun<sup>1</sup>, Mi Young Noh<sup>p2</sup>, Erika R. Geisbrecht<sup>3</sup>, Karl J. Kramer<sup>3</sup>,  
Subbaratnam Muthukrishnan<sup>3</sup>, and Yasuyuki Arakane<sup>c1</sup>

<sup>1</sup>*Department of Applied Biology, Chonnam National University, Gwangju 61186;*

<sup>2</sup>*Department of Forest Resources, Chonnam National University, Gwangju 61186;*

<sup>3</sup>*Department of Biochemistry and Molecular Biophysics, Kansas State University,  
Manhattan, Kansas 66506*

Chitin deacetylases (CDAs) plays critical roles in structural integrity and organization of cuticle in insects. In this study, we reveal a novel function for group I CDAs in insect locomotion and muscle attachment using RNAi approach targeted towards specific CDA isoforms in the red flour beetle, *Tribolium castaneum*. Muscle attachment sites (MASs) in insects and other arthropods involve specialized epithelial cells called tendon cells that adhere to the apical extracellular matrices containing chitin. Depletion of TcCDA1 or the alternatively spliced TcCDA2 isoform, TcCDA2a, causes internal tendon cuticle breakage at the femur-tibia joint, muscle detachment from both internal and external tendon cells, and defective locomotion. These results suggest that the absence of *N*-acetylglucosamine deacetylation within chitin leads to a loss of microtubule organization and reduced membrane contacts at MASs in the femur, which adversely affect musculoskeletal connectivity, force transmission and physical mobility.

E-06

## 수중의 환경유전자(environmental DNA)를 이용한 논 수생태의 수서곤충 탐색

김건희<sup>a</sup>, 노아롱새미

건국대학교 휴먼엔에코케어센터, 서울 05029

환경유전자(environmental DNA)는 다양한 환경에 분포하여 대량으로 추출할 수 있는 DNA로써 다양한 환경에 존재하는 생물들의 유전자 정보를 포함하고 있다. 특히 수중에는 수중서식생물들의 조직, 표피 등의 피부세포와 대사 물질과 같은 세포로부터 용출된 DNA가 존재하는 것으로 알려져 있다. 근래에는 이를 이용하여 수중 생태계 서식생물을 직접 채집하지 않고 서식 여부를 판단함으로써 환경의 교란을 최소화하는 비 파괴적 조사를 수행하고 있다. 본 연구는 논 수생태계 eDNA를 기반으로 수서곤충의 종 다양도를 분석하였으며 해당 지역에서 출현기록 자료를 기반으로 실제 개체 출현을 비교하였다. 충청남도 논산시에 위치한 6개 논에서 eDNA를 현장 여과농축하여 채집하였고, 실험실로 운반하여 eDNA를 추출하였다. eDNA를 기반으로 논 수생태계 수서곤충의 종 다양성을 분석한 결과 최소 43개 종부터 최대 101개 종까지 지점에 따라서 종 다양성이 매우 높게 나타났으며 특히 상대비율 2% 미만의 Rare species 분류군이 매우 많은 수가 발견되었다. 모든 지점에서 잠자리목 생물의 유전자가 가장 많이 발견되었으며, 노린재목 생물의 유전자가 가장 적었다. 이를 최근 2년 동안의 출현 기록과 비교 분석한 결과 많은 분류군에서 유전자가 발견되었으나 실제 개체가 출현한 기록은 존재하지 않았다. 특히 2% 미만의 Rare species의 개체는 거의 찾아볼 수 없었다. 이렇게 eDNA와 실제 관찰사이의 간격이 발생하는 원인은 다음과 같다. (1) Primer의 증폭 효율, (2) 환경유전자의 순도 및 농도, (3) 다른 생물 등의 배설물과 같은 외부 eDNA 유입 등으로 매우 다양한 이유가 존재한다. 따라서 eDNA 기반의 논 수생태계 생물탐색은 대상 생물의 서식 여부와 종 분포를 높은 확률로 예상하는 것이며, 실제 생물조사를 통해 검증이 이루어질 때 비로소 완전한 자료로써 인정받을 수 있을 것으로 판단되었다.

\* 본 연구는 농촌진흥사업(PJ015071042022)의 지원으로 수행되었습니다.

## NGS를 이용한 작은빨간집모기(*Culex tritaeniorhynchus*) transcriptome의 생물정보학적 분석

정준양<sup>1,2</sup>, 박지은<sup>1,2</sup>, 송대권<sup>1,2</sup>, 홍찬의<sup>1,2</sup>, 김용태<sup>1,2</sup>, 신현준<sup>1,2</sup>, 류자미<sup>1</sup>,  
Patnaik Honggray Howrelia<sup>2</sup>, Bharat Bhusan Patnaik<sup>2</sup>, 상민규<sup>3</sup>,  
신이현<sup>4</sup>, 박홍석<sup>5</sup>, 한연수<sup>6</sup>, 이용석<sup>1,2,3</sup>

<sup>1</sup>순천향대학교 자연과학대학 생명과학과, 아산 31538;

<sup>2</sup>순천향대학교 한국자생동물자원활용 융복합연구소, 아산 31538;

<sup>3</sup>순천향대학교 생명자원 바이오빅데이터 분석 및 활용 연구지원센터(핵심시설), 아산 31538;

<sup>4</sup>한국방역협회 부설기술연구소, 서울특별시 08501; <sup>5</sup>(주)지엔시바이오, 대전광역시 34069;

<sup>6</sup>전남대학교 식물생명공학부, 광주광역시 61186

모기는 일본뇌염바이러스, 치쿤구니아 바이러스와 같이 인간의 생명과 건강에 위협적인 질병을 전파하는 대표적인 매개체다. 그 중에서도 작은빨간집모기(*Culex tritaeniorhynchus*)는 한국에서 일본뇌염바이러스와 같은 인수공통감염병을 매개하는 대표적인 종이다. 이러한 빨간집모기(*C. tritaeniorhynchus*)의 생태, 대사 그리고 인수공통 감염병 연구에 활용될 수 있는 기초적인 데이터를 확보하기 위하여 국내 빨간집모기(*C. tritaeniorhynchus*) transcriptome의 생물정보학적 분석을 진행하였다. 본 연구에서는 채집된 빨간집모기(*C. tritaeniorhynchus*)에서 mRNA를 추출하여 Illumina HiSeq 4000을 통하여 72,108,118개(10,888,325,818bp)의 raw data를 확보하고 확보된 raw data를 trimming 하여 70,515,821개(9,744,207,502 bp)의 clean reads를 얻었다. clean reads를 Trinity와 TGICL을 이용하여 assembly와 clustering을 진행한 결과 79,288개(57,016,936 bp) unigenes를 확보하였다. 확보된 unigene들을 PANM, Unigene, SwissProt 및 KOG 데이터베이스에 상동분석을 진행한 결과 각각 53,234개, 34,955개, 56,645개, 50,939개의 Unigenes들이 annotation되는 것을 확인하였다. 추가적으로 Gene Ontology (GO) 분석결과 biological process 부분 15개의 GO-term에 22,977개, molecular function 부분 10개의 GO-term에 49,127개, cellular component 부분 4개의 GO-term에 25,814개의 sequence가 매칭되는 것을 확인하였다. 본 연구에서 확보된 작은빨간집모기(*C. tritaeniorhynchus*)의 transcriptome 분석 데이터는 본 생물의 생태와 대사, 병원성 바이러스의 연구와 관련하여 기초적인 자료로서 활용될 것으로 사료된다.

\* 이 연구는 교육부가 지원하는 중점연구소(NRF-2021R1A6A1A03039503), 국가연구시설장비진흥센터(2022R1A6C101B794)와 보건복지부에서 지원하는 한국 방역연계 범부처 감염병 연구개발사업단(HG18C0028020019), 순천향대학교 학술연구비의 지원을 받아 수행하였습니다.

E-08

## Illumina HiSeq 4000을 이용한 개피참진드기(*Haemaphysalis flava*) 암컷 Transcriptome의 생물정보학적 분석

홍찬의<sup>p1,2</sup>, 박지은<sup>1,2</sup>, 송대권<sup>1,2</sup>, 정준양<sup>1,2</sup>, 김용태<sup>1,2</sup>, 신현준<sup>1,2</sup>, 류자미<sup>1</sup>, Patnaik Hongray Howrelia<sup>2</sup>,  
 Bharat Bhusan Patnaik<sup>2</sup>, 상민규<sup>3</sup>, 신이현<sup>4</sup>, 박홍석<sup>5</sup>, 한연수<sup>6</sup>, 이용석<sup>c1,2,3</sup>

<sup>1</sup>순천향대학교 자연과학대학 생명과학과, 아산 31538;

<sup>2</sup>순천향대학교 한국자생동물자원활용 융복합연구소, 아산 31538;

<sup>3</sup>순천향대학교 생명자원 바이오빅데이터 분석 및 활용 연구지원센터(핵심시설), 아산 31538;

<sup>4</sup>한국방역협회 부설기술연구소, 서울특별시 08501; <sup>5</sup>㈜지엔시바이오, 대전광역시 34069;

<sup>6</sup>전남대학교 식물생명공학부, 광주광역시 61186

참진드기는 병원성 박테리아, 바이러스 및 원생동물을 옮기는 매개체 역할을 한다. 특히 국내에서 우점종을 나타내는 개피참진드기(*Haemaphysalis flava*)는 흡혈을 통해 라임병, 진드기매개뇌염 및 중증열성혈소판감소증후군(Severe Fever with Thrombocytopenia Syndrome, SFTS) 등의 인수공통질환을 매개 전파한다고 알려져 있다. 2022년 11월 현재, 여러 인수공통질환을 매개 전파하는 *H. flava*에 대한 NCBI에 등록된 데이터는 nucleotide 1,369건, protein 1,000건, SRA 15건으로 다른 참진드기 매개체의 데이터보다 적은 양의 데이터가 등록되어 있다. 그렇기 때문에 *H. flava*에 대한 유전자원 확보 및 분석에 대한 연구가 필요하다고 판단된다. *H. flava*를 채집하여 transcriptome 분석을 진행하기 위하여 RNA를 추출한 뒤 라이브러리를 구축하고 Illumina HiSeq 4000 platform을 사용하여 sequencing을 진행하였다. 분석 결과 총 12,280,070,470 bp, 21,324,970개의 raw data를 확보하였으며, trimming 과정을 진행하여 79,329,681 bp, 10,758,688,876개의 clean data를 확보하였다. Trinity와 TGICL를 사용하여 assembly 및 clustering을 진행한 결과, 68,822개(55,278,029 bp)의 unigenes를 확보할 수 있었다. PANM DB를 활용하여 BLAST를 진행한 결과 총 46,175개의 unigenes를 annotation하였다. 그중 많이 발현되고 있는 유전자는 hypothetical protein, putative tick transposon 등으로 확인되며 다른 생물정보학적 분석 또한 진행하였다. 본 연구를 통해 얻은 *H. flava*에 대한 transcriptome data는 추후 종간 유연관계 분석, 기능유전체 연구 등 다양한 후속 연구에 활용될 수 있을 것으로 사료된다.

\* 이 연구는 교육부가 지원하는 중점연구소(NRF-2021R1A6A1A03039503), 국가연구시설장비진흥센터(2022R1A6C101B794)와 보건복지부에서 지원하는 한국 방역연계 범부처 감염병 연구개발사업단(HG18C0028020019), 순천향대학교 학술연구비의 지원을 받아 수행하였습니다.



## NGS를 활용한 빨간집모기(*Culex pipiens pallens*) Transcriptome의 생물정보학적 분석

송대권<sup>p1,2</sup>, 박지은<sup>1,2</sup>, 정준양<sup>1,2</sup>, 홍찬의<sup>1,2</sup>, 김용태<sup>1,2</sup>, 신현준<sup>1,2</sup>, 류자미<sup>1</sup>, Patnaik Hongray Howrelia<sup>2</sup>,  
Bharat Bhusan Patnaik<sup>2</sup>, 상민규<sup>3</sup>, 신이현<sup>4</sup>, 박홍석<sup>5</sup>, 한연수<sup>6</sup> 이용석<sup>c1,2,3</sup>

<sup>1</sup>순천향대학교 자연과학대학 생명과학과, 아산 31538;

<sup>2</sup>순천향대학교 한국자생동물자원활용 융복합연구소, 아산 31538;

<sup>3</sup>순천향대학교 생명자원 바이오빅데이터 분석 및 활용 연구지원센터(핵심시설), 아산 31538;

<sup>4</sup>한국방역협회 부설기술연구소, 서울특별시 08501; <sup>5</sup>(주)지엔시바이오, 대전광역시 34069;

<sup>6</sup>전남대학교 식물생명공학부, 광주광역시 61186

기후변화로 인한 매개체 발생분포의 확대 및 해외 매개체의 유입 가능성의 증가는 토착질 환의 발생과 해외 매개질환의 유입 가능성을 증가시켜 질병매개곤충에 대한 지속적인 모니터링과 연구를 필요로 한다. 본 연구의 대상종인 빨간집모기(*Culex pipiens pallens*)는 West Nile virus의 주요 매개종으로 서식지가 도시화되면서 인간과 가장 밀접한 종으로 알려져 있다. 빨 간집모기(*C. pipiens pallens*)가 포함되어 있는 *C. pipiens* complex는 기후대의 변화로 인한 기 후경계지역에서 이들 종간의 교잡종의 출현으로 질병전파를 가속화할 수 있다. *C. pipiens* complex는 형태학적으로 차이가 미미하여 질병매개곤충의 모니터링에 어려움이 있다. 이를 극복하기 위해 계통분류학적 연구가 수행되어야 하며 유전자원 확보 및 정확한 유전정보의 생물정보학적 분석이 선행되어야 할 필요가 있다. 본 연구에서는 채집된 암컷 빨간집모기(*C. pipiens pallens*)에서 mRNA를 추출한 후 RNA sequencing 분석을 수행하였다. 분석결과 77,887,510개의 raw data를 trimming 하여 clean data를 확보하였다. Trinity를 사용한 *de novo* assembly를 진행하여 841,728개의 contigs를 확보하였으며, TransDecoder로 365,812개의 coding region을 확보하였다. TGICL을 사용한 clustering으로 Unigenes을 확보하였으며, 본 연구실에서 구축된 PANM DB를 활용한 BLAST를 수행하여 annotation 결과를 확보하였다. GO, KOG, KEGG, InterProScan 분석 등을 실시하여 기초적인 데이터를 확보하였다. 본 연구를 통하여 얻은 transcriptome data는 추후 계통분류학적 연구 및 기능유전체 연구 등의 후속 연구에 활용될 수 있을 것으로 사료된다.

\* 이 연구는 교육부가 지원하는 중점연구소(NRF-2021R1A6A1A03039503), 국가연구시설장비 진흥센터(2022R1A6C101B794)와 보건복지부에서 지원하는 한국 방역연계 범부처 감염병 연구개발사업단(HG18C0028020019), 순천향대학교 학술연구비의 지원을 받아 수행하였습니다.



## 【 식용곤충 】

F-01

추출박을 먹이원으로 급여한 갈색거저리 유충의 생육과  
영양성분 비교오상아<sup>d</sup>, 구희연, 김선암, 이유범, 권혜영, 김지수, 주경천

전라남도농업기술원 곤충잡업연구소, 장성 57214

갈색거저리 유충의 사료로 주로 이용되는 밀기울 가격 상승 때문에 많은 비용 소요 대비 식용곤충 판매가격 하락과 안정적인 대량소비처 부족으로 사육 원가 절감과 유충 품질향상을 위한 저비용 사료 개발이 요구되고 있다. 본 연구는 생약추출박 3종(당귀, 작약, 천궁) 단독 및 0, 30, 50, 70%의 다양한 3종 추출박(당귀:작약:천궁=1:1:1) 함량을 밀기울과 혼합하여 사료로 제공한 갈색거저리 유충의 생육 특성과 영양성분 변화에 미치는 영향에 대해 밀기울만 급여한 대조군과 비교하였다. 추출박 단독과 0% 3종 추출박을 함유한 사료 급여시 생존율은 대조구에 비해 40~80% 감소하였지만, 50% 이상 3종 추출박을 함유한 사료 급여에서는 대조구와 유사한 생존율을 보였다. 유충 무게는 추출박 단독과 0% 3종 추출박 함유한 사료 처리구에서 대조구보다 64% 이상 적었으며, 30% 3종 추출박 함유된 처리구( $139.9 \pm 3.7$  mg/마리)에서 대조구( $149.2 \pm 1.8$  mg/마리)와 비슷하게 나타났다. 추출박 단독으로 먹이를 급여한 처리구에서 밀기울을 먹인 유충에는 존재하지 않던 생약의 지표성분인 데쿠르신, 패오니플로린, 리구스틸라이드가 검출되었다. 밀기울(대조)과 추출박 단독 급여 시험구의 중금속 함량 분석 결과, 납과 비소, 카드뮴 및 수은은 검출되지 않았다. 이를 통해 밀기울에 생약 추출박을 30% 이하로 첨가하면 저렴한 비용으로 고품질의 갈색거저리 유충 생산을 위한 먹이원의 소재로 활용될 수 있음을 확인하였다.

## 효소활성시험을 통한 갈색거저리의 장내 미생물 선발

김선암<sup>c</sup>, 구희연, 이유범, 오상아, 김지수, 권혜영, 주경천

전라남도농업기술원 곤충잡업연구소, 장성 57214

최근 산업곤충 중 거저리류의 활용방안에 대한 연구들이 활발히 진행되고 있다. 그중에서도 갈색거저리와 아메리카왕거저리에 대해서 장내 미생물 5종을 분리하여 장내미생물을 활용한 산업화 활용방안에 대한 연구를 수행하였다. Cellulase, amylase, protease, lipase 효소활성 시험을 통해 활성이 우수한 거저리류의 장내미생물 *Weissella cibaria*, *Bacillus paralicheniformis*, *Pediococcus pentosaceus*, *Bacillus velezensis*, *Hafnia alvei* 5종을 선발하였다. 5종의 미생물의 성장상을 확인하기 위해 생장곡선 시험을 수행하여 *Weissella cibaria*, *Pediococcus pentosaceus*, *Bacillus paralicheniformis*, *Hafnia alvei*, *Bacillus velezensis* 순으로 생장이 빠름을 확인하였으며 각각의 미생물의 항산화 효과를 확인한 결과로 각각 미생물의 농도를 1%, 10%, 100%로 DPPH와 ABTs 수치를 확인해본 결과 각각의 농도에서 *Weissella cibaria*, *Pediococcus pentosaceus*, *Bacillus velezensis*, *Hafnia alvei*, *Bacillus paralicheniformis* 순으로 항산화 효과가 높음을 확인하였다.

F-03

## 인공 습식사료를 활용한 갈색거저리 사육 기술 최적화 연구

조준호<sup>p1</sup>, 장호암<sup>2</sup>, 이용석<sup>2</sup>, 한연수<sup>1</sup>, 조용훈<sup>c2</sup>

<sup>1</sup> 전남대학교 농생명과학대학 응용생물학과, 광주광역시 61186;

<sup>2</sup> 순천향대학교 자연과학대학 생명과학과, 아산시 31538

UN 보고에 따르면 전 세계 인구는 빠르게 증가하고 있으며, 식용곤충 산업은 인구증가에 따른 대체 동물성 단백질 자원으로써 중요성이 부각되어지고 있다. 다양한 식용곤충 자원 중 갈색거저리(*Tenebrio molitor*)는 전 세계에서 주요 곤충자원으로 잘 알려져 있다. 식용곤충 산업의 발전을 위하여 전 세계적으로 대량생산을 통한 식품 및 사료 등 활용방안을 확대하고 있는 실정이지만, 국내에서는 습식 사료로써 상품성이 낮은 야채 부산물을 활용하고 있어 표준화된 인공 습식사료 개발이 절실히 요구되는 실정이다. 본 연구에서는 대조구인 양배추와 Water-Jelly (WJ), *Lysobacter antibioticus*-Jelly (LJ), *Bacillus velezensis*-Jelly (BJ)를 18일간 섭식 시킨 후 사육 중인 전체 갈색거저리의 섭취량과 개체중량을 측정하였다. 인공 습식사료 섭취량 결과 대조구 590.00 g, WJ 523.67 g, LJ 520.33 g, BJ 509.33 g의 인공 습식사료 섭취량을 확인하였으며, 습식사료 섭취량이 대조구인 양배추에 비해 낮은 것으로 확인되었다. 갈색거저리의 개체중량 성장률 측정 결과, 대조구 451.33 g, WJ 450.00 g, LJ 463.00 g, BJ 457.33 g의 개체중량 성장률을 보여주고 있으며, 대조구인 밀기울과 유사한 성장률을 보여주고 있어, 차이가 없음을 확인하였다. 이를 통하여 갈색거저리 대량사육에 인공 습식사료를 접목시킨다면, 수분먹이인 채소류에 의해 병원균 및 응애, 진드기 등의 외부요인으로 오염될 염려를 줄여 안정적인 사육이 가능할 것으로 판단되며, 제조 단가가 낮은 인공먹이를 급여함으로써 가격 경쟁력이 향상될 수 있을 것으로 판단된다.

## 갈색거저리 마이크로바이옴 분석을 통한 농가별 박테리아 탐색

조준호<sup>p1</sup>, 장호암<sup>2</sup>, 이용석<sup>2</sup>, 한연수<sup>1</sup>, 조용훈<sup>c2</sup>

<sup>1</sup>전남대학교 농생명과학대학 응용생물학과, 광주광역시 61186;

<sup>2</sup>순천향대학교 자연과학대학 생명과학과, 아산시 31538

대체 육류 단백질의 필요성이 증가하면서, 식용곤충 산업이 각광 받고 있다. 국내에서는 식용곤충으로 이용되는 10종의 곤충 중 갈색거저리가 다양한 측면에서 주로 이용되고 있으며, 전국 농가 수가 약 126농가가 있는 것으로 확인되었다. 식용곤충산업 연구는 원물 생산 및 제품화를 중심으로 진행되고 있으나, 사육 곤충의 유해균 감염으로 인한 폐사에 대한 연구가 부족한 실정이다. 또한, 지역 농가별 갈색거저리의 박테리아 종 다양성 및 풍부도에 대한 조사가 미미하다. 농가에서 사육중인 갈색거저리에 존재하는 유해 박테리아 분석을 조사하기 전 농가별 박테리아 종 다양성 및 풍부도 대한 기초 자료를 수집하고자 본 연구를 진행하였다. 본 연구에서는 담양군, 천안시, 화성시 3개 농가의 살아있는 갈색거저리와 죽은 갈색거저리 샘플을 얻어 gDNA 샘플을 확보하였다. QC 진행 후 V3-V4 영역의 primer를 이용해 PCR을 진행하였다. 전기영동을 통해 PCR 산물을 선별하여, endo-repair, A-tailing, 그리고 illumina adapter ligation을 진행하고 illumina MiSeq으로 분석을 진행하였다. 평균 16,249.33 reads의 Non-chimeric 서열을 이용해 분석하였으며, 샘플별 종의 분포수는 화성 죽은 갈색거저리에서 가장 높은 다양성이 확인되었다. 다양성 추정값은 화성 살아있는 갈색거저리 샘플에서 가장 높게 나타났다. 계통학적 다양성은 천안 살아있는 갈색거저리에서 가장 높게 나타났다. 지역별 박테리아 종 균일성은 화성 지역이 가장 높게 나타났고, 갈색거저리 상태별 박테리아 종 균일성은 죽은 갈색거저리에서 가장 높게 나타났다. 지역별 갈색거저리 박테리아 다양성은 천안에서 가장 높게 나타났고, Beta diversity 서열 유사성 분석결과 천안 죽은 갈색거저리를 제외한 서열의 유사성을 보였다. 서열 유사성과 풍부도 분석결과 천안 죽은개체와 화성 죽은개체가 그룹화되고, 천안 살아있는 개체와 전남 살아있는 개체가 유사성 그룹화되었다. 그리고 화성 살아있는 개체와 전남 죽은개체가 그룹화되는 것을 확인하였다. 이를 통하여 각 지역의 유사한 박테리아 다양성 및 풍부도를 확인할 수 있었으며, 해당 결과를 기반으로 추후 유해 박테리아 분석하여, 갈색거저리 농가의 집단 폐사를 억제하는 진단, 방제법을 개발하기 위한 기초 자료로써 활용 가능할 것으로 사료된다.

## 【 기 타 】

G-01

## 정서곤충을 활용한 학습·애완용 사육상자 개발

권혜영<sup>d</sup>, 구희연, 김선암, 이유범, 오상아, 김지수, 주경천

전라남도농업기술원 곤충잡업연구소, 장성 57214

현대인은 경쟁과 갈등 등 다양한 방식으로 스트레스에 노출되어 있으며, 급변하는 시대에 정서적, 심리적으로 긍정적인 영향을 미칠 수 있는 좋은 콘텐츠로 정서곤충을 활용해 초등학교(미취학 포함)를 비롯한 청소년·노인까지 다양한 연령층을 대상으로 손쉽게 곤충체험 및 관찰할 수 있는 사육상자를 개발하였다. 정서곤충 대상은 벼메뚜기(*Oxya japonica* Thunberg)이며 생육 특성을 고려하여 제작한 사육상자(25×20×35 cm)에 4령 이상의 약충을 3, 5, 10개체씩 입식하여 생엽(옥수수) 섭취에 따른 개체무게 중량(mg)의 변화 그리고 제한된 사육상자 내부에서 분변분리에 적합한 분변체반 크기를 선발하였다. 각각의 사육밀도에 따른 개체무게 변화를 측정한 결과 사육밀도(3, 5, 10개체)에 따라 각각 개체별 평균 무게는 459.5, 495.5, 429.6 mg으로 5개체 이하로 낮을수록 개체 평균 무게가 높게 나타났으며 3개체 처리구는 10개체 처리구에 비해 약 7.3% 높게 나타났다. 분변체반은 20, 10, 9, 8 mesh 크기로 분변통과 정도를 조사한 결과 8 mesh에서 분변이 100% 통과하였다. 사육밀도에 따라 하루 평균 분변 수는  $29.7 \pm 5.8$ ,  $45.3 \pm 2.5$ ,  $89.0 \pm 6.2$ , 3일 후의 평균 분변 수는  $150.3 \pm 19.0$ ,  $254.7 \pm 2.3$ ,  $521.7 \pm 77.1$ , 7일 후에는  $666.3 \pm 102.8$ ,  $986.7 \pm 25.8$ ,  $2155.0 \pm 169.0$  사육밀도별 분변 수가 조사되었다. 실내사육으로 가장 적합한 개체 입식 수는 3~5마리, 분변처리 체반은 8 mesh 크기가 100% 분변 통과되었고 체반(8 mesh) 아래로 떨어진 분변의 처리 시기는 일주일여 한 번이 적합하다.

## Imaging-based honeybee traffic measurement system and its application to strawberry pollination

Kyeong Yong Lee<sup>d</sup>, Kathannan Sankar, and Young Bo Lee

*Department of Agricultural Biology, The National Institute of Agricultural Science, RDA,  
Wanju 55365, Korea*

Bee traffic can be used as an indicator of the health of bee colonies, age, production of honeybee products, and crop pollination. To study bee pollination processes, we developed an algorithm that can automatically measure bee traffic through an image processing system. The match rate between the bee traffic observed through the system and the traffic that was visually observed was 93.6%. However, the higher the bee traffic, the lower the match rate. We applied the system in a strawberry cultivation greenhouse containing two colonies (one with 12,500 bees and one with 10,000 bees), and there was a significant difference in bee traffic between the two colonies. In addition, bee traffic depends on the climatic conditions inside the greenhouse (air temperature, relative humidity, illumination, and UV radiation), and there was a significant correlation between these indicators and the level of bee traffic observed. There was also a strong correlation ( $r > 0.8$ ) between bee traffic and foraging activity (which is correlated with pollination), and the foraging activity could be estimated with a high probability ( $R^2 = 0.74$ ). Therefore, the bee traffic measurement system developed in this study can be used to study the effect of pollination on crops, and is expected to be applied as a major model for producing highquality agricultural products in smart beekeeping and crop smart farms.

\* This work was supported by a grant from the National Institute of Agricultural Sciences, Rural Development Administration, Republic of Korea (Project No.: PJ015989032022)

G-03

## Pollination effect and activity of solitary bee, *Osmia cornifrons* on the middle-season and late-season cultivar

Kyeong Yong Lee<sup>d</sup>, Kathannan Sankar, and Young Bo Lee

*Department of Agricultural Biology, The National Institute of Agricultural Science, RDA,  
Wanju 55365, Korea*

In order to use a solitary bee, *O. cornifrons* more effectively in apples, we investigated the pollination effect and nesting activity of the bee on “Hongro”, the middle-season cultivar and “Fuji”, late-season cultivar. The nesting activity, rate of trap nesting, and reproduction in “Fuji” were 2.5, 1.5, and 3.8 times greater than in “Hongro”. As a result of investigating the pollination effect according to the cultivars, “Fuji” was 1.6 times greater than that of “Hongro” in the central fruit set. In terms of the quality of fruit, Asymmetric index of ‘Fuji’ was 2.5 times lower than that of “Hongro”, and the number of apple seeds of “Fuji” was 1.9 times more than that of “Hongro”. In contrast, there were no significant differences in weight, shape index, and oblate index by cultivars. Because the temperature during the blooming period of apples affects the activity of the *O. cornifrons* ( $R^2 = 0.578$ ), it is expected that the nesting activity and pollination effect are great in “Fuji” (17.4°C), when the temperature during the blooming period is higher than that of “Hongro” (12.5°C). Therefore, for stable fruit production of apples in “Hongro” cultivar, it is recommended to use a *Bombus terrestris*, which is less affected by the weather environment than *O. corinfrons*. However, it is considered that *O. cornifrons* can be used in the “Fuji” cultivar which was high temperatures and stable weather conditions.

\* This work was supported by a grant from the National Institute of Agricultural Sciences, Rural Development Administration, Republic of Korea (Project No.: PJ015878022022).

## 전남지역 품종별 뽕잎의 계절적·위치별 영양성분 분석

이유범<sup>d</sup>, 구희연, 김선암, 오상아, 권혜영, 김지수, 주경천

전라남도농업기술원 곤충잡업연구소, 장성 57214

누에 사료용 뽕나무 품종조사를 위하여 토양성분을 분석하였다. 시험구가 식재된 토양에 대해 3반복으로 PH, EC, 유효인산, 유기물, 치환성칼륨 등에 대한 조사를 실시하였다. 이에 따라 적합한 시비량을 유추하였고 또한 뽕잎 품종인 청일뽕, 검설뽕, 청을뽕 3종에 대한 뽕잎의 영양성분을 조사하였다. 조사방법은 5월달 누에 뽕잎 공급시 채취한 뽕잎을 가지고 무기 성분 9종, 식이성분, 총플라보노이드 분석을 하였으며 조사시기는 5월과 8월달이었다. 8월경 조사때에는 수확위치별 뽕잎의 영양성분변화 조사를 추가하였다. 조사결과 청일뽕의 경우 칼슘성분함량은 가을(하엽)580.8 > 가을(상엽)472.1 > 봄369.1로 봄철보다는 여름철 뽕잎에서 특히 하엽쪽으로 양분축적이 이뤄졌음을 확인하였다. 또한 품종별 철분함량조사에서 청을뽕의 경우 높은 유의값이 나와 이를 활용한 제품개발이 가능할 것으로 보인다.



G-05

## 경남 창원지역에서 사체곤충의 천이 경향 분석

김나연<sup>p1</sup>, 백인성<sup>1</sup>, 오현석<sup>1</sup>, 정재봉<sup>2</sup>, 박상현<sup>c1</sup>

<sup>1</sup>고신대학교 의료과학대학 의생명과학과, 부산 49104;

<sup>2</sup>부산경찰청 과학수사과, 부산 47545

사체에 접근하는 곤충들은 같은 시기에 모여드는 것이 아니라, 각 곤충들이 선호하는 섭식 부위와 행동습성이 다르므로 각각 다른 시간대와 부패상태에 따라 시간차 도착(time-lag arrival)을 하는 경향이 있다. 이러한 현상은 사체곤충의 천이라고 하며 이는 사후경과시간을 추정함에 있어 매우 중요한 지표로 활용될 수 있다. 이 연구의 목적은 부패단계마다 접근하는 사체곤충의 천이현상의 일관성을 확인하기 위해 2022년 7월에 창원에서 2구의 돼지사체를 일주일 간격으로 설치하여 실험을 진행했다. 그 결과 총 3목 15과 23속 38종이 채집되었고, 순열검정법(permutation test)을 이용하여 두 사체에 부패단계별 접근하는 곤충의 천이양상을 분석한 결과 차이가 없는 것으로 확인되었다( $R=0.78$ ;  $P=0.001$ ). 사체를 설치한 시기가 다름에도 초기 단계에는 검정파리과(Diptera, Calliphoridae)의 금파리(*Lucilia caesar*)와 연두금파리(*L. illustris*)가 출현했고, 왕반날개(*Creophilus maxillosus*), 수중다리송장벌레(*Necrodes nigricornis*)와 같은 딱정벌레목(Coleoptera)이 팽창 및 부패단계에 출현했다. 이러한 사체곤충의 연속적인 천이현상은 일정한 패턴이 있음을 보여준다.

## 사체 무게가 부패율과 곤충상에 미치는 영향

오현석<sup>p</sup>, 백인성, 김나연, 정재봉, 박상현<sup>c</sup>

고신대학교 의료과학대학 의생명과학과, 부산 49104

일반적으로 법의학 분야에서는 사후경과시간(postmortem interval)을 추정하기 위해 사망 후 나타나는 여러 가지 시체 현상과 부패 정도 등을 이용하고 있다. 이 중 사체의 부패는 사체가 유기된 지역의 온도, 강수량, 신체 노출 정도와 무게 등에 영향을 받는 것으로 보고되고 있다. 그러나 사체의 무게가 부패율에 미치는 영향에 대해서는 아직 논란의 여지가 있다. 따라서 이 연구에서는 무게가 다른 두 마리의 돼지 사체를 이용하여 사체 무게에 따른 부패율과 무게가 사체 곤충상에 미치는 영향을 비교하였다. 그 결과 무게가 무거울수록 부패 기간이 길어지는 것으로 확인되었다. 조사기간 동안 총 3목 15과 42종 2,726개체가 조사되었으며, 사체의 무게에 따라서 접근하는 사체 곤충의 종구성과 개체수는 크게 차이가 없는 것으로 확인되었다. 이러한 부패율의 차이는 비슷한 곤충 개체가 사체에 접근할 경우 무게가 무거울수록 곤충이 소비해야 할 질량이 더 많으므로 부패가 늦어지는 것으로 판단된다. 따라서 시체의 현상과 부패 정도를 가지고 사후경과시간 추정 시 시체의 무게에 대한 고려가 필요할 것으로 판단된다.

# XR 현미경으로 한 차원 높은 미래를 경험하세요.



조달청 혁신제품



특허기술상 홍대용상 수상



우수발명품 우선구매추천상품



**가온상사**

충남 아산시 시민로 422번길 27-9 302호  
Tel. 010-3940-2000 | Fax. 041-542-0445 | E-mail. heaoreum@daum.net



# DB Tech



경기도 용인시 기흥구 보정동 1261-1  
휴먼타워 701호

**디비텍**

전화 (031)889-8910 팩스 (031)889-8920 e-mail: cbrskang@daum.net





사단법인 한국곤충학회  
The Entomological Society of Korea