BIOINFORMATICS LABORATORY
SOONCHUNHYANG UNIVERSITY

Genome Information Research

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

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

[1]순천향대학교 자연과학대학 생명과학과, 아산, 31538; [2]순천향대학교 한국자생동물자원활용 융복합연구소, 아산, 31538; [3]순천향대학교 생명자원 바이오빅데이터 분석 및 활용 연구지원센터(핵심시설), 아산, 31538; [4]한국방역협회 부설기술연구소, 서울특별시, 08501; [5](주)지앤시바이오, 대전광역시, 34069; [6]전남대학교 식물생명공학부, 광주광역시, 61186

Abstract

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 인수공통질병을 매개 전파한다고 알려져 있다. 2022년 11월 현재, 여러 인수공통질병을 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.

Material & Method

Scientific Name
: *Haemaphysalis falva*

Classification system
: Acari >> Ixodida >> Ixodidae

Haemaphysalis flava 유전자원	
Nucleotide	1,369
Protein	1,000
Genome	0
SRA	15

Genus *Haemaphysalis* 유전자원	
Nucleotide	52,245
Protein	29,437
Genome	22
SRA	406

Figure 1. An overview of transcriptome characterization for non-model organism *Haemaphysalis flava*.

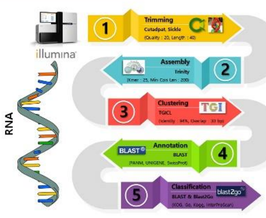

Figure 2. Schematic diagram of *H. flava* Transcriptome.

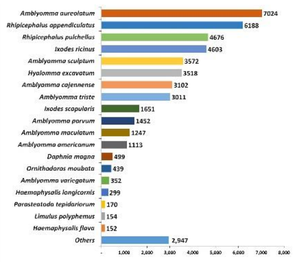

Figure 6. Top-hit species distribution based on *H. flava* unigenes against PANM-DB.

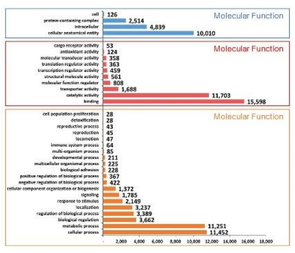

Figure 7. Gene ontology classified annotation of the *H. flava* unigenes.

Reult and Discussion

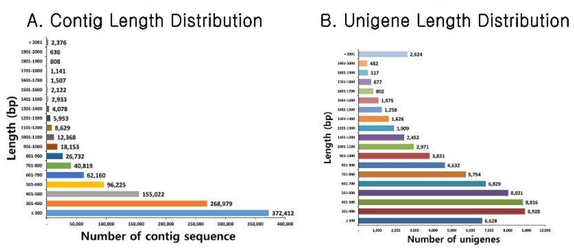

Figure 3. Distribution based on length of contigs (A) and unigenes (B) after *de novo* transcriptome assembly of *H. flava*.

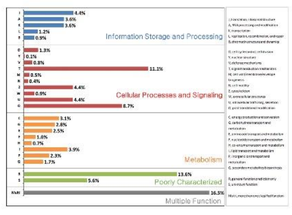

Figure 8. KOG functional classification of the *H.flava* unigenes.

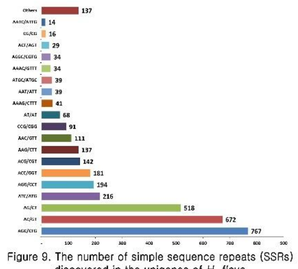

Figure 9. The number of simple sequence repeats (SSRs) discovered in the unigenes of *H. flava*.

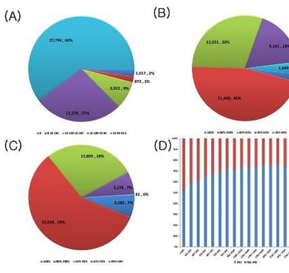

Figure 4. Homology matches of *H. flava* unigenes in specific defined features when annotated against the PANM DB. (A) E-value distribution; (B) identity distribution; (C) similarity distribution; (D) hits versus non-his ratio

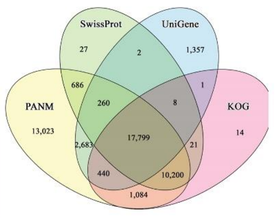

Figure 5. BLASTx- and/or BLASTn-based annotation of *H. flava* unigene sequences to public dat abase sych as PANM, KOG, SwissProt, and UniGene represented in the form of a four way Venn diagram.

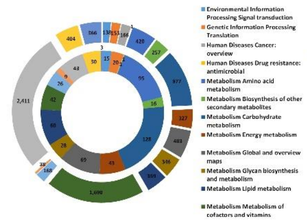

Figure 10. KEGG pathway mapping of unigenes. The inner circle denotes the number of enzymes and the and the outer circle denotes the number of unigene sequence.

Table1. InterProScan domain analysis about *H. flava* unigenes. The top 20 domain IDs where many unigenes were annotated.

Domain	Description	Unigene
PR00019	Protein kinase domain	577
PR00477	Reverse transcriptase domain	415
PR01367	Zinc finger C2H2 type	272
PR04183	DDE superfamily endonuclease domain	266
PR00504	RNA recognition motif domain	267
PR00261	Fibronectin type III	250
PR01180	WD40 repeat-containing domain	203
PR00716	Immunoglobulin like domain	211
PR01398	Immunoglobulin like	200
PR00048	EF-hand domain	155
PR04176	Ribonuclease H domain	154
PR00683	Ankyrin repeat-containing domain	150
PR00600	HTH Cenpb-type DNA-binding domain	144
PR01599	Immunoglobulin subtype	135
PR00258	Immunoglobulin subtype 2	135
PR00364	Myosin head, motor domain	133
PR00535	Small GTP-binding protein domain	127
PR00561	Integrase, catalytic core	119
PR00873	AMP-dependent synthetase/ligase	116
PR00578	Zinc finger CCHC-type	115

This research was supported by the Ministry of Education, Basic Science Research Program (NRF-2021R1A6A1A03039503), National Research Facility Equipment Promotion Center (2022R1A6C101B794), and Soonchunhyang University Research Fund

BIOINFORMATICS LABORATORY
SOONCHUNHYANG UNIVERSITY
Genome Information Research

순천향대학교 SCH

NRF 한국연구재단

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

송대권[p1,2], 박지은[1,2], 정준양[1,2], 홍찬의[1,2], 김용태[1,2], 신현준[1,2], 류자미[1], 상민규[3], 신이현[4], 박홍석[5], 한연수[6], 이용석[c1,2,3]

[1]순천향대학교 자연과학대학 생명과학과, 아산, 31538
[2]순천향대학교 한국자생동물자원활용 융복합연구소, 아산, 31538
[3]순천향대학교 생명자원 바이오빅데이터 분석 및 활용연구지원센터(핵심시설), 아산, 31538
[4]한국방역협회 부설기술연구소, 서울특별시, 08501
[5](주)지앤시바이오, 대전광역시, 34069
[6]전남대학교 식물생명공학부, 광주광역시, 61186

한국자생동물자원활용 융복합연구소 KNAR

Core Facility

국가연구시설장비진흥센터

Abstract

기후변화로 인한 매개체 발생분포의 확대 및 해외 매개체의 유입 가능성의 증가는 토착질환의 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. 빨간집모기(*C. pipiens pallens*)가 포함되어 있는 *C. pipiens* complex는 기후대의 변화로 인한 기후경계지역에서 이들 종간의 교잡종의 출현으로 질병전파를 가속화 할 수 있다. *C. pipiens* complex는 형태학적으로 차이가 미미하여 질병매개곤충의 모니터링에 어려움이 있다. 이를 극복하기 위해 계통분류학적연구가 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 trimming하여 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 계통분류학적연구 및 기능유전체연구 등의 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.

Materials and Methods

Scientific Name
: *Culex pipiens pallens*

Classification system
: Insecta >> Diptera >> Culicidae

Culex pipiens pallens 유전자원	
Nucleotide	30,695
Protein	25,516
Genome	1
Gene	20,353

Genus *Culex* 유전자원	
Nucleotide	302,664
Protein	99,647
Genome	26
Gene	51,587

Figure. 1. An overview of transcriptome characterization for non=model organism *Culex pipiens pallens*.

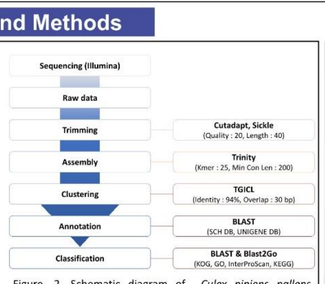

Figure. 2. Schematic diagram of *Culex pipiens pallens* Transcriptome.

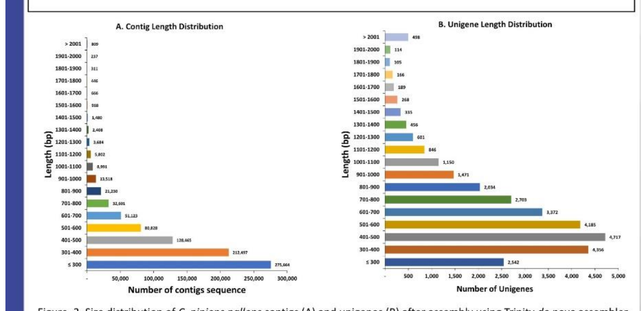

Figure. 3. Size distribution of *C. pipiens pallens* contigs (A) and unigenes (B) after assembly using Trinity *de novo* assembler.

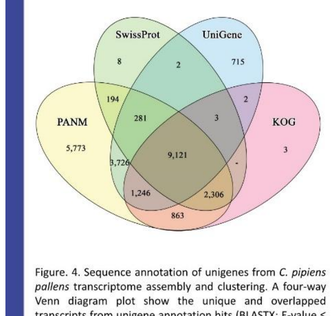

Figure. 4. Sequence annotation of unigenes from *C. pipiens pallens* transcriptome assembly and clustering. A four-way Venn diagram plot show the unique and overlapped transcripts from unigene annotation hits (BLASTX; E-value ≤ 1E-5) against PANM-DB, Swissprot, Unigene and KOG databases, respectively.

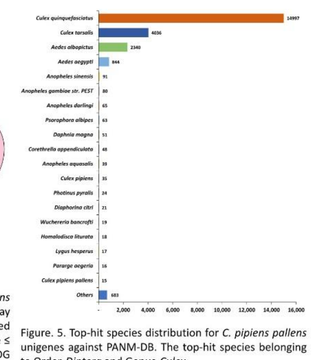

Figure. 5. Top-hit species distribution for *C. pipiens pallens* unigenes against PANM-DB. The top-hit species belonging to Order-*Diptera* and Genus-*Culex*.

Result and Discussion

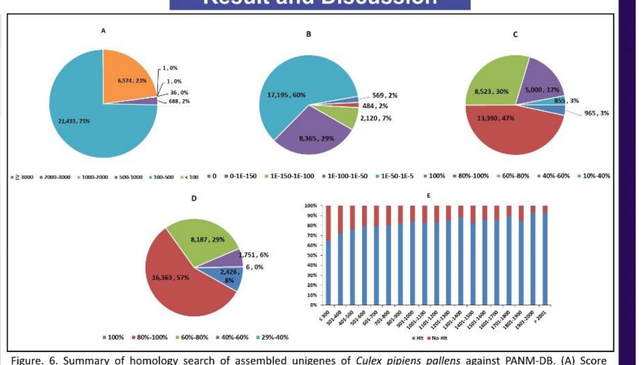

Figure. 6. Summary of homology search of assembled unigenes of *Culex pipiens pallens* against PANM-DB. (A) Score distribution of BLASTX hits for each unigene with a cutoff E-Value of 1E-5. (B) E-value distribution of BLASTX hits for each unigene with a cutoff E-value of 1E-5. (C) Identity distribution of BLASTX hits for each unigene. (D) Similarity distribution of BLASTX hits for each unigene. (E) Distribution of hit and non-hit sequences as compared with the length of unigenes.

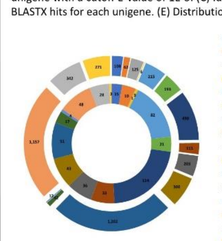

Figure. 7. Kyoto Encyclopedia of genes and genomes (KEGG) pathway assignment for assembled unigenes from *C. pipiens pallens*. The unigenes have been categorized to metabolism, genetic information processing, environmental information processing and organismal systems pathways.

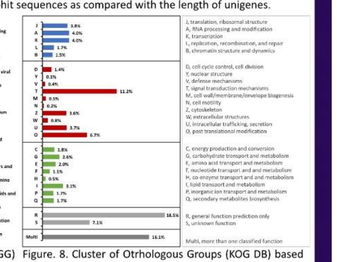

Figure. 8. Cluster of Orthologous Groups (KOG DB) based functional analysis of *C. pipiens pallens* unigenes. The unigenes on the basis of KOG DB analysis are classified to metabolism, celluar processes and signaling, information storage and processing, and poorly characterized categories.

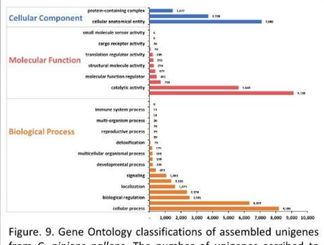

Figure. 9. Gene Ontology classifications of assembled unigenes from *C. pipiens pallens*. The number of unigenes ascribed to each sub-category for each classifications has been indicated.

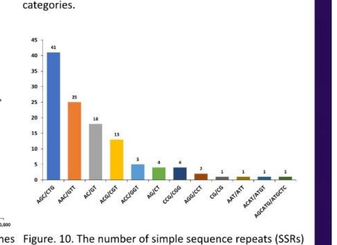

Figure. 10. The number of simple sequence repeats (SSRs) discovered in the unigenes of *C. pipiens pallens* classified based on motif sequence types

BIOINFORMATICS LABORATORY
SOONCHUNHYANG UNIVERSITY
Genome Information Research

순천향대학교 SCH

한국자생동물자원활용 융복합연구소 KNAR

Core Facility

국가연구시설장비진흥센터

NRF 한국연구재단

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

신현준[p1,2], 박지은[1,2], 송대권[1,2], 정준양[1,2], 홍찬의[1,2], 김용태[1,2], 류자미[1], 상민규[3], 이용석[c1,2,3]

[1]순천향대학교 자연과학대학 생명과학과, 아산, 31538; [2]순천향대학교 한국자생동물자원활용 융복합연구소, 아산, 31538; [3]순천향대학교 생명자원 바이오빅데이터 분석 및 활용연구지원센터(핵심시설), 아산, 31538;

ABSTRACT

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, 지수지, 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 palpale*)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 교육부가 지원하는 중점연구소 (NRF-2021R1A6A1A03039503), 국가연구시설장비진흥센터 (2022R1A6C101B794), 2022년 권역별 기후변화 매개체 감시 거점센터(충청3권) (6332304210), 순천향대학교 학술연구비의 지원을 받아 수행하였습니다.

MATERIAL AND METHODS

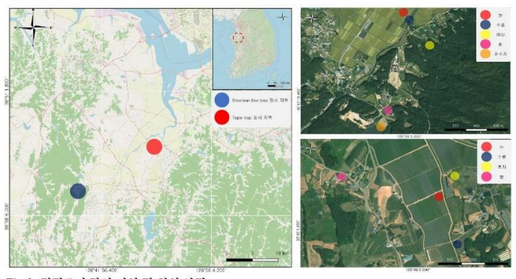

Fig 1. 털진드기 감시 지역 및 위성 사진

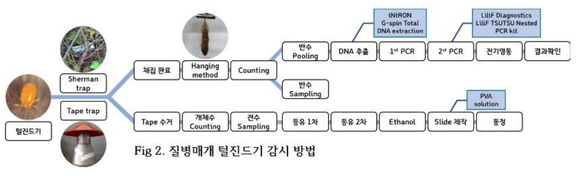

Fig 2. 질병매개 털진드기 감시 방법

Table 1. 털진드기, 설치류 채집 기간

채집대상	채집방법	채집기간
털진드기 (Trombiculidae)	Sherman live trap (설치류 외부기생)	2020년 3월 ~ 12월
		2021년 3월 ~ 12월
	Tape trap (털진드기 트랩)	2020년 9월 ~ 12월
		2021년 9월 ~ 12월

RESULT

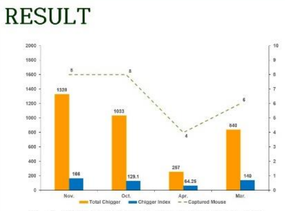

Fig 3. 2020년 털진드기 분포조사 및 발생 양상

Table 2. 2020년 환경별 채집된 설치류 종 분포

	Paddy field	Dry field	River	Hill	Reservier	Total
A. agrarius	0	7	10	1	3	21
C. lasiura	0	0	1	0	2	3
C. spp	0	1	1	0	0	2
Total	0	8	12	1	5	26

Table 3. 2020년 털진드기 분포조사 및 발생 양상

	Total Chigger	Chigger Index	Captured Mouse
Nov.	318	63.6	5
Oct.	250	83.33	3
Apr.	1534	219.14	7
Mar.	151	151	1

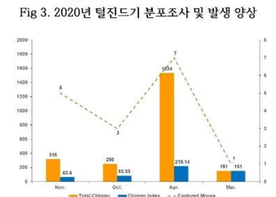

Fig 4. 2021년 털진드기 분포조사 및 발생 양상

Table 4. 2021년 환경별 채집된 설치류 종 분포

	Paddy field	Dry field	River	Hill	Reservier	Total
A. agrarius	2	4	6	0	0	12
C. lasiura	0	0	0	0	0	0
C. spp	0	0	2	0	2	4
Total	2	4	8	0	2	16

Table 5. 2021년 털진드기 분포조사 및 발생 양상

	Total Chigger	Chigger Index	Captured Mouse
Nov.	1328	166	8
Oct.	1033	129.1	8
Apr.	257	64.25	4
Mar.	840	140	6

Table 6. 2020년 Tape trap을 이용해 채집된 주차별 털진드기 발생량 차이

	36주차	37주차	38주차	39주차	40주차	41주차	42주차	43주차	44주차	45주차	46주차	47주차	48주차	49주차	50주차	51주차	Total
L. scutellare	0	0	0	0	0	0	0	0	2	4	3	0	0	1	0	0	10
L. pallidum	0	0	0	0	0	0	5	8	9	5	2	0	0	0	1	0	30
L. palpale	0	0	0	0	0	0	2	7	8	6	15	8	6	7	2	4	65
L. orientale	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	2
L. zetum	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	6	16	6	0	0	30
H. miyagawai	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	0	15	1	4	24
N. tamiyai	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	10	5	3	4	2	28

Table 7. 2021년 Tape trap을 이용해 채집된 주차별 털진드기 발생량 차이

	36주차	37주차	38주차	39주차	40주차	41주차	42주차	43주차	44주차	45주차	46주차	47주차	48주차	49주차	50주차	51주차	Total
L. scutellare	0	0	0	0	0	0	0	8	7	1	5	0	1	2	0	24	48
L. pallidum	0	0	0	0	0	0	9	13	11	5	4	5	2	0	0	48	96
L. palpale	0	0	0	0	0	0	0	6	1	11	8	5	2	0	33	66
L. orientale	0	0	0	0	0	0	0	7	0	0	0	0	0	0	7	14
L. zetum	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
H. miyagawai	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
N. tamiyai	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

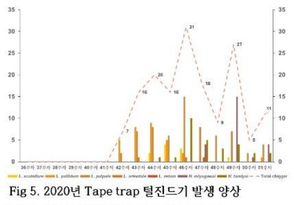

Fig 5. 2020년 Tape trap 털진드기 발생 양상

Table 8. 2020년 환경별 털진드기 종 분포

	Paddy field	Dry field	River	Hill	Total
L. scutellare	1	0	1	8	
L. pallidum	0	1	5		
L. palpale	38	3	19		
L. orientale	1	0			
L. zetum	0				
H. miyagawai	0				
N. tamiyai	0				

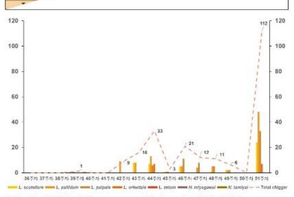

Fig 6. 2021년 Tape trap 털진드기 발생 양상

Table 9 2021년 환경별 털진드기 종 분포

	Paddy field	Dry field	River	Hill	Total
L. scutellare	1	0	0	3	4
L. pallidum	0	0	0	16	16
L. palpale	10	5	1	3	19
L. orientale	0	0	0	7	7
L. zetum	0	0	0	0	0
H. miyagawai	0	0	0	0	0
N. tamiyai	0	0	0	0	0
Total	11	5	1	29	46

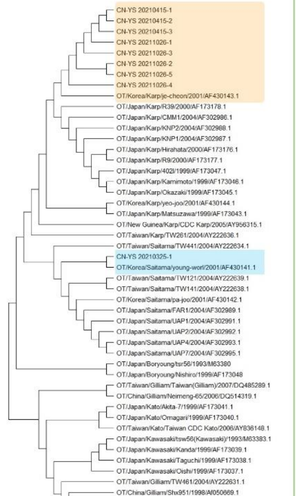

Fig 7. 2021년 양성 쯔쯔가무시 strain 확인

BIOINFORMATICS LABORATORY
SOONCHUNHYANG UNIVERSITY
Genome Information Research

순천향대학교 SCH

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

김용태[P,1,2], 박지은[1,2], 송대권[1,2], 정준양[1,2], 홍찬의[1,2], 신현준[1,2], 류자미[1], 상민규[3], 이용석[C,1,2,3]

[1]순천향대학교 자연과학대학 생물학과, [2]순천향대학교 한국자생동물자원활용 융복합연구소, [3]순천향대학교 생명자원 바이오빅데이터 분석 및 활용 연구지원센터(핵심시설)

ABSTRACT

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 index 가 각각 2019년에는 225.7, 2020년에는 94.6, 2021년에는 91.3으로 나타났다. 위 결과를 보면 2019년에 비해 2020년도에 채집된 개체 수가 약 58%가 급격하게 감소 된 것을 확인할 수 있었고 2021년에도 2020년도보다 약 3.4%가 감소 된 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.

Materials & Methods

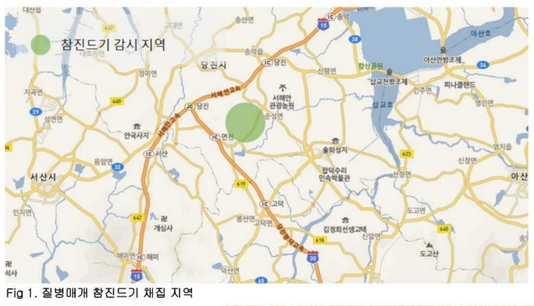

Fig 1. 질병매개 참진드기 채집 지역

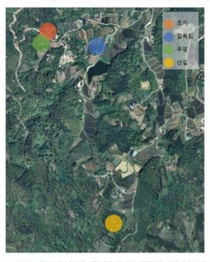

Fig 2. 질병매개 참진드기 채집 지역 위성 사진

Fig 3. 질병매개 참진드기 채집 지역 환경 사진

Fig 4. 질병매개 참진드기 채집 방법

Table 1. 매개 참진드기 채집 기간

채집 대상	채집 방법	채집 기간
참진드기	드라이아이스 유인 트랩	2019년 4월 ~ 11월
		2020년 4월 ~ 11월
		2021년 4월 ~ 11월

Table 3. 참진드기 채집지역의 월별 강수량

	Apr	May	Jun	Jul	Aug	Sep	Oct	Nov
2019년도 평균 강수량	43.9	20.1	56.3	174.5	121.1	181.1	81.0	124.6
2020년도 평균 강수량	20.7	101.3	144.0	329.4	400.0	257.7	12.6	72.0
2021년도 평균 강수량	110.6	132.3	70.9	121.6	217.8	206.0	55.9	126.2

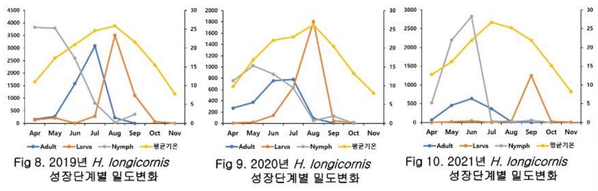

Fig 8. 2019년 *H. longicornis* 성장단계별 밀도변화 Fig 9. 2020년 *H. longicornis* 성장단계별 밀도변화 Fig 10. 2021년 *H. longicornis* 성장단계별 밀도변화

Fig 11. 2019년 성장단계별 참진드기 밀도 변화

Fig 12. 2020년 성장단계별 참진드기 밀도 변화

Fig 13. 2021년 성장단계별 참진드기 밀도 변화

Fig 14. 년도별 환경에 따른 Tick index

Results

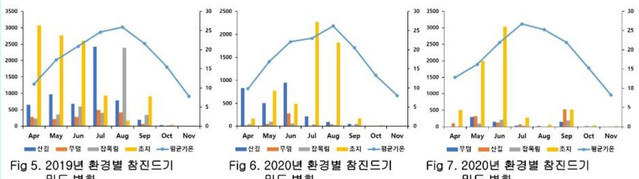

Fig 5. 2019년 환경별 참진드기 밀도 변화 Fig 6. 2020년 환경별 참진드기 밀도 변화 Fig 7. 2020년 환경별 참진드기 밀도 변화

Table 2. 참진드기 채집지역의 월별 평균 기온

	Apr	May	Jun	Jul	Aug	Sep	Oct	Nov
2019년도 평균 기온	11	17.3	20.9	24.6	25.9	21.6	15.5	7.8
2020년도 평균 기온	9.8	16.9	22.1	23	26.2	20.5	13.3	8
2021년도 평균 기온	12.8	16.2	21.9	26.7	25.2	21.9	15.2	8.2

Table 4. 2019년 채집된 참진드기 개체수

		Apr	May	Jun	Jul	Aug	Sep	Oct	Nov
Haemaphysalis longicornis	Adult	7	153	279	1770	5086	223	4	0
	Nymph	1824	2791	2