

2013 한국응용곤충학회 정기총회 및 춘계학술발표회

주제 : 곤충학과 통섭
(Entomology and Consilience)

2013년 4월 24일(수)~26일(금)

전북 무주군 설천면 만설로 185 무주덕유산리조트 앙상블홀

주최 한국응용곤충학회

후원 농촌진흥청



한국응용곤충학회
KOREAN SOCIETY OF APPLIED ENTOMOLOGY

2013 한국응용곤충학회 정기총회 및 춘계학술발표회

주제 : 곤충학과 통섭
(Entomology and Consilience)



2013년 4월 24일(수)~26일(금)

전북 무주군 설천면 만설로 185 무주덕유산리조트 양상블홀

주최 한국응용곤충학회

후원 농촌진흥청



한국응용곤충학회
KOREAN SOCIETY OF APPLIED ENTOMOLOGY

개 회 사

존경하는 한국응용곤충학회 회원 여러분, 안녕하십니까? 새 생명의 숨결로 넘쳐나는 이곳 청정 무주에서 회원 여러분의 밝고 건강한 모습을 다시 뵙게 되니 무척이나 반가운 마음입니다. 오늘 우리는 “곤충학과 통섭(Entomology and Consilience)”에 대해 고민하고 그것을 통해 보다 창의적인 발전 방안을 모색하기 위해 이곳에 모였습니다.

잘 아시다시피, 지금 곤충학은 글로벌 무한 경쟁 체제 속에서 다양한 도전에 직면하고 있습니다. 이에 우리는 갈수록 치열해지는 국제경쟁 속에서 곤충학의 여러 분야에서 지속적인 동반 성장이 가능하도록 우리를 차별화시킬 수 있는 노력이 필요하며, 국내적으로는 실질적이고 친환경적인 해충관리 방안과 산업곤충의 부가가치 창출 방안을 적극적으로 강구해 나가야 하는 실정입니다. 이러한 요구에 부응하고자 이번 학술대회를 2박3일의 일정으로 다양하고 알찬 프로그램들로 구성하였습니다.

우선, 기초연설을 위해 Naoki Mori 교수(교토대)와 임영운 교수(서울대)께서 우리 모임에 참석해 주셨습니다. 아울러 7개 분야의 심포지엄에서 48명의 중견 연구자들이 특별 강연을 할 예정입니다. 한편, 제7회 송정곤충학상 수상자인 김길하 교수(충북대)에 대한 시상과 수상 연설도 준비되어 있습니다. 그 밖에 농업곤충, 산업곤충, 및 일반곤충에 관한 구두발표 61편과 포스터 발표 164편이 계획되어 있으며, “곤충 변태의 기원” 등 6건의 소모임도 가질 예정입니다. 한편, 이번 대회에서는 우리 학회 역사상 처음으로 JOB CAFE를 기획하였습니다. 아무쪼록 이번 기회를 통해 유능한 인재를 채용하려는 기관과 취업을 희망하는 회원들 간에 다양한 형태의 계약이 성사되길 희망합니다.

회원 여러분!

지금 우리는 삶의 질을 향상시킬 수 있는 새로운 시장과 고용을 창출하기 위해 여러 분야의 지식과 기술을 창조적으로 융합해야 하는 시대를 맞이하고 있습니다. 이러한 트렌드는 곤충학도 예외가 아니어서, 자신의 전문지식 기반을 공고히 하고, 다른 분야의 전문가들과 적극적인 의사소통을 통해 우리들 스스로도 창조적 융복합 시대에 대비해야 한다고 생각합니다. 부디 이번 학술대회가 자신의 연구 분야에서 새로운 접근방식을 고안해 내고, 예전보다 경쟁력 있고 차별화된 해결책을 찾는 계기로 활용되었으면 좋겠습니다.

끝으로 이 자리에 참석하신 모든 분들의 가정에 행운과 행복이 충만하시길 바라며, 행사 준비에 만전을 기해주신 김용균 학술기획·행사위원장을 비롯한 실무진들께 감사드립니다.

2013년 4월 24일
사단법인 한국응용곤충학회
제29대 회장 이준호

Program

4월 24일 (수)

시 간	구 분	
12:00~	등록	
13:00~14:00	정기총회 (양상불출)	
기조강연 I		
14:00~15:00	Naoki Mori 교수 Kyoto University	Insect-produced Elicitors, Fatty Acid Amino Acid Conjugates: Insights from Physiological Point of View
심포지엄		
15:00~18:00	S1 : 노린재 해충 관리를 위한 유인 트랩의 개발 전략과 활용	양상불출
	S2 : 한국 곤충화학생태학 - 현재와 전망	콘체르트를
	S6 : Insect and Microorganism Interaction	소나타출
18:00~19:00	송정곤충학상 시상 및 간담회	심포니출
소모임		
19:00~21:00	한국응용곤충학회지 편집위원회 정기회의 - 학회지 발전방향 (김동순 교수 주관)	소나타출
	곤충학 대형 연구 과제 수주 전략 (이대원 교수 주관)	콘체르트를
	작물보호제 관련기업과 한국응용곤충학회와의 상생협력 방안 (김재수 교수 주관)	양상불출



4월 25일 (목)

시 간	구 분		
기조강연 II (양상불흙)			
09:00~10:00	임영운 교수 서울대	Fungal Interaction with Insects	
구두 발표 (학생)			
10:00~12:00	일반곤충분야	농업곤충분야	산업곤충분야
	양상불흙	콘체르트홀	소나타홀
12:00~14:00	점심식사		
구두 발표 (일반)			
14:00~16:00	일반곤충분야	농업곤충분야	산업곤충분야
	양상불흙	콘체르트홀	소나타홀
16:00~18:00	포스터 발표		
18:00~19:00	저녁식사		
소모임			
19:00~21:00	곤충 변태의 기원 (김용균, 김효중 교수 주관)		소나타홀
	기후변화 시대의 곤충 연구 동향 (정철의 교수 주관)		콘체르트홀
	안동대학교 곤충학 동문회 (임언택 교수 주관)		양상불흙

4월 26일 (금)

시 간	구 분		
심포지엄			
08:30~12:00	S3 : Biosecurity – Import, Export and Industry		양상불흙
	S4 : Nematode in Agriculture, Forestry and Soil		콘체르트홀
	S5 : 개체군 모형 – 공간, 시간 및 환경		소나타홀
	S7 : Insect Genomics		알츠홀
폐회식 및 시상식 (양상불흙)			
부스전시 안내			
주식회사 가이아	조립식 사육상자 등 곤충사육상자 (Tel. 031-241-3754)		
JOB CAFE	기관, 기업체와 취업을 희망하는 회원들과의 만남		

Contents

●●● 제7회 송정곤충학상 수상강연

24일 (수) 심포니홀

18:00~19:00	해충방제에 관한 연구	3
	김길하	

●●● 기조강연

24일 (수) 앙상블홀

좌장: 이대원(경성대)

14:00~15:00	Insect-produced Elicitors, Fatty Acid Amino Acid Conjugates: Insights from Physiological Point of View	7
	Naoki Mori and Naoko Yoshinaga	

25일 (목) 앙상블홀

좌장: 이승환(서울대)

09:00~10:00	Fungal Interaction with Insects	8
	Young Woon Lim	

●●● 심포지엄

>> 노린재 해충 관리를 위한 유인 트랩의 개발 전략과 활용

24일 (수) 앙상블홀

좌장 : 임언택

15:00~15:30	신 개념 다목적 노린재 트랩의 개발과 응용	11
	배순도, 김현주, Mainali, 윤영남, 오인석	
15:30~15:50	노린재류 트랩의 개발과 상업화 현황	12
	박만웅, 정성채	

15:50~16:10	노린재 대량포획을 위한 윈트랩의 소개와 이용법	13
	김준현, 조광식, 박정규	
16:30~16:50	콩에서 톱다리개미허리노린재 발생 밀도 억제를 위한 집합페로몬 트랩의 효과적인 활용 전략	14
	박창규, 이상구, 박홍현, 김광호, 이상계, 서보운	
16:50~17:10	단감 가해 주요 노린재류에 대한 유인효율 증대 기술	15
	임유진, 정부근, 박정규	
17:10~17:30	Aggregation Pheromone Trap Added with Host Eggs, a New Tool to Trap Pest and Enhance Parasitism Simultaneously	16
	Bishwo P Mainali, Md. Abdul Alim, Jaekeun Kim, Youngil Kim, Manwoong Park and Un Taek Lim	

>> **한국 곤충화학생태학 - 현재와 전망**

24일 (수) 콘서트홀

좌장 : 정진교

15:00~15:30	갈색날개노린재 집합페로몬에 의한 똥보기생파리 (<i>Gymnosoma rotundatum</i>) (Diptera: Tachinidae)의 발생 패턴	17
	박정규, 임유진, 김정민	
15:30~15:50	모기냄새감각의 신경생리학: “Concise and precise” Blood Feeding Requires Cryptic Invention of Chemosensation in the Mosquito	18
	Hyung Wook Kwon and Seung-Jae Back and Jae-Won Jung	
15:50~16:10	Sex Pheromones and Speciation of Two <i>Grapholita</i> Congeners	19
	Chung Ryul Jung and Yonggyun Kim	
16:30~16:50	곤충 종 생식격리 과정에서의 성페로몬: 팔나방과 어리팔나방을 대상으로	20
	정진교, 조점래, 서보운, 박창규, 염기홍, 최준열, 최낙중, 김용균	
16:50~17:10	친환경농자재, 페로몬의 국내 응용성	21
	홍용표, 최종하, 유건상, 최선희	
17:10~17:30	곤충 페로몬의 합성 전략	22
	김준현, 박정규	

- 17:30~17:50 복숭아혹진딧물 가해에 의한 무당벌레의 유인과 배추의 간접방어 23
 구현나, 김길하

>> Insect and Microorganism Interaction

24일 (수) 소나타홀

좌장 : 이승환, 정영진

- 15:00~15:30 Melanization Responses in the Mosquito, *Aedes aegypti*, and Its Interaction with the Avian Malaria Parasite, *Plasmodium gallinaceum* 24
 Sang Woon Shin
- 15:30~15:50 국내 발생 삼일열 말라리아 원충 개체군의 유전형 변동과 진화의 경향 25
 조영근
- 15:50~16:10 한국의 말라리아 발생현황 및 매개모기 26
 신이현
- 16:30~16:50 Evolution of Fly-Microorganism Relationships: Macroevolution of Sciaridae (Diptera: Bibionomorpha) 27
 Seungwan Shin and Seunghwan Lee
- 16:50~17:10 광릉긴나무좀, *Platypus koryeensis* (Coleoptera: Curculionidae)의 생활사 및 개체군 특성 28
 최원일
- 17:10~17:30 참나무시들음병원균의 형태적, 대사적 특성 및 살균제에 대한 반응 29
 서상태, 박지현
- 17:30~17:50 Control of Oak Wilt Disease (참나무시들음병 방제) 30
 Il-Kwon Park

>> Biosecurity – Import, Export and Industry

26일 (금) 앙상블홀

좌장 : 정철의, 이종호

- 09:00~09:30 시험·연구용 LMO안전관리 31
 노영희

09:30~09:50	비표적 생물체를 이용한 LMO의 환경 위해성 평가방법	32
	이훈복, 김현정, 남종우, 박현철, 정철의, 김태성	
09:50~10:10	아시아매미나방의 검역적 중요성	33
	이흥식, 이광수	
10:30~10:50	방사선 기술을 이용한 식물검역의 국제적 현황 및 전망	34
	이주운, 이광렬, 박해준	
10:50~11:10	공적방제의 개념과 식물병 관리 사례	35
	오창식	
11:10~11:30	국가관리 사탕무씨스트선충(<i>Heterodera schachtii</i>) 발생 및 방제 추진 현황 ...	36
	이재국, 박병용, 조명래, 전재용	
11:30~11:50	생물안보를 위한 산관학 협력(생물안보학 강좌 개설 방안)	37
	홍기정, 이종호, 현익화, 정철의	

>> Nematode in Agriculture, Forestry and Soil

26일 (금) 콘체르트홀

좌장 : 조명래, 한혜림

09:00~09:30	Management of Plant-Parasitic Nematodes in the Southeastern USA ...	38
	Donald W. Dickson	
09:30~09:50	Plant-Parasitic Nematodes of Regulatory Importance to Florida, USA ...	39
	Janete A. Brito	
09:50~10:10	Short-term Effects of Low Heavy Metal Contamination on Soil Nematode Community Structure	40
	Byeong-yong Park, Jae-Kook Lee and Young Ho Kim	
10:30~10:50	Development of molecular marker for nematode diagnosis	41
	Chang-Hwan Bae, Ju-Min, Jun and Kyunghee, Oh	
10:50~11:10	Various Diagnostic Methods for Pine Wilt Disease	42
	Young Ho Koh	
11:10~11:30	Injury Characteristics of Pine Wilt Disease, <i>Bursaphelenchus xylophilus</i> , in Korean Pine, <i>Pinus koraiensis</i>	43
	Yil Sung Moon, Hye Rhym Han, Joung A Son, Jin A Hong and Young Jin Jeong	

11:30~11:50 Molecular and Biochemical Characterization of Acetylcholinesterases of the Pinewood Nematode, *Bursaphelenchus xylophilus* 44
 Jae Soon Kang, Yil-Sung Moon and Si Hyeock Lee

>> 개체군 모형 - 공간, 시간 및 환경

26일 (금) 소나타홀

좌장 : 박정준

08:30~09:00 Spatial and Temporal Dynamics in Ecological Modelling 45
 Tae-Soo Chon

09:00~09:20 Development of a Dynamic Model for Estimating the Food Web Transfer of Pollutants in Terrestrial Tritrophic Systems 46
 Kijong Cho, Yongeun Kim and Hyoung-ho Mo

09:20~09:40 Effects of Hunting and Escaping Strategy of Predator and Prey on the Ecosystem 47
 Sang-Hee Lee and Jung-Hee Cho

09:40~10:00 Population Interaction between *Sitophilus zeamais* and Its Parasitoid, *Anisopteromalus calandrae* 48
 Youngwoo Nam, Key-Il Shin, Kijong Cho and Mun Il Ryoo

10:20~10:40 Analysis of Population Dynamics in Space and Time 49
 Young-Seuk Park

10:40~11:00 기후와 서식지 정보를 이용한 곤충의 지리적 분포 추정 모형 : 문헌적 고찰과 사례연구 50
 김동순, 에피넷

11:00~11:20 동일연령집단 기반 개체군 밀도변동 모델을 이용한 톱다리개미허리노린재 연간 생활사 추정 51
 박창규, 이상구, 박홍현, 김광호, 이상계, 서보운

11:20~11:40 생태계 생지화학모형을 이용한 2009년 남부지방 소나무 고사현상 분석 52
 강신규, 임중환

11:40~12:00 Modeling Geographical Distribution of Insect Population with Effect of Climate Change Using CLIMEX in Korea - Case Study Using Leafminer Population Data 54
 Jung-Joon Park, Myung-Pyo Jung and Kijong Cho



>> Insect Genomics

26일 (금) 왈츠홀

좌장 : 권형욱, 이대원

09:00~09:20	NGS-based Genome Analysis of Microbial Resources	55
	Haeyoung Jeong	
09:20~09:40	Next Generation Sequencing For Insect Genetics.	56
	Changhoon Kim	
09:40~10:00	The Strategies of NGS Data Analysis to Genome Biology	57
	Ik-Young Choi and Hyung-Wook Kwon	
10:20~10:40	Comparison of the Insect and Mammalian Olfactory Receptor Systems on the Basis of Genome Analysis Results - How Similar They Are?	59
	Chankyu Park and Dinh Truong Nguyen, Kyooyeol Lee	
10:40~11:00	Characterization of <i>Diadegma fenestrata</i> Ichnovirus (DfIV) and Comparisons of its Gene Expression Patterns in Two Lepidopteran Hosts	60
	Ju Il Kim, Min Kwon, Si Hyeock Lee, Yong Gyun Kim, Jin Kyung Choi and Jong Wook Lee	

●●● 구두 발표

>> 농업곤충

25일 (목) 콘체르트홀

좌장 : 박정규, 이시혁

10:00~10:10	Olfactory Response and Feeding Preference of the <i>Liriomyza huidobrensis</i> (Blanchard) (Diptera: Agromyzidae) to Potato Varieties	63
	Rameswor Maharjan and Chuleui Jung	
10:10~10:20	Novel Histopathological and Molecular Effects of Natural Compound Pellitorine on Larval Midgut Epithelium and Anal Gills of <i>Aedes aegypti</i> ...	64
	Haribalan Perumalsamy, Jun-Ran Kim, Sang Mi Oh, Je Won Jung, Hyung Wook Kwon and Young-Joon Ahn	

10:20~10:30	Gene cloning of a Putative Plasmatocyte-spreading Peptide-binding Protein and its Function In Immune Responses of <i>Spodoptera exigua</i> ...	65
	Jiyeong Park and Yonggyun Kim	
10:30~10:40	Comparative Analysis of Common Host Two Baculoviruses Genomes Isolated from <i>Hyphantria cunea</i> in Korea	66
	Jae Bang Choi, Tae Young Shin, Sung Min Bae, Mi Ra Yu and Soo Dong Woo	
10:40~10:50	Polyhedrin Fusion Expression Enhance the Production of Foreign Protein in Baculovirus Expression System	67
	Sung Min Bae, Hee Jung Kim, Tae Young Shin, Jae Bang Choi, Yeon Ho Je, Byung Rae Jin and Soo Dong Woo	
11:10~11:20	Sequential Immunosuppressive Activity of Bacterial Metabolites of an Entomopathogenic Bacterium, <i>Xenorhabdus nematophila</i>	68
	Seonghyeon Eom, Youngjin Park and Yonggyun Kim	
11:20~11:30	Screening and Characterization of Antimicrobial Metabolites from Entomopathogenic Fungi	69
	Tae Young Shin, Seung Hyun Ko, Won Woo Lee, Jae Bang Choi, Sung Min Bae and Soo Dong Woo	
11:30~11:40	Selection and Evaluation of Acaropathogenic fungi to the Bulb mite, <i>Rhizoglyphus echinopus</i>	70
	Seung Hyun Ko, Tae Young Shin, Won Woo Lee, Jae Bang Choi, Sung Min Bae and Soo Dong Woo	
11:40~11:50	초생재배와 합성피레스로이드계 조합처리가 굴응애의 발생양상에 미치는 단기효과	71
	현승용, 김동순	
11:50~12:00	수출화훼 박스높이별 해충에 미치는 전자빔의 영향	72
	윤승환, 이선우, 김현경, 구현나, 김길하	



>> 산업곤충

25일 (목) 소나타홀

좌장 : 이강운, 김효중

10:00~10:10	“Hidden” Warning Coloration: Predators Learn to aVoid Distasteful Prey with Hidden Conspicuous Display	73
	Chang Ku Kang, Hyun Joon Cho, Sang im Lee and Piotr G. Jablonski	
10:10~10:20	Intercepted Hitchhiking Moths through International Vessel at the Korean Port of Entry	74
	Minyoung Kim, Heung-Sik Lee, Jong-Ho Lee, Ki-Jeong Hong and Seunghwan Lee	
10:20~10:30	Temperature-dependent Development of <i>Paromius exiguus</i> (Distant) (Hemiptera: Lygaeidae) On Two Host Plants	75
	Myo Than Tun, Seung-Tae Kim, Soo-Yeon Lee, Jong-Kook Jung and Joon-Ho Lee	
10:30~10:40	Damage and Seasonal Occurrence of <i>Arboridia</i> spp. in Grapevine Export Complexes in Korea	76
	Chae Min Lee, Dong Woon Lee, Suk Jun Lee and Jin Sun Song, Tae Heon Lim, Sang Sub Han, Sang Myeong Lee, Hyeong Hwan Kim and Myoung Rae Cho	
10:40~10:50	Genetic Variation of the Asian Cavity-Nesting Honey Bee, <i>Apis cerana</i> (Hymenoptera: Apidae) in South Korea, as Revealed by An Internal Spacer Sequence of Mitochondrial DNA	77
	Joo Young Lee, Ah Rha Wang, Yong Soo Choi, Ratna Thapa and Iksoo Kim	
11:10~11:20	형태분류와 DNA 바코드의 통합을 이용한 난분류군 종진단 효율성-주둥이방아벌레아과의 경우	78
	한태만, 이영보, 김남정, 박해철, 이승환	
11:20~11:30	멸종위기종 큰자색호랑꽃무지의 적응 학명은 올바른 것인가?	79
	박창선, 한태만, 이영보, 김기경, 서홍렬, 김진일, 박해철	
11:30~11:40	mtCOI과 16S rRNA분석을 통한 국내 사슴풍뎅이 집단의 분류학적 위치 재검토	80
	안하영, 한태만, 이영보, 김남정, 김성현, 정종철, 박해철	
11:40~11:50	형태적 난분류군, 연노랑풍뎅이와 등얼룩풍뎅이의 분자마커를 이용한 분류학적 재검토	81
	이연희, 강태화, 한태만, 이영보, 김진일, 박해철	

- 11:50~12:00** Revision of Tribe Archipini (Tortricidae: Tortricinae) from Northern part of Vietnam 82
XuanVi Le, Pham Thi Vuong and Yang-Seop Bae

>> 일반곤충

25일 (목) 양상불홀

좌장 : 홍기정, 변봉규

- 10:00~10:10** Three Species of Water Striders from Different Types of Habitats Exhibit Different Types of Anti-predator Strategies 83
Jae Hak Son, Sang-Im Lee and Piotr G. Jablonski
- 10:10~10:20** *Chlaenius (Ocybatus) spathulifer* Bates (Coleoptera: Carabidae: Chlaeniini), New to Korea 84
Ik Je CHOI, Jinyoung PARK and Jong Kyun PARK
- 10:20~10:30** A New Cryptic Species of Genus *Aphis* (Hemiptera: Aphididae) Sharing Primary and Secondary Host with the Cotton-melon Aphid, *Aphis gossypii* Glover 85
Yerim Lee, Seunghwan Lee and Hyojoong Kim
- 10:30~10:40** Taxonomic Study of Phycitinae (Lepidoptera, Pyraloidea, Pyralidae) in Jilin Province, China 86
Mu-Jie Qi, Xuan-Vi Le, Yong-Don Ju, Bayarsaikhan Ulziijargal, Bo-Sun Park, Hee-Jo Lee, Min-Seon Kim, Sol-moon Na, Jae-won Kim and Yang-Seop Bae
- 10:40~10:50** A Molecular Phylogeny of the Odonata (Insecta) Occurring in South Korea Inferred from COI, 16S rRNA, 28S rRNA, and EF1- α Sequences 87
Min Jee Kim, Kwang Soo Jung and Iksoo Kim
- 11:10~11:20** The Complete Mitochondrial Genome of *Erynnis montanus* (Lepidoptera: Hesperiiidae): A New Gene Arrangement in Lepidoptera ... 88
Ah Rha Wang, Heon Cheon Jeong, Yeon Soo Han and Iksoo Kim
- 11:20~11:30** Molecular Phylogeny of Oecophoridae (Lepidoptera: Gelechioidea) 89
Sora Kim, Sunghoon Jung and Seunghwan Lee

11:30~11:40	캄보디아 Samkos지역의 곤충상: 나비목 Faunal Study of Lepidoptera in Samkos Area, Cambodia	90
	박보선, 주영돈, 레수안비, 울지자르갈, 이희조, 배양섭	
11:40~11:50	Diversity of Oribatid Mites (Acari: Oribatida) in Organic and Conventional Apple Orchards	91
	Jiwon Kim, Eunsun Keum and Chuleui Jung	
11:50~12:00	Predatory Gamasid Mites (Acari: Mesostigmata) on Organic and Conventional Apple Orchards	92
	Eun Sun Keum, Ji Won Kim and Chuleui Jung	

>> 농업곤충

25일 (목) 콘서트홀	좌장 : 권형욱, 이대원
--------------	---------------

14:00~14:10	Deep Sequencing based Transcriptome Analysis of <i>Plutella xylostella</i> Larvae Parasitized by <i>Diadegma fenestrale</i>	93
	Ju Il Kim, Min Kwon, Jae Dong Shim, Seong Hee Kim, Eun Ju Hong, Jeom Soon Kim, Yong Gyu Lee, Sam Nyu Jee and Si Hyeock Lee	
14:10~14:20	Microbiome of Two Morphs of <i>Vollenhovia emeryi</i> (Hymenoptera: Myrmicinae)	94
	Gilsang Jeong, Soyeon Park, Pureum Noh, Seung-Yoon Oh, Hwakyung Hwang, Bitna Lee, Yongwhan Kim and Jae Chun Choe	
14:20~14:30	The Pyrosequencing Approach Reveals Very High Strain Diversity of the Endosymbiont, <i>Wolbachia</i> in <i>Vollenhovia emeryi</i>	95
	Soyeon Park, Haewon Shin, Pureum Noh, Seung-Yoon Oh, Hwakyung Hwang, Bitna Lee, Yongwhan Kim, Jae Chun Choe and Gilsang Jeong	
14:30~14:40	RNA Interference of Glycerol Production Patterns a Rapid Cold Hardiness of the Beet Armyworm, <i>Spodoptera exigua</i>	96
	Youngjin Park and Yonggyun Kim	
14:40~14:50	(E)-5-Hexadecenyl Acetate: A Novel Moth Sex Pheromone Component from <i>Stathmopoda auriferella</i>	97
	Chang Yeol Yang, Kyung San Choi and Myoung Rae Cho	

- 14:50~15:00** Origin and Biological Function of E94k Polydnviral Gene 98
Rahul P. Hapat and Youggyun Kim
- 15:10~15:20** Evolutionary Aspects and Enzymatic Properties of Two
Acetylcholinesterases in Insects 99
Young Ho Kim and Si Hyeock Lee
- 15:20~15:30** RNA Interference of Cadherin Gene Expression in
Spodoptera exigua by Oral Ingestion of dsRNA *Scad1* 100
Youngjin Park and Yonggyun Kim
- 15:30~15:40** Residual Contact Vial Bioassay for the Selection of Effective
Acaricides against the Two-spotted Spider Mite 101
Deok Ho Kwon, Ji Hyun Park, Taek Jun Kang and Si Hyeock Lee
- 15:40~15:50** Mutation in *nAChR Beta Subunit Is Associated* with Imidacloprid
Resistance in the *Aphis gossypii* 102
Ju Il Kim, Min Kwon, Sangeun Park, Jeong-Jin Ahn, Young-Uk Park,
Seonwoo Lee, Hyun-Na Koo, Gil-Hah Kim, Si Young Kim and Si Hyeock Lee

>> 산업곤충

25일 (목) 소나타홀

좌장 : 김길하, 조기종

- 14:00~14:10** Contact and Fumigant Toxicity of Hiba Oil Constituents and
Efficacy of Spray Formulations Containing the Oil to American
House Dust Mite and Copra Mite 103
Jun-Ran Kim, Haribalan Perumalsamy, Min Jung Kwon,
Hyung Wook Kwon and Young-Joon Ahn
- 14:10~14:20** Larvicidal Activity of Ajowan (*Trachyspermum ammi*) and
Peru Balsam (*Myroxylon pereira*) Oils and Blends of Their
Constituents against *Aedes aegypti*, Acute Toxicity on Water Flea,
Daphnia magna, and Aqueous Residue 104
Seon-Mi Seo, Il-Kwon Park, Yoon-Mi Jeon, Sung-Woong Kim,
Hyo-Rim Lee and Hwa-Jeong Yeom

14:20~14:30	Damage of Grapevines by <i>Apolygus spinolae</i> (Hemiptera : Miridae) in Grape Export Complex Area in Korea 105 Jin Sun Song, Dong Woon Lee, Suk Jun Lee, Chae Min Lee, Tae Heon Lim, Dongpyeo Lyu, Hyeong Hwan Kim and Myoung Rae Cho	105
14:30~14:40	Enhansive Effect of Two Fumigants, Ethyl formate and Phosphine Gas, to Both Control Cotton Aphid and Two-Spotted Spider Mite in Applying Export Strawberries 106 Byung-ho Lee, Bong-su Kim, Sun-ah Jung and Eul-jai Myung	106
14:40~14:50	The Effect of a single Blood Meal on Insecticide Resistance of the Major West Nile Virus Vector, <i>Culex pipiens pallens</i> (Diptera: Culicidae), in the Republic of Korea 107 Kyu-Sik Chang, Dae-Hyun Yoo, Seong Yoon Kim, Mi Yeoun Park, E-Hyun Shin, Wook-Gyo Lee and Jong Yul Roh	107
14:50~15:00	Japanese Encephalitis Virus Detected from <i>Culex orientalis</i> and <i>Culex pipiens</i> Complex in Korea 108 Hyunwoo Kim, Young Eui Jeong, Go-Woon Cha, Mi Yeoun Park and E-hyun Shine	108
15:10~15:20	애완학습용 곤충 소비자의 행동 모니터링 109 김남정, 김소운, 김성현, 최원호, 박해철, 이영보	109
15:20~15:30	Applying Hidden Markov Model for the Traveling Behaviors of Subterranean Termites in the Artificial Tunnels with Varying Width and Curvature 110 Seungwoo Sim, Seungho Kang and Sang-Hee Lee	110
15:30~15:40	Analysis of the Responses of Termites to Tunnel Irregularity 111 Sang-Hee Lee and Sook Jung Ku	111
15:40~15:50	가지 길이 유사성 엔트로피를 이용한 나비 영상 인식 112 강승호, 이상희	112

>> 일반곤충

25일 (목) 양상불홀

좌장 : 이승환, 조수원

- 14:00~14:10** What Determines Densities of Cicada Species in Central Korea? 113
Yikweon Jang, Tae Eun Kim and Seung-Yoon Oh
- 14:10~14:20** 대구지역에서 사회성 말벌에 의한 피해 양상 114
최문보, 장갑수, 김슬옹, 김태수, 권관익, 이종욱
- 14:20~14:30** A New Species of *Phyllotreta* Chevrolat
(Coleoptera, Chrysomelidae, Alticinae) from South Korea 115
Jinyoung PARK, Jong Eun LEE and Jong Kyun PARK
- 14:30~14:40** 한반도 서식 자생 곤충종의 확증표본 시스템 구축 116
김기경, 안능호, 박선재, 이연순, 서홍렬
- 14:40~14:50** 한반도 서식 자생 곤충의 인벤토리 구축 117
안능호, 김기경, 박선재, 이연순, 서홍렬
- 15:00~15:10** Northward Range Shifts of Korean Butterflies 118
Tae-Sung Kwon, Cheol Min Lee and Sung-Soo Kim
- 15:10~15:20** Effects of Forest Degradation on Butterfly Communities in the
Gwangneung Forest 119
Cheol Min Lee, Tae-Sung Kwon, Sung-Soo Kim, Jeong-Dal Shon
and Bong-Woo Lee
- 15:00~15:30** Taxonomic Notes on the Genus *Clerus* Geoffroy
(Coleoptera: Cleridae) with a New Species from South Korea 120
Jongok Lim, Roland Gerstmeier, Bongwoo Lee and Seunghwan Lee
- 15:30~15:40** 한란(*Cymbidium kanran* Makino)을 포함한 난초과의 주요 해충
Japanagromyza tokunagai (Sasakawa) (파리목: 굴파리과)에
대한 연구 121
임종수, 김일권
- 15:40~15:50** Developmental Characteristic of Yellow Spotless Ladybug,
Ileis koebelei Timberlake (Coleoptera: Coccinellidae: Psylloborini)
and the Biological Control Effect on the Cucumber Powdery Mildew 122
Young-su Lee, Soon-sung Hong, Jin-young Kim, Soon-jae Kim
and Hee-dong Kim

15:50~16:00 Study on the Hatching Characteristics and Diet of Stick Insect, *Baculum elongatum* (Phasmida : Phasmatidae) for Artificial Mass Rearing 123
 JinGu Lee, HeeDong Kim, ChangSung Kang, AeGyeong Seo, SangHyun Lee, YoungKyu Park and YoungBo Lee

●●● 포스터 발표

>> 농업곤충

좌장 : 한연수, 황인천

P001 방충망을 이용한 밤나방과 해충 이동 억제 127
 박종호, 홍성준, 한은정, 심창기, 이민호, 김민정, 김용기

P002 황색점착트랩이 가루이좀벌에 끼치는 영향 128
 박종호, 홍성준, 한은정, 심창기, 이민호, 김민정, 김용기

P003 꼬마배나무이 월동성충 산란 알의 온도별 부화 및 방제효과 129
 조영식, 송장훈, 임경호, 최장전, 최진호, 이한찬, 김도익

P004 RNA-Seq Analysis is an Efficient Tool for Species Discrimination Markers Screening for Immunological Diagnosis of Pest Species 130
 Doo-Sang Park, Chan-Seok Yeon, Chuleui Jung, Ki-Jeong Hong and Hyun Woo-Oh

P005 경북 북부지역 노지고추의 주요 해충 발생소장 및 피해정도 131
 권오훈, 장길수, 원종건, 황지은, 전수경, 권태영

P006 국내에서 버밤나방의 최근 발생 132
 정진교, 서보윤, 조점래, 최준열, 최낙중, 백채훈, 배순도, 김도익

P007 Analysis of Transcriptome of Teratocyte in *Cotesia plutellae* 133
 Wook Hyun Cha, Yonggyun Kim and Dae-Weon Lee

P008 A Replication Model for *Cotesia plutellae* Bracovirus 134
 Rahul P. Hepat and Youggyun Kim

P009	Cost Efficient Sampling Method for Management of <i>Aphis Gossypii</i> (Hemiptera: Aphididae) in Greenhouse Cultivation of Cucumbers 135 Taek Jun Kang, Myoung Rae Cho, Joon Ho Lee, Kijong Cho and Jung-Joon Park
P010	시설국화에서 아메리카잎굴파리에 대한 피해정도와 굴파리좀벌에 안전한 약제 선발 136 이영혜, 최용석, 전낙범, 김동찬, 유용만
P011	고추 정식 전 진딧물류 미방제에 따른 포장에서의 피해정도 137 권오훈, 장길수, 원종건, 황지은, 전수경, 권태영
P012	Efficacy Study of Two MB Alternative Fumigants on Citrus Mealybug at Two Different Temperature Conditions 138 Bong-su Kim, Sun-ah Jung and Byung-ho Lee
P013	Control Thresholds (CTs) of <i>Oides decempunctatus</i> (Coleoptera: Chrysomelidae) on Campbell Early in the Vineyard 139 Sun Kook Kim, Seok Ho Lee, Myung Kyu Song, Eu Yeon Hong, Ki Yeol Lee and Gil-Hah Kim
P014	Construction of Potent Insecticide Leads, Novel <i>Bacillus thuringiensis</i> cry1-type Genes 140 Song Eun Kim, Jae Young Choi, Xue Ying Tao, Qin Liu, Saes Byeol An, Seok Hee Lee, Woo Jin Kim and Yeon Ho Je
P015	제주도 부지화 시설재배원에서 썩덩나무노린재 발생양상 및 친환경 약제 선발 141 김수빈, 김용근, 장용석, 최경산, 김동순
P016	글로벌-GAP 규격에 적합한 농약의 MRL-위험평가체계 142 김용근, 장용석, 성영훈, 현해남, 김동순

좌장 : 김남정, 박해철

P017	곤충병원성 선충인 <i>Steinernema carpocapsae</i> 의 처리방법에 따른 생존기간과 나비목 해충의 방제 효과 143 구경본, 김준엽, 서삼열
-------------	--

P018	잡곡 재배지에서 성페로몬트랩에 의한 나방류의 발생양상 144 김현주, 배순도, 윤영남, Bishwo P Mainali, 오인석, 박정규
P019	천적과 농약을 동시 활용한 시설오이 주요해충 종합관리 145 최용석, 황인수, 이영혜, 원종희, 박덕기, 변영웅
P020	헤어리벤티치가 심겨진 과원의 기생봉 발생현황 146 최용석, 이영혜, 황인수, 원종희, 최광렬
P021	Oviposition Preference and Larval Performance of <i>Helicoverpa assulta</i> in Host and Non-host Plants 147 Hyun-Joo Lim, Taek Jun Kang, Hyeong Hwan Kim, Myoung Rae Cho, Sung Wook Jeon and Seung-Joon Ahn
P022	The <i>Autographa californica</i> Multiple Nucleopolyhedrovirus ORF11 is Essential for BV Production and ODV Envelopment 148 Xue Ying Tao, Jae Young Choi, Woo Jin Kim, Qin Liu, Song Eun Kim, Saes Byeol An, Seok Hee Lee, Soo Dong Woo, Byung Rae Jin and Yeon Ho Je
P023	<i>Autographa californica</i> Multiple Nucleopolyhedrovirus ac78, a Core Gene that is Essential for BV Production and General Occlusion Body Formation 149 Xue Ying Tao, Jae Young Choi, Woo Jin Kim, Qin Liu, Song Eun Kim, Saes Byeol An, Seok Hee Lee, Soo Dong Woo, Byung Rae Jin and Yeon Ho Je
P024	시설과채류 재배지에서의 식물기생선충의 분포조사 및 살선충제를 이용한 밀도억제 효과 150 박상은, 김세희, 고나연, 김정곤, 신호섭, 권혜리, 서미자, 유용만, 윤영남
P025	Binding and Synergizing Motif within Coleopteran Cadherin Enhances Cry3Bb Toxicity on Colorado Potato Beetle and Lesser mealworm 151 Youngjin Park and Michael J Adang
P026	Lethal Temperature for Alnus Ambrosia Beetle, <i>Xylosandrus germanus</i> , in Infested Wood Using Microwave Energy 152 Sang Jae Suh, Jiseo Kim and Yong Jung Kwon
P027	가뭄저항성벼(CaMsrb2)의 포장내의 해충 발생양상 평가분석 153 서상재, 김진서, 권용정

P028	제주지역 감자에 발생하는 해충종류와 피해변화 154 송정흡, 양영택, 이신찬
P029	Molecular Characterization of <i>cry</i> Genes from a <i>Bacillus thuringiensis</i> Serovar <i>mogi</i> with Mosquitocidal Activity 155 Qin Liu, Jae Young Choi, Xue Ying Tao, Seok Hee Lee, Saes Byeol An, Song Eun Kim, Woo Jin Kim and Yeon Ho Je
P030	공생균 배양액 추출물과 식물추출물 혼합제형의 살균 살충 복합작물보호제 개발 156 구경분, 이영진, 이형철
P031	신규 토착천적인 <i>Chrysoperla nipponensis</i> (Okamoto)를 이용한 열대식물 <i>Trachycarpus fortunei</i> (Hook)를 가해하는 가루깍지벌레(<i>Pseudococcus comstocki</i> (Kuwana))의 방제 157 이준석, 함은혜, 진혜영, 안태현, 이봉우
P032	짧은감 생육기 노린재류 발생 및 피해증상 158 임양숙, 송인규, 김세종, 김지완, 이기우, 조재욱
좌장 : 임언택, 정진교	
P033	글로벌-GAP 규격에 적합한 IPM 실천 전략 : 감귤 IPM 수행사례 159 장용석, 김용근, 성영훈, 현해남, 김동순
P034	담배거세미나방 Chitinase의 RNA interference 160 전미진, 진나영, 오산나, 이유경, 서미자, 윤영남, 유용만
P035	파밤나방 성충 유인 LED 유아등 파장 선발 및 파밤나방 발생억제 효과 161 김 주, 정성수, 권영립, 김주희, 심창기
P036	해충 예찰용 LED 유아등 파장 선발 162 김 주, 정성수, 권영립, 김주희, 박홍현
P037	호박과실파리 번데기의 실내 방제 시험 163 전성욱, 강택준, 조명래, 김형환, 안승준, 양창열
P038	사탕무씨스트선충의 기주범위 검정 164 조명래, 김형환, 강택준, 안승준, 양창열, 전성욱, 박병용, 이재국, 김성일

P039	Spatial Distribution of Larva and Assumption of the Oviposition Site of <i>Ascotis selenaria</i> in Citrus Orchards in Jeju, Korea 165 Kyung San Choi and Dong-Soon Kim
P040	재배 유망 열대과수 아보카도, 구아바, 패션프룻의 주요 해충 및 피해 증상 ... 166 최경산, 좌재호, 임한철, 정봉남, 김동순
P041	사과가해 주요 노린재류의 기주선호도 167 최경희, 이선영, 도윤수, 임병선, 이순원
P042	Rearing Honeybee (<i>Apis cerana</i>) Queens Using Wax Cups and Royal Jelly 168 Yong-Soo Choi, Man-Young Lee, In-Pyo Hong, Sun-ok Woo, Ha-Sik Sim, Gyu-Ho Byuon, Ratna Thapa and Myeong-Lyeol Lee
P043	전자빔 조사가 감자뿔나방의 발육과 생식에 미치는 영향 169 최광순, 이인희, 김현경, 구현나, 김길하
P044	몇가지 작물에 대한 담배가루이의 후각반응 170 황인수, 최용석, 이영혜, 원종희, 박덕기, 최광렬
P045	노지 재배 오미자(<i>Schisandra chinensis</i> Baill)에서 재배양식과 해충 방제 방법에 따른 볼록총채벌레(<i>Scirtothrips dorsalis</i> Hood)의 경시적 밀도 변동 171 함은혜, 최영철, 이준석, 박종균
P046	볼록총채벌레의 월동 가능 온도 조건 구명 172 황록연, 현재욱
P047	Fungal Transformation Conditions and Efficiency in <i>Beauveria bassiana</i> ERL1170 173 Se Jin Lee, Jeong Seon Yu, Hee Won Yang, Jong Cheol Kim and Jae Su Kim
P048	Generation of Dysfunctional <i>Beauveria bassiana</i> ERL1170 Transformant in Conidiogenesis 174 Se Jin Lee, Jeong Seon Yu, Hee Won Yang, Jae Young Choi, Yeon Ho Je and Jae Su Kim

좌장 : 장이권, 서보운

- P049** Production of *Tenebrio molitor* as Animal Feed Additive:
How to Control Possible Entomopathogenic Fungi 175
Jong Cheol Kim, Se Jin Lee, Seung Ho Yun, Sang Sick Lee, Chae Hoon Im,
Jae Young Choi, Yeon Ho Je, Nam Jung Kim and Jae Su Kim
- P050** Improvement of Pear Pest Forecasting Management System to
Increase Pass Ratio of Korean Exporting Pears 176
Jeong Sun Park, Ah Rha Wang, Sang Hyun Lee, Kwang Yeol Yang,
Wol Soo Kim and Iksoo Kim
- P051** Molecular Characterization of Aminopeptidase N Genes from
Spodoptera exigua with Susceptibility to a *Bacillus thuringiensis* 177
Na Young Jin, Mi Jin Jeon, You Kyoung Lee, San Na Oh, Mi Ja Seo,
Young Nam Youn and Yong Man Yu
- P052** 고설재배 딸기에서 아쿠레이퍼응애를 이용한 작은뿌리파리의 생물적 방제 178
김형환, 조명래, 전홍용 강택준, 안승준, 양창열, 전성욱, 송진선
- P053** 나방류 해충에 우수한 살충활성을 나타내는
Bacillus thuringiensis CAB530과 CAB564의 비교 179
이유경, 진나영, 오산나, 전미진, 서미자, 윤영남, 유용만
- P054** RCP 기후변화 시나리오에 따른 먹노린재
(*Scotinophara lurida* Burmeister) (Hemiptera: Pentatomidae)
발생 동태의 변화 180
이효석, 이준호
- P055** 옥수수 싹품종 육성에서 조명나방 저항성 검정 181
정진교, 서보운, 박중호, 최준열, 최낙중, 신동범
- P056** Report of an Exotic Aphid pest *Aphis punicae* (Hemiptera: Aphididae)
Recently Introduced into Korea 182
Yerim Lee, Hyojoong Kim and Seunghwan Lee
- P057** New Record of Genus *Micromyzodium* (Hemiptera: Aphididae)
from Korea 183
Yerim Lee, Hyojoong Kim and Seunghwan Lee

P058	Seeds of Leguminous Plants, Acacia and Mung Bean as Food Sources of Bean Bug, <i>Riptortus pedestris</i> (Hemiptera: Alydidae) ... 184 Eunmok Kim and Un Taek Lim
P059	Expression of Bumblebee Serine Protease in <i>Beauveria bassiana</i> ERL1170 for Enhanced Fungal Virulence 185 Jae Su Kim, Jae Young Choi, Byung Rae Jin, Sejin Lee and Yeon Ho Je
P060	Effects of Culture Condition on Conidia Production of Sweetpotato Whitefly Pathogenic Fungus <i>Isaria javanica</i> 186 Yoon Jeong Nam, Jeong Jun Kim, Gayoung Jeong, Ji Hee Han and Sang Yeob Lee
P061	The Influence of Relative Humidity, Temperature, Insect Developmental Stages on the Susceptibility of Sweetpotato Whitefly to Conidia of <i>Isaria javanica</i> 187 Hong Zhu, Jeong Jun Kim, Ji Hee Han and Sang Yeob Lee
P062	딸기에 등록된 살충제의 꿀벌에 대한 독성평가 188 안기수, 김기현, 남상영, 김인재, 오만균, 김길하
P063	외래해충 미국선녀벌레[<i>Metcalfa pruinosa</i> (Say)] (노린재목: 선녀벌레과)의 분포확산 189 이관석, 이설매, 이원훈
P064	월동시기 화성지역 시설포도원에서의 포도녹응애 (<i>Calepitrimerus vitis</i>) (Acari: Eriophyidae) 발생 소장 190 이선경, 정종국, 남화연, 손병인, 이효석, 이준호
좌장 : 박종균, 김재수	
P065	아메리카잎굴파리의 구애노래 분석 및 주파수에 따른 행동 조사 191 이상계, 지창우, 박홍현, 박창규, 김광호, 고현관
P066	마(<i>Dioscorea</i> spp.) 재배지 뿌리혹선충 피해 및 선충감염 시마의 온탕침지 효과 192 이재국, 박병용

P067	Arthropod Community Structure in Apple Orchard under Different Farming Practices 193 Jae Seong Im, Seung Tae Kim, Sue Yeon Lee, Jong Kook Jung and Joon-Ho Lee
P068	화랑곡나방 성페로몬트랩의 개선 194 조봉균, 박재범, 유연수
P069	Screening of High Virulence Isolates of Entomopathogenic Fungi for the Microbial Control of <i>Spodoptera exigua</i> 195 Ji Hee Han, Jeong Jun Kim, Sang Yeob Lee and Hyeong Gyeong Kim
P070	프루텔고치벌 유래 폴리드나바이러스 cystatin 유전자의 발현과 기주 곤충 생리교란 기능 196 김영태, 김용균
P071	Developmental Rate of <i>Halymorpha halys</i> (Hemiptera: Pentatomidae) Fed on Different Food Sources 197 Bishwo P Mainali, Soon-Do Bae, Hyun-Ju Kim, Young-Nam Yoon and In-Seok Oh
P072	Development of Fumigation Treatment to Vegetables (Welsh onion, Carrot, and Lettuce) as an Alternative to Methyl bromide 198 Jung-hoon Park, Young-mi Moon, Myeongseop Kim and Byung-Ho Lee
P073	벼 줄기속 가해 벼밤나방 유사 유충과 벼밤나방 성페로몬 트랩 포획 성충의 mtCOI 부분영역과 ITS2 영역 비교 199 서보윤, 정진교, 최준열, 백채훈, 배순도, 김도익, 이관석, 박영미, 최낙중, 조점래, 김주, 박창규
P074	주사전자현미경을 이용한 미국선녀벌레(<i>Metcalfa pruinosa</i> Say) 구기와 더듬이의 미세구조 200 서보윤, 박창규, 이상계, 이관석, 이준성, 김광호, 박홍현
P075	기주를 달리한 애멸구 약충의 생존을 비교 201 김광호, 이상계, 박창규, 이관석, 서보윤, 박홍현
P076	PCR을 통한 주요 멸구류 동정 종 특이 프라이머 선발 202 박창규, 민수정, 김광호, 박홍현, 서보윤, 이상계

P077	갈고리뱀잠자리붙이의 생물학적 특성에 미치는 온도의 영향 203 김정환, 조점래, 이미숙, 강은진, 변영웅, 김황용, 최만영
P078	Recent Planthoppers Scouting Information in Asian Countries through the AMIVS System 204 Hong-Hyun Park, Gwon-Seok Lee, Hong-Soo Choi, Young-Woong Byeon and Hyun-Gwan Goh
P079	Degree-day Model and Phenology of <i>Grapholita molesta</i> (Tortricidae: Lepidoptera) in Pear Orchards 205 JeongJoon Ahn, Lalit Prasad Sah, Hyangmi Kim, Soonwon Lee and Chuleui Jung
P080	The Phenology and degree-day Model of <i>Grapholita molesta</i> (Tortricidae: Lepidoptera) in Apple Orchards 206 JeongJoon Ahn, Lalit Prasad Sah, Hyangmi Kim, Soonwon Lee and Chuleui Jung

>> 산업곤충

좌장 : 김익수, 박정균	
P081	갈색거저리 유충 동시 수확을 위한 산란격리틀 이동시기 및 성충의 온도별 특성 207 김선곤, 구희연, 오형근, 김정은, 김도익, 김종선
P082	회화나무이(<i>Cyamophila willieti</i> : Psyllidae) 생태에 관한 연구 208 권건형, 지은미, 정윤미, 박근호, 권영대
P083	종이기록물 보관 시 해충에 대한 살충효과 분석 209 나자현, 천용식, 여상현, 류문일
P084	Pollinating Characteristics of <i>Apis mellifera</i> and <i>Bombus terrestris</i> on Mango Flower in Vinyl-House Condition 210 In Gyun Park, Mi Ae Kim, Hyung Joo Yoon, Kyeong Yong Lee, Kyeong San Choi and Yoon Mi Kim
P085	스트레스음파가 아메리카동애등애(<i>Hermetia illucens</i>)의 발육에 미치는 영향 211 박지영, 이상훈, 이한웅, 김용균

P086	Development of Target-specific and High Efficacy Microbial Insecticides 212 Seonghyeon Eom, Moonsu Kang, Kyunghyung Yang, Hyunghwan Kim, Youngjin Park and Yonggyun Kim
P087	Local Distribution and Floral Preferences of Bumblebee Queens in Korea 213 Hyung Joo Yoon, Kyeong Yong Lee, Mi Ae Kim and In Gyun Park
P088	양파 육종을 위한 교배순화용 화분매개곤충의 선발 및 이용 214 이경용, 윤형주, 박인균, 김미애, 이을태, 황보인식
P089	식물 추출 2차대사 물질적용 포장소재에서의 화랑곡나방 (<i>Plodia interpunctella</i> H.) 기피효과 215 천용식, 나자현, 여상현, 류문일
P090	Detection of a Microsporidian, <i>Nosema apis</i> , Via Quantitative Real-time PCR 216 Na Rae Choi, Chuleui Jung and Dae-Weon Lee
P091	스트레스에 의한 서양종꿀벌(<i>Apis mellifera</i>)과 동양종꿀벌(<i>Apis cerana</i>)의 항산화 단백질 발현 분석 217 이순규, 최용수, 구현나, 김길하
P092	멸종위기식물인 백부자 <i>Aconitum coreanum</i> (Lev.) Lev.의 화분매개 곤충 218 한경식, 전정일, 이재선
좌장 : 제연호, 박창규	
P093	Complete Mitochondrial Genome of the Dwarf Honey Bee, <i>Apis florea</i> (Hymenoptera: Apidae) 219 Ah Rha Wang, Min Jee Kim, Jeong Sun Park, Yong Soo Choi, Ratna Thapa and Iksoo Kim
P094	Comparison of Endogenous Cellulase Genes from Four Termite Species with Different Habitats 220 Kyungjae Andrew Yoon, Young Ho Kim and Si Hyeock Lee

P095	Population Genetic Structure of the Bumblebee, <i>Bombus ignitus</i> (Hymenoptera: Apidae), based on Mitochondrial COI Gene and Nuclear Ribosomal ITS2 Sequences 221 Hyung Keun Oh, Hyung Joo Yoon, Joo Young Lee, Jeong Sun Park and Iksoo Kim
P096	파밤나방 5령 유충의 생리적 발육영점온도 222 최봉기, 박영진, 김용균
P097	Molecular Cloning of the Antimicrobial Peptide Cecropin from <i>Antheraea yamamai</i> 223 Seong-Ryul Kim, Kwang-Ho Choi, Jae-Sam Hwang, Seok-Woo Kang and Tae-Won Goo
P098	Insects Associated with Fungal Propagation in Pine Decay Wood 224 Hyun Lee, Nu-ri Lee and Young Woon Lim
P099	Effects of Temperature on Flight Behavior in Cabbage Butterfly, <i>Pieris rapae</i> 225 Seong-Hyun Kim, Namjung Kim, Seong-Jin Hong, Yong-Bo Lee and Hae-Chul Park
P100	Effects of Water Temperature to Behavior Periodicity on Freshwater Snail Pomacea Canaliculata (Caenogastropoda: Ampullariidae) 226 Mi-Jung Bae, Tae-Soo Chon and Young-Seuk Park
P101	한국 목조 문화재의 흰개미 탐지 및 피해 조사방법 227 조창욱, 김영희, 김수지, 이정민, 홍진영
P102	아메리카동애등에(<i>Hermetia illucens</i>) 분번토의 비료 효과에 대한 강낭콩(<i>Phaseolus vulgaris</i> L.)의 성장해석 228 최영철, 박관호, 최한수, 문성경, 이용구
P103	아메리카동애등에(<i>Hermetia illucens</i>)와 동애등에(<i>Ptecticus tenebrifer</i>) 미토콘드리아 CO1 유전자의 haplotype 비교 229 최영철, 박관호, 최한수, 문성경, 정길상
P104	아메리카동애등에(<i>Hermetia illucens</i>) 대량 사육시설 보급에 대한 생태계 위해성 평가 230 최영철, 박관호, 최한수, 문성경, 조광인

P105	The Effect on Growth Performance of Chicken Meat in Broiler Chicks by Dietary Supplementation of Black Soldier Fly Larvae, <i>Hermetia illucens</i> (Diptera: Stratmyidae) 231 Young-Cheol Choi, Kwan-Ho Park, Sung-Hee Nam, Byoung-Gui Jang, Ji-Hyuk Kim, Dong-Wook Kim and Dong-Jo Yu
-------------	--

>> 일반곤충

좌장 : 조점래, 최경희

P106	Taxonomy of the Genus <i>Pristomerus</i> (Ichneumonidae: Cremastinae) with Descriptions of Three New Species from Korea 232 Jin-Kyung Choi, Jong-Chul Jeong, Jin-Yeol Cha and Jong-Wook Lee
P107	First Record of Subfamily Lycoriniinae (Hymenoptera: Ichneumonidae) from Korea 233 Jin-Kyung Choi, Jong-Chul Jeong, Jin-Yeol Cha and Jong-Wook Lee
P108	Projection of Distribution and Abundance of Korean ants based on Climate Warming 234 Tae-Sung Kwon, Cheol Min Lee and Jung-Hwa Chon
P109	군사훈련장에서의 북방계 초지성 나비의 번성 235 이철민, 권태성, 김성수
P110	Community Structure, and Species Diversity of Insects (Ants, Ground Beetles) in an Urban Forest of Seoul 236 Cheol Min Lee and Tae-Sung Kwon
P111	AsiaLeps, a Newsletter for Asian Heterocera Systematists Launched! ... 237 조수원, 박규택
P112	First Record of Genus <i>Olibrus</i> (Coleoptera: Phalacridae) from Korea 238 Mi Jin Lee, Jinyoung Park and Jong Eun Lee
P113	하천의 인공구조물이 저서성대형무척추동물의 군집구조 및 군집안정성에 미치는 영향 239 이미진, 권혁영, 박진영, 서울원, 이종은



P114	백운산일대의 고도별 곤충군집 모니터링 240 신영민, 노승진, 신셋별, 전준형, 김일권, 변봉규
P115	벌채 유형에 따른 산림곤충 군집의 비교 분석 241 전준형, 노승진, 최하용, 신셋별, 신영민, 김범수, 변봉규
P116	주요 인시목 산림해충의 DNA바코드를 이용한 예찰 기법 연구 242 노승진, 정성은, 변봉규, 고상현, 이봉우
P117	자나방류(나비목)의 분류·동정을 통한 DNA바코드 작성 243 노승진, 정성은, 박희윤, 백아론, 최하용, 변봉규
P118	국립백두대간수목원 조성예정지 일대 곤충상 조사 244 신셋별, 변봉규, 이종은, 이봉우, 이미진, 강승호
P119	Cambodian Species of the Family Arctiidae (Lepidoptera, Noctuoidea): Part II 245 Bayarsaikhan Ulzijjargal, Young-Don Ju, Xuanvi Le, Chea Nareth and Yang-Seop Bae
P120	호소 유형별 저서성대형무척추동물과 영양염류의 상관성 분석 246 권혁영, 이미진, 박진영, 이혜진, 이종은
좌장 : 안정준, 김기경	
P121	한국산 민가는나방아과 굴굴나방아과(나비목, 가는나방과)의 3종 관찰 247 김민선, 안능호, 배양섭
P122	Coleophoridae (Lepidoptera) Collected from Is. Yeonpyeong and Is. Baengnyeong in the West Sea, with Three Unrecorded Species from Korea 248 Minyoung Kim, Kyu-Tek Park, Heung-Sik Lee, Bong-Woo Lee and Seunghwan Lee
P123	남한강 중하류의 저서성대형무척추동물상에 관한 연구 249 김재원, 주영돈, 치무지에, 박보선, 이희조, 김민선, 나솔문, 배양섭
P124	Proliferation and Excretion of <i>Bartonella quintana</i> in Body and Head Lice Following Oral Challenge 250 Ju Hyeon Kim, Domenic J. Previte, Kyong Sup Yoon, John M. Clark and Si Hyeock Lee

- P125** DNA Barcoding of Blueberry Gall Midge *Dasineura oxycoccana* (Diptera: Cecidomyiidae) 251
 Hyojoong Kim, Sangwook Park, Taek-Jun Kang, Sejin Kim, Heung-Sik Lee and Ki-Jeong Hong
- P126** 영흥도내 영흥화력발전소 주변지역의 육상곤충상 252
 나술문, 주영돈, 박보선, 김민선, 김재원, 배양섭
- P127** The Phylogenetic Relationship in the Korean ant Species : Genus *Myrmica* 253
 Pureum Noh, Rahayu Oktaviani, Taesung Kwon, Soyeon Park, Hwakyung Hwang, Bitna Lee, Injung Kim, Yeonsun Jeon, Soyeong Lim, Jae Chun Choe and Gilsang Jeong
- P128** Acetylcholinesterase Inhibitory Activity of Endophytic Fungus *Aspergillus* sp. MY056 Isolated from *Huperzia serrata* 254
 Moon Young Jung, Seung Min Hong, Haijie Xu, Mo Wang and Young-Joon Ahn
- P129** 유문등(Black light trap)을 이용한 말라리아 매개모기의 방제효과 평가 255
 신이현, 심인구, 유현준, 김현우, 유대현, 이욱교, 장규식, 노종열, 박미연
- P130** Fumigant and Contact toxicity of Myrtaceae Pplant essential oils and Blends of their Constituents against Adults of German Cockroach (*Blattella germanica*) and their Acetylcholinesterase Inhibitory Activity .. 256
 Hwa-Jeong Yeom, Jaesoon Kang, Sung-Woong Kim, Seon-Mi Seo, Yoon-Mi Jeon and Il-KwonPark
- P131** Introduction of Insects Collected from Myanmar 257
 Yong Kyun OH, Jinyoung PARK, Ik Je CHOI, Nan Zar chi Win, Ja Lang LIM, Ui Seok JEONG, Dong Pyeo LYU, U Pho Cho, Khin Mar Myint, Khin Mar Yi and Jong Kyun PARK
- P132** Species Richness of Fruit Fly (Diptera: Tephritidae) and Incidence of *Bactrocera* Species on Mango, Guava and Jujube during Fruiting Season in Yezin Area in Myanmar 258
 Nan Zarchi Win, Daw Khin Mi Mi, Thi Tar Oo, Kyaw Kyaw Win and Jong Kyun PARK
- P133** Repellency of Three Essential Oil Major Constituents to Wild Adult *Anopheles kleini* 259
 Dae-Hyun Yoo, Seong Yoon Kim, Mi Yeoun Park, E-Hyun Shin, Wook-Gyo Lee, Jong Yul Roh and Kyu-Sik Chang



P134	제주 상록활엽수림의 나방류 출현 특성 분석 260 이가은, 김준범
P135	무제치늪 육상곤충의 다양성 261 이희조, 주영돈, 박보선, 김민선, Qi Mujie, Le Xuanvi 배양섭
좌장 : 이홍식, 안승준	
P136	Brief introduction of Butterfly(Lepidoptera) from Myanmar 262 Ja Lang LIM, Jinyoung PARK , Ik Je CHOI, Yong Kyun OH, Eui Seok JEONG, Dong Pyeo LYU, U Pho Cho, Khin Mar Myint, Khin Mar Yi and Jong Kyun PARK
P137	경북 상주시 습지보호지역, 공검지의 곤충상 263 정의석, 박진영, 최익제, 오용균, 임자량, 박종균
P138	전북 지역의 메뚜기목 다양성 조사 및 DNA바코드 분석 264 정 한, 김진호, 최수빈, 표효경, 김효중
P139	점봉산 지역의 고도별 곤충종 조사 265 조경연, 김일권, 이봉우, 류동표
P140	Larvicidal Activity of <i>Pinus densiflora</i> Needle Hydrodistillate Constituents and Related Compounds toward Insecticide-susceptible <i>Aedes aegypti</i> and Wild <i>Aedes albopictus</i> 266 Seong Chun Chae, Dong-Chan Lee, Jun-RanKim, Haribalan Perumalsamy and Young-JoonAhn
P141	Distribution Characteristics By Species and Comparison of Social Wasps in Two Metropolitan Cities (Busan, Daegu) 267 Moon-Bo Choi, Gab-Sue Jang, Seul-Ong Kim, Tae-Su Kim, Gwan-Ik Gwon, Jeong-Kyu Kim and Jong-Wook Lee
P142	Male Density Effect on Mating Behavior and Offspring Sex Ratio in <i>Trichogramma</i> Wasps (Hymenoptera: Trichogrammatidae) 268 Hwakyung Hwang, Yiseul Noh, Jinyoung Kim, Yeonsun Jeon, Soyeon Park, Pureum Noh, Bitna Lee, Injung Kim, Soyeong Lim, Yikweon Jang and Gilsang Jeong

- P143** Complete Mitochondrial Genome of the Larch Hawk Moth, *Sphinx morio* (Lepidoptera: Sphingidae) 269
Min Jee Kim, Sei-Woong Choi and Iksoo Kim
- P144** Mitochondrial Genome-based Phylogenetic Positioning of HesperIIDae in Lepidoptera with the Description of Newly Sequenced Five Skippers 270
Min Jee Kim, Ah Rha Wang, Jeong Sun Park, Heon Cheon Jeong and Iksoo Kim
- P145** Genetic Relationships between *Oeneis urda* and *O. mongolica* (Nymphalidae: Lepidoptera) 271
Sung-Soo Kim, Xinlong Wan, Min Jee Kim and Iksoo Kim
- P146** Genetic Relationships between Mt. Halla and Mongolian Populations of *Hipparchia autonoe* (Lepidoptera: Nymphalidae) 272
Youngho Cho, Jeong Sun Park, Min Jee Kim, Deuk-Soo Choi, Sang-Ho Nam and Iksoo Kim
- P147** First record of Sclerogibbidae (Hymenoptera: Chrysidoidea), ectoparasitoids of Embiidina (Insecta: Neoptera) from Cambodia 273
Jongok Lim, Massimo Olmi, Il-Kwon Kim and Seunghwan Lee
- P148** 꼬마굴나방과 (나비목)의 한국 미기록 3종 보고 274
이봉우, 박신영, 변봉규
- P149** Diurnal Flight Patterns of *Platypus koryoensis* (Coleoptera: Platypodinae) in Relation to Abiotic Factors in Korea 275
Youngwoo Nam, Sang-Hyun Koh and Won Il Choi
- P150** Escape pattern of adult *Platypus koryoensis* (Coleoptera: Curculionidae) on the basis of individual gallery 276
Cha Young Lee, Youngwoo Nam, Won Il Choi, Dae-Sung Won and Jong-Kuk Kim
- 좌장 : 이동운, 김광호**
- P151** Discovery of Lepidopteran Insects from Phou Khao Khouay National Park, Laos 277
Sora Kim, Ram Keshari Duwal, Yerim Lee, Geonho Cho and Seunghwan Lee

P152	산림작업과 수종이 나무좀류 군집 구조에 미치는 영향 278 전성재, 고상현, 최원일, 남영우
P153	New Species of the Genus <i>Schoutedenia</i> (Hemiptera: Greenideinae) from Cambodia 279 Hwalran Choi and Seunghwan Lee
P154	DNA Barcode를 이용한 국내외 애완용곤충의 분자생물학적 분류 동정 방법 연구 280 한정민, 홍기정, 황정훈
P155	Effects of Temperatures on Development of <i>Hyphantria cunea</i> (Drury) (Lepidoptera: Arctiidae) 281 Jungim Hong, Youngwoo Nam, Sang-Hyun Koh and Won IL Choi
P156	ITS 유전자 marker를 이용한 지역별 매개충 종 동정 282 홍진아, 정찬식, 한혜림, 문일성
P157	미얀마산 삼채묘에서 검출된 뿌리혹선충 (<i>Meloidogyne</i> spp.)의 형태학적 분류 283 김동우, 박병용, 김숙정, 전재용
P158	Concepts and Methods of Large-scale Ecological Data Collection for a Citizen Science Project 284 Jaeyeon Kang, Eunjae Jang and Yikweon Jang
P159	DNA Barcodes of Diptera pests in Pine Mushroom from Korea and China 285 Kwang-Su Lee and Heung-Sik Lee
P160	Effects of Curcuminoids Identified in Rhizomes of <i>Curcuma longa</i> on BACE1 Inhibitory and Behavioral Activity and Lifespan of Trans-human APP and BACE1 gene <i>Drosophila melanogaster</i> 286 Xue Wang, Jun-Ran Kim, Seong-Back Lee, Young-Joon Kim, Hyung-Wook Kwon and Young-Joon Ahn
P161	Studies on the Viability of <i>Spodoptera exigua</i> Pupal Melanism Strain ... 287 Junjie Yuan, SisiLiu, and MoWang

P162	Community Compositions of Benthic Macroinvertebrates Collected in Streams in Response to Pollution and Natural Variability 288 Tae-Soo Chon, Dong-Hwan Kim, Hyun Duk Cho, Woon-Seok Cho and Young-Seuk Park
P163	역새 발의 해충상과 친환경 방제인자군 289 유은주, 정영학, 추호렬
P164	Morphology of Newly Recorded Species of <i>Peloribates barbatus</i> Aoki (Acari: Oribatida: Haplozetidae) from Korea 290 Jiwon Kim, Badamdorj Bayartogtokh and Chuleui Jung

●●● **소모임**

24일 (수) 앙상블홀

19:00~21:00	작물보호제 관련기업과 한국응용곤충학회와의 상생협력 방안 293 김재수
--------------------	---


25일 (목) 소나타홀

19:00~21:00	곤충 변태의 기원 294 김효중, 김용균
--------------------	---------------------------------

25일 (목) 콘서트홀

19:00~21:00	기후변화시대의 곤충학 연구의 현황 및 전망 295 정철의
--------------------	--

2013 한국응용곤충학회 정기총회 및 춘계학술발표대회



**제7회 송정곤충학상
수상강연**



해충방제에 관한 연구

김길하

충북대학교 식물학과

한국응용곤충학회에서 과분한 송정곤충학상을 주신 것에 대하여 진심으로 감사의 뜻을 표합니다.

부족한 제가 곤충학자로서 이 자리에 서 있으니 음으로 양으로 지도해 주신 분들이 생각납니다. 충북대학교 김정화 명예교수님, 대학원 지도교수이신 서울대학교 (故)최승운 교수님, 박사 논문을 지도해 주신 일본 Kyoto Univ., Shozo Takahashi 교수님, 대학원 때 처음 투고한 논문을 수 회 교정 지도해주신 안동대학교 이영인 명예교수님, 한국화학연구원 연구원 재직시절, 연구자의 길을 몸소 보여주시고 지도주시면서 유학의 길을 인도해주신 서울대학교 안용준 교수님께 감사를 드립니다.

수상에 대한 감사 인사로 저의 연구실에서 최근에 연구하고 있는 두 가지 주제를 소개하고자 합니다.

첫째, “목화진딧물의 지역간 약제 저항성 모니터링을 통한 저항성 발달여부의 분석과 작용기작에 대한 연구”로서 이 연구는 저항성 대체 약제 선발과 저항성발달을 억제시키는 프로그램을 개발하는데 중점을 두고 있습니다.

둘째, “농산물 수출입시 반드시 제거되어야 할 해충에 대한 방제체계에 대한 연구”로서 수출 화훼 대상해충에 대하여 전자빔 조사(照射) 후 살충에 대한 가이드라인을 제시하며 실제 수출시 화훼박스 내에서의 전자빔 영향에 대해서도 조사 중에 있습니다.

앞으로도 계속 연구에 정진하여 우리나라의 농업분야에 도움이 될 수 있도록 노력하겠습니다.

2013 한국응용곤충학회 정기총회 및 춘계학술발표대회



기조강연



Insect-produced Elicitors, Fatty Acid Amino Acid Conjugates: Insights from Physiological Point of View

Naoki Mori and Naoko Yoshinaga

Applied Life Sciences, Graduate School of Agriculture, Kyoto University, Sakyo, Kyoto
606-8502, Japan

Fatty acid-amino acid conjugates (FACs), first identified from beet armyworm *Spodoptera exigua* larvae (Alborn et al., 1997), have been found in noctuid as well as sphingid caterpillar oral secretions and especially volicitin [*N*-(17-hydroxylinolenoyl)-L-glutamine, 17OH-volicitin] and its biochemical precursor, *N*-linolenoyl-L-glutamine, are known elicitors of induced volatile emissions in corn plants. We conducted FAC screening of 29 lepidopteran species and found FACs in 19 of these species (Yoshinaga & Mori et al., 2010). Thus, FACs are quite commonly synthesized through a broad range of lepidopteran caterpillars. From an evolutionary perspective, it is presumed that volicitin and the other FACs, although consequently unfavorable to the insect in the plant-herbivore interactions, are produced because they are essential part of the primary metabolism of the insects. In this context, we suggested that FACs in *Spodoptera litura* play an active role in nitrogen assimilation by regulating the amount of glutamine in the larval midgut (Yoshinaga & Mori et al., 2008). The benefits of the physiological function of FACs for the herbivores need to outweigh the costs caused by induction of plant defense

Key words: Fatty acid-amino acid conjugates, *Spodoptera exigua*, volicitin, nitrogen assimilation

Fungal Interaction with Insects

Young Woon Lim

School of Biological Sciences, Seoul National University

Fungi are characterized by eukaryotic microorganisms, growth with hyphal or yeast form, cell wall containing chitin, and both sexual and asexual reproduction. Many of fungi are associated with insects through the two ways: good or bad things. Good thing may include insect vector for fungal propagation and bad thing include entomophagous fungi to stink bug. Many specific examples of coevolution between fungi and insects have been recorded. Fungi provide the nutrients to insects while insects may vector them. Bark beetles are known as fungal vector as they bore through the tree bark to lay their eggs. Good example is the blue stain fungus *Ophiostoma novo-ulmi* causing the Dutch Elm disease, which is spread by Elm bark beetles (*Scolytus* spp.). Several bark beetles associated with coniferous forests also vector pathogenic fungi and decay fungi as well. In case study of the mountain pine beetle (MPB, *Dendroctonus ponderosae* Hopkins) that is a serious threat for mature lodgepole, we showed diversity of fungi associated on their body surface. Based on cultural morphology and sequence analysis of the internal transcribed spacer (ITS) and large subunit ribosomal DNA (LSU rDNA) region, 7 ascomycetes and 2 basidiomycetes were detected on the body surface. 14 ascomycetes and 1 basidiomycetes were represented in the ITS clone libraries. Recently NGS based Amplicon pyrosequencing discovered that much higher fungal diversity (191 OTU with 97% similarity) from MBP exterior.

Key words: bark beetle, coevolution, fungal interaction, fungal propagation, pyrosequencing

2013 한국응용곤충학회 정기총회 및 춘계학술발표대회



심포지엄



신 개념 다목적 노린재 트랩의 개발과 응용

배순도, 김현주, Mainali, 윤영남, 오인석

농촌진흥청 국립식량과학원 기능성작물부 잠곡과

식식성 노린재류는 구침을 농작물의 꼬투리, 종실 및 과실에 직접 찔러서 즙액을 흡즙하므로 이로 인한 경제적 손실이 매우 큰 것으로 평가되고 있다. 국내에서 노린재류에 의한 농작물(두과작물, 과수작물 등)의 수량감소 및 품질저하 문제가 본격적으로 제기되기 시작한 것은 2000년 이후부터로, 이는 산림 및 농업생태계의 변화와 밀접한 관련이 있는 것으로 분석하고 있다.

노린재류의 밀도 관리방법은 약제살포와 대량포획의 2가지를 들 수 있다. 노린재류는 약제감수성이 높아 약제살포에 의한 방제효과가 높지만, 봄철부터 늦가을까지 지속적으로 발생하며, 살포된 약제의 방제효과도 짧아 주기적으로 살포하여야 한다. 노린재류가 방출하는 집합페로몬은 암컷과 수컷성충 및 약충까지 유인하므로 월동한 노린재류가 깨어나는 시기와 농작물 재배포장으로 노린재류가 비래하는 시기에 집합페로몬을 트랩에 주입하여 대량으로 포획하면 노린재류의 밀도를 효과적으로 제어할 수 있어, 최근 유인제를 이용하여 노린재류의 유인효과를 증진하기 위한 연구가 강화되고 있다.

노린재류는 비행 및 이동능력, 유인등(파장)에 대한 반응이 다양하여 통발트랩, 편넬트랩, M/S콘트랩, 델타트랩, 피라미드트랩 등 다양한 종류의 트랩이 사용되고 있다. 하지만 트랩의 형태 및 작동에 따라 horizontal, vertical 및 electric 트랩으로 대별할 수 있다. 트랩에 의한 노린재류의 유인효과는 트랩의 형태와 재질, 유인제의 종류와 함량, 이종유인물의 조합, 설치방법 및 시기 등에 따라 영향을 받는다. 최근에는 BT, GT 및 IT기술을 융합한 첨단트랩의 개발로 무인모니터링 시스템 구축에 의한 정밀/생력관리 기술개발을 추진하고 있다. 특히 1개의 트랩으로 다양한 노린재류를 대량으로 포획하기 위한 범용트랩의 개발을 위해 트랩형태와 재질, 유인제 및 유인물의 최적조합 탐색, LED 파장 및 IT 등 첨단기술의 최적화 구현을 위한 트랩개발 노력을 강화하고 있다.

검색어: 노린재류, 유인, 트랩종류, 융복합, 대량포획, 응용

노린재류 트랩의 개발과 상업화 현황

박만웅, 정성채

(주)그린아그로텍

국내 노린재류의 경우 톱다리개미허리노린재의 트랩과 집합페로몬이 개발되어 현재까지 유일하게 시판되고 있다. 톱다리개미허리노린재는 콩의 주요 해충이나 콩류와 과수원에서 사용이 되고 있다. 2005년 톱다리개미허리노린재 트랩은 3,999개 집합페로몬 루어는 10,289개 판매를 시작으로 매년 꾸준히 증가하여 2012년에는 트랩 61,598개 집합페로몬 루어 173,860개가 판매되었다. 최초 트랩 개발은 통발트랩을 기초로 하여 만들어 졌으며 현재까지 기초형태에 편리성을 추가한 형태를 유지하고 있다. 페로몬의 경우 (E)-2-hexenyl(Z)-3-hexenoate (EZ), (E)-2-hexenyl(E)-3-hexenoate (EE), Tetradecyl isobutyrate (MI) 등 3가지 성분을 배합하여 제조를 하였으나 2010년부터는 Octadecyl isobutyrate (Oi) 를 첨가하여 4가지 성분으로 배합하여 제조 시판하고 있다. 과수에는 톱다리개미허리노린재 보다 갈색날개노린재, 썩덩나무노린재 등이 더 문제해충으로 판명되었다. 2008년 갈색날개노린재 집합페로몬 (E,E,Z)-2,4,6-decatrienoate를 개발하였으나, 담체와 트랩의 개발이 지연되어 상품화되지 못하였다. 2012년 개선된 집합페로몬 제조방법과 담체 그리고 트랩이 개발되어 성능시험에서 좋은 결과를 보였고, 2013년 추가 시험 후 상품화를 계획하고 있다.

검색어: 톱다리개미허리노린재, 갈색날개노린재, 집합페로몬, 트랩

노린재 대량포획을 위한 윈트랩의 소개와 이용법

김준현, 조광식, 박정규

경상대학교 농업생명과학원/응용생물학과
국립원예과학원 배시현장

톱다리개미허리노린재(*Riptortus pedestris*)는 콩을 비롯하여 단감, 사과 등의 과수에도 피해를 주는 주요 해충이다. 톱다리개미허리노린재의 방제를 위해 페로몬을 이용한 유인 트랩-통발트랩이 사용되고 있다. 통발트랩의 경우 좋은 유인-포획률을 보이지만, 페로몬에 유인된 톱다리개미허리노린재가 트랩안에 들어가기 까지 시간이 걸리고, 일부는 트랩 안으로 들어가지 않는 단점이 있다. 이에 이러한 단점을 극복하고 포획 효율을 높이기 위해, 새로운 형태의 트랩-피라밋 트랩과 윈트랩(대칭트랩)을 개발하여 그 효율을 확인하였다. 단감원에서의 3주간 포획실험 결과, 기존의 통발트랩보다 피라밋 트랩은 6배, 윈트랩(대칭트랩)은 28배 이상의 톱다리개미허리노린재가 포획되었다. 이에 본 발표에서는 높은 포획 효율을 보인 피라밋 트랩과 윈트랩(대칭트랩)의 소개 및 이용법에 관하여 고찰하고자 한다.

검색어: 톱다리개미허리노린재, 윈트랩, 대칭트랩, 페로몬

S1-4

콩에서 톱다리개미허리노린재 발생 밀도 억제를 위한 집합페로몬 트랩의 효과적인 활용 전략

박창규, 이상구, 박홍현, 김광호, 이상계, 서보운

국립농업과학원 작물보호과

톱다리개미허리노린재 [*Riptortus pedestris* (Thunberg)]는 콩에서 가장 중요한 해충이나 약제처리에 의한 방제 효과를 얻기가 쉽지 않아 이를 보완하거나 대체할 방제 수단의 모색이 필요한 실정이다. 톱다리개미허리노린재의 경우 집합페로몬 성분이 규명되어 있고, 미끼 및 트랩이 국내에서 상용화되어 있어 이를 사용하여 발생 모니터링 및 대량 포획 수단으로 사용되고 있다. 여러 연구자들이 톱다리개미허리노린재 집합페로몬 트랩을 이용하여 콩의 피해를 경감시키기 위한 몇가지 연구들을 수행하였으나 아직까지 실용적으로 주목할 만한 결과를 얻지는 못하고 있다.

본 발표에서는 지난 4년간 수행되었던 톱다리개미허리노린재 월동처, 연중 생활사, 시기적 공간분포 변동, 야생기주의 역할 등의 생태적 정보와 상용 집합페로몬의 작용거리, 농가 포장에서 트랩 할당 면적 당 피해 경감 정도 등의 결과들을 종합적으로 검토하고자 하였으며, 이들 결과들을 기반으로 집합페로몬 트랩을 이용하여 광역지역 기반 톱다리개미허리노린재 밀도 관리 전략을 제안하고자 한다.

검색어: 톱다리개미허리노린재, 집합페로몬 트랩, 밀도 억제, 전략

S1-5

단감 가해 주요 노린재류에 대한 유인효율 증대 기술

임유진^{1,2}, 정부근², 박정규¹

¹경상대학교 응용생물학과

²경상남도농업기술원 친환경연구과

톱다리개미허리노린재 페로몬은 수컷이 먹이를 발견했을 때 동종의 암수 성충 및 약충을 유인하기 위해 분비하는 것으로 알려져 있다. 따라서 페로몬 트랩에 유인된 수컷이 집합페로몬을 계속 분비하도록 먹이를 제공하였을 때 트랩의 유인 효율성에 대해 조사했다. 콩포장과 대학캠퍼스에서 수반트랩과 피쉬트랩을 사용하여 집합페로몬 트랩에 대한 먹이첨가의 효과 시험 결과, 수반트랩의 경우 페로몬+먹이 트랩이 페로몬 단독 트랩보다 성충에 대한 유인력이 높았다. 반면, 피쉬트랩에서도 페로몬+먹이 트랩이 암수성충과 약충에 대한 유인력 증가경향이 있었지만 통계적 차이가 없었다. 따라서 페로몬 트랩에 먹이를 첨가하는 것은 트랩의 유인력을 증가시킬 것으로 판단되지만 트랩형태에 따른 유인력 차이가 또 다른 과제로 남았다.

단감원의 주요 노린재류 해충은 톱다리개미허리노린재를 포함해 갈색날개노린재, 썩덩나무노린재 3종이다. 썩덩나무노린재는 갈색날개노린재의 페로몬에 같이 유인이 되는데, 이 점에 착안해 톱다리개미허리노린재와 갈색날개노린재 페로몬을 혼합해 하나의 루어로 만들어 상기의 3종 노린재에 대한 유인력을 시험했다. 두 종의 페로몬을 혼합하여도 3종 노린재에 대한 유인력은 단독 페로몬 트랩과 비교하였을 때 감소하지 않았으며, 혼합 페로몬 성분을 GC로 분석하였을 때 성분 변화도 없었으므로 혼합페로몬을 앞으로 사용하는데 문제가 없을 것으로 판단된다.

검색어: 단감, 해충, 페로몬, 트랩, 복합유인, 먹이 첨가

Aggregation Pheromone Trap Added with Host Eggs, a New Tool to Trap Pest and Enhance Parasitism Simultaneously

**Bishwo P Mainali¹, Md. Abdul Alim, Jaekeun Kim², Youngil Kim³,
Manwoong Park³ and Un Taek Lim²**

¹Department of Functional Crop, National Institute of Crop Science, RDA, Milyang

²Department of Plant Medicine, Andong National University, Andong

³GreenagroTech, Kyeongsan

Riptortus pedestris (F.) inflict losses on a wide range of crop plants. Biological control is an alternative approach to reduce the bean bug population. Scelionid *Gryon japonicum* (Ashmead) and Encyrtid *Ooencyrtus nezarae* Ishii are the major egg parasitoids of *R. pedestris*. The aggregation pheromone of *R. pedestris* serves as a kairomone to its egg parasitoids. A new tool was developed using aggregation pheromone in a trap which attracts both con-specific bugs and the parasitoids. Non viable host eggs—were added with the trap so as to provide resource for the attracted parastioids to multiply. Several studies were conducted to develop this new tool for trapping of the bugs and enhancing parasitism simultaneously. Aggregation pheromone trap added with host eggs was found to increase temporal parasitism in field by 44% compared to the parasitism without host eggs. Higher parasitism (up to 91%) was found in the sites where aggregation pheromone trap added with host eggs was installed compared to control sites. In order to improve this tool, a new device with twelve sections to hold eggs and to be attached to the pheromone trap was designed to provide maximum exposure of the eggs to the parasitoids and to minimize the competition among the parasitoids. Parasitism and number of female *R. pedestris* trapped in new device attached trap were higher compared to the conventional. With better performance in trapping *R. pedestris* and enhancing parasitism, the tool would serve as an IPM technique that targets killing the pest and enhancing activity of the pest's natural enemy simultaneously.

Key words: *Riptortus pedestris*, *Ooencyrtus nezarae*, *Gryon japonicum*, conservation biological control, parasitoid, kairomone

S2-1

갈색날개노린재 집합페로몬에 의한 똥보기생파리(*Gymnosoma rotundatum*) (Diptera: Tachinidae)의 발생 패턴

박정규, 임유진, 김정민

경상대학교 응용생물학과

똥보기생파리는 노린재과(Pentatomidae)에 속하는 해충에 기생하는 천적으로서 갈색날개노린재(*Plautia stali*)의 집합페로몬(methyl (*E,E,Z*)-2,4,6- decatrienoate)에 유인된다. 이 페로몬을 이용하여 똥보기생파리의 발생패턴을 2009년부터 2012년까지 4년간 수행하였다. 매년 4월부터 11월 초까지 경남 진주의 단감원과 경상대학교 캠퍼스에 페로몬을 부착한 황색 끈끈이 덩어리를 설치하여 조사하였다. 2011년과 2012년에 트랩에 유인된 똥보기생파리의 암컷은 난소 크기를 측정하고 난소 내의 성숙란 수를 조사하였다. 똥보기생파리는 4월부터 10월까지 꾸준히 유인되었으며, 발생최성기가 뚜렷하지는 않았지만 5월말, 7월초, 9월초 등 연 3회 정도 많이 발생하는 시기가 있었다. 이 페로몬에는 똥보기생파리의 암컷과 수컷이 동시에 유인되는데, 암수의 성비에 따른 발생량이나 발생패턴의 차이는 없었지만 발생 밀도가 점차 낮아지는 10월 이후에는 수컷이 더 많이 유인되는 경향이 있었다. 난소 크기나 성숙란의 수는 시기에 따른 차이보다는 개체별 편차가 컸고, 발생이 시작하는 4월과 발생 밀도가 낮아지는 11월까지도 성숙란을 보유하고 있어 연중 내내 성숙란을 갖고 있는 특징이 있었다. 해에 따라 발생량 차이가 커서 연간 세대 수 추정에 어려움이 있다.

검색어: 똥보기생파리, 갈색날개노린재, 천적, 발생패턴

S2-2

모기냄새감각의 신경생리학: “Concise and precise” Blood Feeding Requires Cryptic Invention of Chemosensation in the Mosquito

Hyung Wook Kwon and Seung-Jae Back and Jae-Won Jung

WCU Biomodulation Major, Department of Agricultural Biotechnology,
College of Agriculture & Life Sciences, Seoul National University, Seoul 151-921

One of the overlooked points in mosquito blood feeding research is a final step before blood feeding such as finding a best position of blood feeding site and blood vessels underneath. How mosquitoes detect blood vessels especially using chemosensory organs prior to a final stage of blood feeding is totally unknown. Here we provide the anatomical and chemosensory evidence that a piecing structure of the mouthpart of the mosquitoes is an essential apparatus for the penultimate stage in blood feeding in mosquitoes. Indeed, mosquito mouthparts possesses a set of olfactory receptor neurons in sensory hairs, which are sensitive to volatile compounds present in host blood. Furthermore, the inhibition of gene expression of these odorant receptors delayed blood feeding of the mosquito from host animals. Taken together, these results identify that chemosensory perception in mouthpart is involved in mosquito blood feeding behaviors, which in turn allows mosquito to locate a feeding site more precisely.

Key words: *Aedes aegypti*, mosquito, blood feeding, chemosensation, host finding

Sex Pheromones and Speciation of Two *Grapholita* Congeners

Chung Ryul Jung and Yonggyun Kim

Department of Agricultural Biology, Andong National University

Two *Grapholita* congeners, *G. dimorpha* and *G. molesta*, are internal fruit feeders and their young larvae cause serious damages to pome and stone fruits in Korea. They share similar morphological and biological characters not to be easily discriminated. We needed to develop molecular markers using diagnostic primers and PCR-RFLP with specific sequences in ND4 region. Two species have similar sex pheromone components (Z8-12:Ac and E8-12:Ac) although their composition ratios are different. In fields, *G. molesta* males were more captured in lures with higher Z8 component ratio than *G. dimorpha* males. Addition of Z8-12OH, minor sex pheromone component prevented *G. dimorpha* from capturing *G. molesta* males. In electroantennogram (EAG) bioassay, these two species males showed significant electric responses in their own sex pheromone ratios. An addition of Z8-12:OH to the major sex pheromone components significantly suppressed the EAG response of *G. dimorpha*, while it did not change that of *G. molesta*. A deep sequencing analysis of transcripts of both species pheromone glands identified sex pheromone biosynthesis genes including fatty acid synthase, desaturases, fatty acyl reductase (FAR), and aldehyde reductase. The presence of delta 10 desaturase in both species suggests that a double bond at C8 position in dodecenyl acetate is produced by desaturation at C10 position of tetradecenyl fatty acid and subsequent β -oxidation, which is then reduced at carboxylic acid by FAR to be acetylated by acetyl transferase. High sequence variation of FAR genes of *G. molesta* and *G. dimorpha* suggests their stereoisomer substrate preference, which may exert a driving force for this speciation with delta 10 desaturase.

Keywords: sex pheromone, *Grapholita molesta*, *G. dimorpha*, molecular marker, transcriptome, desaturase, fatty acyl reductase, sympatric speciation

곤충 종 생식격리 과정에서의 성페로몬: 팔나방과 어리팔나방을 대상으로

정진교¹, 조점래², 서보윤², 박창규², 염기홍², 최준열¹, 최낙중¹, 김용균³

¹국립식량과학원, ²국립농업과학원, ³안동대학교

곤충 종내 암수의 짝짓기 과정에서 통신물질로 사용되는 성페로몬은 종간 생식격리 과정을 매개하는 주요 요인 중의 하나이다. 종들 사이에 성페로몬을 구성하는 화합물 종류가 다르거나, 같은 것들을 사용하여도 그 조성이 서로 다른데, 이 결과로 종들 사이에 짝짓기 기회가 감소되어 종간 교잡이 억제된다. 팔나방(*Matsumuraeses phaseoli*)과 이의 동속종으로 2005년 국내에 새로 기록된 어리팔나방(*M. falcana*)은 모두 콩과작물을 기주식물로 하면서 동소종이기도 하다. 이들의 성페로몬이 밝혀졌는데, 두 종 모두 (*E*)-8-dodecenyl acetate와 (*E,E*)-8,10-dodecadienyl acetate, (*E,Z*)-7,9-dodecadienyl acetate을 구성 물질들로 하고, 이들을 팔나방은 1:7:2, 어리팔나방은 1:1:1의 조성으로 사용하는 것이 추정되었다. 그런데, 합성화합물을 이용한 미끼로 각 종의 성페로몬트랩을 야외에 설치하면 한 종의 트랩에 다른 종이 같이 포획되었는데, 특히 팔나방 트랩에 더 많은 수의 어리팔나방이 포획되었다. 트랩에 처녀 성충을 미끼로 이용하여도 성페로몬 트랩과 유사한 결과를 보여 종간 교잡 가능성이 제기되었다. 그런데 인위적인 종간 교잡과 역교잡에서 1대 잡종의 모체가 팔나방인 경우에는 더 이상 자손이 생성되지 않았는데, 이 결과로 짝짓기 통신 과정에서의 오류에도 불구하고 두 종 사이에 생식격리가 일어나는 것으로 추정되었다. 또, 미토콘드리아 시토크롬 옥시다제 유전자의 염기서열에서의 차이처럼 두 종이 다른 유전적 구성을 가질 것이라고 추정되었다. 이상의 결과는 근연종 사이의 생식적 격리에는 성페로몬 이외에 다른 요인이 더 필요하고, 또 종특이적인 성페로몬이 농업적으로 쉽게 이용하기 어려운 예를 보였다.

검색어: 팔나방, 어리팔나방, 성페로몬, 생식격리, 종간교잡

친환경농자재, 페로몬의 국내 응용성

홍용표¹, 최종하¹, 유건상¹, 최선희²

¹안동대학교 응용화학과, ²(주)그린아그로텍

최근 웰빙 시대를 맞이하여 먹거리에 관심이 높아짐에 따라 과수나 작물에 대한 친환경 재배의 중요성이 증대되고 있다. 페로몬은 생물농약 중 생화학 농약으로 분류되는 친환경농자재로서 친환경농업을 위한 필수적인 해충 방제수단이다.

1959년 Butenent 등이 누에의 성페로몬 (E,Z)-10, 12-hexadecadienol을 최초로 보고한 이래 지금까지 수천 종의 곤충 페로몬이 보고되었다. 페로몬은 대부분 둘 또는 그 이상의 복합성분으로 구성되어있다. 곤충의 통신수단인 페로몬이 산업적인 측면에서 해충을 방제하는 수단으로 이용될 수 있다. 예를 들면, 페로몬을 이용하여 해충을 유인함으로써 집단의 최초 발생 시기, 개체군의 밀도 등을 예측하여 살충제 투약 시기를 조절할 수 있으며, 혹은 직접적인 방제 목적으로 포획용 페로몬 덫을 응용할 수도 있다. 또 다른 응용으로 페로몬의 농도를 높여 자연에서 암수가 만나는 교미를 교란함으로써 2세대 이후의 개체 밀도를 줄일 수 있다.

페로몬이 해충방제 수단으로 수요 농가에 보급되어 화학농약을 대체하기 위해서는 몇 가지 필수적인 조건이 충족되어야 한다. 첫째 : 해충 유인력이 우수해야 한다. 따라서 95% 이상의 순도가 요구된다. 둘째 : 페로몬을 안정하게 지속적으로 휘발시킬 수 있는 적당한 담체 혹은 루어가 개발되어야 한다. 셋째 : 수요에 따른 대량 합성이 가능해야 하며, 적절한 합성단가를 유지해야 한다.

현재 합성법이 개발되어 우리나라 농가에 보급되고 있는 페로몬은 톱다리개미허리 노린재페로몬 등 10여종이며, 이미 개발되었거나 개발 중인 것은 은무늬굴나방페로몬 등 20여종이다. 페로몬은 천연물 중 그 구조가 대체로 간단하기 때문에 의약품 등과 비교하여 합성법을 개발하는 것이 어렵지 않다.

검색어: 페로몬, 친환경농자재, 해충방제, 유인력, 합성

곤충 페로몬의 합성 전략

김준현, 박정규

경상대학교 농업생명과학원/응용생물학과

페로몬 합성은 곤충의 페로몬 구조의 동정 및 해충 방제를 위한 필요한 양을 제공하는 것을 목적을 한다. 페로몬은 비교적 작은 분자량의 유기화합물로 다양한 구조를 나타내고 있어, 페로몬 합성에는 작용기의 변환, 탄소-탄소 결합형성, 원하는 광학이성질체의 합성 등 유기 합성의 일반적인 문제와 직면한다. 나비목의 페로몬은 주로 지방족 (aliphatic) 화합물로 구성되어 이중결합을 하나 또는 두 개 이상을 가지며, 말단에 주로 아세테이트, 알코올, 알데하이드 등을 가진다. 본 발표에서는 나비목 해충의 페로몬을 예로, 일반적인 작용기의 변환 (알코올, 아세테이트, 알데하이드, 산), 굴굴나방(*Phyllocnistis citrella*) 페로몬, (Z7,Z11)-7,11-hexadecadienal (Z7,Z11-16Ald)의 합성과정을 통하여 비공역 이중결합을 가진 페로몬의 합성법과, 감꼭지나방(*Stathmopoda masinissa*) 페로몬 (E4,Z6)-hexadecadienyl acetate (E4,Z6-16Ac) 및 그 유연체(E4,E6-16Ac, Z4,E6-16Ac, Z4,Z6-16Ac)의 합성과정을 통하여 공역 이중결합을 가진 페로몬의 합성법을 소개하고자 합니다.

검색어: 페로몬, 합성, 탄소-탄소 결합, 작용기 변환

S2-7

복숭아혹진딧물 가해에 의한 무당벌레의 유인과 배추의 간접방어

구현나, 김길하

충북대학교 식물 의학과

무당벌레 성충은 복숭아혹진딧물이 가해한 배추에 유인이 되었으며 배추와 복숭아혹진딧물 단독에는 유인되지 않았다. 복숭아혹진딧물의 접촉 밀도별 유인검정 결과, 60마리의 복숭아혹진딧물을 배추에 접종 시 무당벌레 성충의 유인율은 70.3%로 가장 높았다. 또한 인위적인 상처를 입힌 배추에는 성충과 유충 모두 유인되지 않았다. 배추에 복숭아혹진딧물 접종 후, 시간에 따른 무당벌레 성충의 유인검정결과, 60마리를 접종 시 24, 48시간 때에 유인되었고, 90마리를 접종 시 12시간 때에 유인되었다. 배추좀나방 유충에 의해 가해당한 배추에 대해 무당벌레 성충은 유인되지 않았다. 이러한 결과는 해충 가해에 의해 식물에서 방출되는 휘발성물질이 특정 해충에 대한 천적을 유인하는 것으로 설명될 수 있다. 따라서 복숭아혹진딧물에 의해 배추에서 방출되는 휘발성성분을 분석하고자 시도하였으나 실패하였다. 복숭아혹진딧물과 배추좀나방에 의한 배추에서의 단백질발현 변화를 보기 위해 2D-gel electrophoresis를 수행하였으며 160개 정도의 유의성 있게 변화를 보이는 spot을 detection하였다. 또한 복숭아혹진딧물과 배추좀나방이 가해한 배추에서의 chitinase, β -1,3-glucanase, peroxidase, PR1, 그리고 PR4 등의 방어관련 유전자발현 변화를 분석하였다.

검색어: 무당벌레, 복숭아혹진딧물, 배추좀나방, 유인, 방어유전자

Melanization Responses in the Mosquito, *Aedes aegypti*, and Its Interaction with the Avian Malaria Parasite, *Plasmodium gallinaceum*

Sang Woon Shin

Department of Agricultural Biotechnology, Seoul National University

Melanization is a unique defence mechanism in arthropods involved in wound healing and pathogen encapsulation. Phenoloxidasases (PPOs) are key enzymes of melanization, which mediate the enzymatic conversion of tyrosine to eumelanin. A serine-protease (SP) cascade, similar to the blood-clotting cascade of vertebrates, proteolytically activates prophenoloxidasases to phenoloxidasases. This proteolytic activation is tightly controlled by serpins and other melanization inhibitors.

Melanization has been regarded as one of key immune responses against malaria parasites in mosquitoes. The ookinete melanization of both the simian malaria parasite, *Plasmodium cynomolgi*, and of the rodent parasite, *Plasmodium berghei*, prevent parasite development in the human malaria vector, *An. gambiae*. However, the recent studies revealed a melanization response regulated by Serpin-2 and two C-type lectins (CTL4 and CTLMA-2) was shown to result in ookinete melanization but did not affect the development of the natural human parasite *P. falciparum* in the mosquito. Instead of melanization, TEP1/APL1/LRIM1 complement-like pathway has been identified as major immune response that regulate parasite loads in the natural association of *An. gambiae* and *P. falciparum*.

The studies by me and my colleagues revealed another melanization response independent on Serpin-2. Genome analyses of mosquitoes revealed a large expansion of the PPO, SP, and serpin genes potentially involved in the melanization pathway. This expansion was devoted to existence of at least two distinct SP-Serpin regulation modules in controlling separate melanization responses, tissue and hemolymph melanization, in the mosquito, *Aedes aegypti*. Tissue melanization regulated by Serpin-2 has role in melanotic tumor formation, but not in ookinete melanization. Hemolymph melanization regulated by Serpin-1 and a couple of SPs was activated by the infection of various pathogens and is involved in anti-malarial defense against the avian malaria parasite, *P. gallinaceum*. A new type of regulator, CLSP2, negatively modulate this hemolymph melanization. Cross-talk between hemolymph melanization and complement-like pathway will be discussed.

S6-2

국내 발생 삼일열 말라리아 원충 개체군의 유전형 변동과 진화의 경향

조영근

경성대학교 생물학과

삼일열 말라리아는 1970년대 국내에서 완전에서 완전 박멸된 것으로 선언되었지만, 1993년 휴전선 근무 군인 중 환자가 발생한 이후 감염빈도가 급증하여, 현재 연간 약 1,000명 내외의 감염환자를 발생시키는 토착화 상태에 접어들었다. 북한 지역으로부터 *Plasmodium vivax*에 감염된 *Anopheles sinensis* 복합종의 전파 및 토착화된 전파과정의 양태를 파악하기 위하여, 진화 중립적 마커로 간주되는 microsatellite 43 자위를 이용하여 1996~2011년 사이 국내 발생 삼일열 말라리아 환자의 혈액에 함유된 *P. vivax* 유전체의 유전형 변동을 조사하였다. 1990년대의 개체군 구조는 대체로 clonal하였으나, 2002년 이후 2개 이상의 계통이 다른 원충 개체군이 분포하였고, 2006년 이후 다중 clone에 의한 감염과 유전형 다양성이 증가하였다. 2010~2011년간 환자를 감염한 원충들은 제한적 유전형 재조합이 확인되었다. *P. vivax* 개체군은 경기북부 지역에 토착화하여, 주로 지역적으로 고립된 증식 영역을 가지며 낮은 빈도의 이형간 유성생식을 일으키는 메타개체군을 형성하여 진화하는 것으로 사료된다.

검색어: 삼일열 말라리아, 토착화, 메타개체군, microsatellite, 유성생식

한국의 말라리아 발생현황 및 매개모기

신이현

국립보건연구원 질병매개곤충과

우리나라의 삼일열말라리아는 1979년 말라리아 박멸 선언 이후, 1993년을 기점으로 다시 발생하여, 2000년에 4,183명으로 정점을 보인 후 정부의 퇴치사업을 통해 2001~2004년까지 전년대비 25~30% 이상 감소하였다. 2005~2007 사이 다시 증가하였으나 점차적으로 감소하여 2012년에는 561명까지 감소한 상태다. 말라리아가 발생하는 지역은 주로 휴전선 인근지역이며 민간인의 추정감염 환경은 거주 및 직장>군복무>여행>추정불가 순이다. 국내 말라리아의 매개종 또는 잠재적 매개종으로 확인된 종류는 중국얼룩날개모기, 클레인얼룩날개모기, 잿빛얼룩날개모기, 레스터얼룩날개모기, 벨렌얼룩날개모기 등이다. 중국얼룩날개모기 (*Anopheles sinensis*)는 전국적인 분포를 하지만 주로 한반도의 남부지역에 분포하고, 클라인얼룩날개모기(*An. kleini*)와 잿빛얼룩날개모기(*An. pullus*)는 중남부 산간지역과 중부지역 위쪽지역에, 그리고 레스터얼룩날개모기(*An. lesteri*)와 벨렌얼룩날개모기(*An. belenrae*)는 중서부에 주로 분포한다. 그 외 가중국얼룩날개모기(*An. sineroides*), 한국얼룩날개모기(*An. koreicus*)와 일본얼룩날개모기(*An. lindesayi japonicus*)는 산간지역에 분포한다. 얼룩날개모기류 중 일부 종은 중간 형태적 특징이 비슷하여 형태적 분류가 매우 어렵다. 최근 분자생물학적 분류기법을 이용하면서 동일종으로 취급되었던 종에서 새로운 종이 보고되었는데 그 결과, 별개의 종으로 분류 동정된 종이 서로 다른 생태적 특징과 말라리아 전파능력을 갖고 있음이 확인된바 있다. 새로운 매개종의 출현은 매개능력의 확인과 생태 특성에 대한 연구를 필요로 하며, 이를 통해 질병을 이해하고 방제하는데 매우 중요한 자료를 제공하게 된다.

검색어: 말라리아 현황, 매개모기 종, 매개모기 분포, 매개모기 분류

S6-4

Evolution of Fly-Microorganism Relationships: Macroevolution of Sciaridae (Diptera: Bibionomorpha)

Seungwan Shin¹ and Seunghwan Lee¹

¹Insect Biosystematics Laboratory, Seoul National University, Seoul 151-921, Korea

The synanthropic flies are regarded as the most important vectors of infectious diseases. Especially, feeding and reproductive habits make flies the important vectors of many pathogens such as malaria, yellow fever, dengue fever, typhoid fever, dysentery, and anthrax. Although most of lower flies (e.g. black-flies, mosquitos, sand-flies) transport diseases by bloodsucking, the mechanical dislodgment from exoskeleton is one of the important mechanisms of pathogens transmission for higher flies (Diptera: Brachycera) such as blow-flies, flesh-flies, and house-flies. According to recent phylogenetic studies, the Bibionomorpha is suggested as a sister taxon of the Brachycera as a monophyletic group “Neodiptera”. Coincidentally, a part of black fungus gnats (Diptera: Bibionomorpha: Sciaridae) are known as the important vectors of fungal diseases on agricultural crops due to the spores carrying by there fore tibial structures. We propose that the correlation of spore carrying structures and habitats adaptation in the Sciaridae. The evolutionary pathway tests support that the fore tibia structures appeared first and followed by live plant habitats in the Sciaridae. Regarding analyses, we hypothesized that the evolutionary benefit of fungal carrying structures could be closely related with the larval habitats adaptation of Sciaridae. Interestingly, both adults of the synanthropic higher flies and the black fungus gnats are carrying various microorganisms by mechanical dislodgment from there tibial exoskeleton. The common habits of those flies could be providing clues about the evolution of the fly-microorganism interections.

Key words: fly-microorganism interections, infectious diseases, pathogen transmission, Evolution, Diptera, Neodiptera, Bibionomorpha, Sciaridae.

광릉긴나무좀, *Platypus koryeensis* (Coleoptera: Curculionidae)의 생활사 및 개체군 특성

최원일

국립산림과학원 산림병해충연구과

미생물과 공생관계를 가지는 암브로시아 나무좀류인 광릉긴나무좀은 최근 문제가 되고 있는 참나무시들음병에 관여한다. 참나무시들음병은 주로 신갈나무에서 발생하나 다른 참나무류, 서어나무 등에서도 보고가 되고 있다. 광릉긴나무좀이 국내에 분포함은 이미 1930년대에 보고되었으며 광릉긴나무좀 분포가 러시아, 한국 등으로 보고되어 토착종으로 판단되고 있다. 참나무시들음병이 보고되기 전에는 광릉긴나무좀은 주로 고사목, 쇠약목을 공격하는 이차해충으로 간주되었으나 최근에는 외관상으로는 건전한 나무를 공격하여 치사시키고 있다. 공격받은 참나무가 고사할 확률은 광릉긴나무좀 공격밀도가 증가함에 따라 증가한다고 알려져 있으므로 참나무시들음병 관리를 위해서는 광릉긴나무좀 밀도관리가 필수적이다. 본 심포지엄에서 최근까지 연구된 광릉긴나무좀의 생활사 및 개체군 생태 특성을 정리하고자 한다. 이러한 시도를 통하여 광릉긴나무좀 생존전략을 이해하고 합리적인 광릉긴나무좀 관리방안을 모색하고자 한다.

Key words: 광릉긴나무좀, 암브로시아 나무좀, *Platypus koryeensis*, 생활사, 개체군 동태

S6-6

참나무시들음병원균의 형태적, 대사적 특성 및 살균제에 대한 반응

서상태, 박지현

국립산림과학원 산림병해충연구과

한국 참나무시들음병원균(*Raffaelea quercus-mongolicae*)의 형태적 특성과 대사적 특성 및 살균제에 대한 반응을 일본 대조균주(*R. quercivora*)와 비교하여 분석하였다. 채집 지역과 시기가 다른 11개 국내 균주의 분생포자경과 분생포자의 크기 및 형태를 관찰한 결과, 두 형질의 크기 범위가 최초보고 이후 확대되었으며 계통학적 근연종인 일본 참나무시들음병원균과 *R. montetyi*의 형질 특성과 중첩되는 것으로 나타났다. 국내균주 4개, 일본 대조균주 5개를 이용하여 95개 탄소이용패턴을 Biolog사의 MicroLog System을 이용하여 관찰하고 덴드로그램을 그린 결과, 국내 균주와 일본 균주가 일본의 타입균주를 루트로 하여 두 그룹으로 분리되었다. 살균제(10성분)와 항생제(1성분)의 생장저해 효과는 국내균주 2개, 일본 대조균주 1개를 이용하여 검정 하였다. 국내균주의 경우, 클로로탈로닐과 베노밀이 10 ppm에서 병원균의 생장을 완전히 억제하여 그 효과가 가장 높았다. 침투성인 프로피코나졸도 100 ppm에서 병원균의 생장을 완전히 억제하였고, 저농도에서는 생장을 상당히 저해하는 것으로 나타났다. 일본 균주의 경우, 프로피코나졸과 베노밀의 살균 효과가 가장 높았다.

검색어: 참나무시들음병원균, 형태적 특성, 대사적 특성, 탄소 이용, 살균제

Control of Oak Wilt Disease (참나무시들음병 방제)

Il-Kwon Park

¹Division of Forest Insect Pests and Diseases, Korea Forest Research Institute,
Seoul130-712, Republic of Korea

Mass mortality of oak trees has been reported in Korea since 2004. It seemed to be occurred by a possible pathogenic fungus *Raffaelea quercus-mongolicae* and spread by an ambrosia beetle, *Platypus koryoensis* (Coleoptera: Platypodidae) which was a vector of that fungus. *P. koryoensis* attacked healthy or stressed living *Quercus mongolica*. The numbers of damaged and/or died *Q. mongolica* by *P. koryoensis* has increased every year since its first report. The damages caused by *Platypus* spp. were reported world widely. Pinehole borers *P. caviceps*, *P. apicalis* and *P. gracilis* damaged and killed living southern beech (*Nothofagus* spp.) and/or Kamawi (*Weinmannia racemosa*) in New Zealand. The relationship between pinhole bores, the fungal pathogen *Sporothrix* and their host beech is well established. *P. subgranosus* was responsible to death of myrtle beech (*N. cunninghamii*) in Tasmania, Australia. In southern Europe, *P. cylindrus* attacked cork oak (*Quercus suber*), and *Phytophthora cinnamoni* was known as a pathogen. *P. mutatus* was a primary pest to poplars, especially *Populus deltoides* in South America. Alfaro et al. warned on the threat of *P. mutatus* to world poplar resources since its introduction to Italy on 2002. *P. quercivorus*, a vector of pathogenic fungus *Raffaelea quercivora* was responsible for Japanese Oak wilt disease on *Q. crispula* and *Q. serrata*. In this study, we will introduce the current status of oak wilt disease in Korea and integrated control method of this disease

Key words: Oak wilt disease, *Platypus koryoensis*, *Raffaelea quercus-mongolicae*, control method

시험·연구용 LMO안전관리

노영희

생명공학연구원 LMO연구안전센터 센터장, rohyh@kribb.re.kr

유전자변형생물체(Living Modified Organisms, LMO)는 인류가 직면하고 있는 식량, 의료, 환경, 에너지부족 등 각종 문제점을 해결하기 위하여 점점 더 다양한 유전자와 특성을 지니도록 연구개발 되고 있다. LMO연구와 상업화가 급속하게 증가하면서 국제적으로 LMO가 인체 및 환경에 잠재적으로 미칠 수 있는 부정적인 영향을 사전에 예방하기 위하여 바이오안전성의정서(Biosafety Protocol)가 채택·발효되었고 국내에서도 의정서 이행을 위하여 제정한 「유전자변형생물체의 국가간 이동 등에 관한 법률(이하 LMO법)」이 발효되었다. 동 법률에 따라 연구실에서 이용되는 유전자변형생물체의(시험·연구용 LMO) 수출입 및 연구 안전관리는 미래창조과학부에서 관장하고 있다. 미래창조과학부는 시험·연구용 LMO의 안전한 연구환경 조성과 LMO 안전관리에 대한 국민의 신뢰확보를 통한 생명공학 연구 활성화를 정책목표로 하고, 5년 단위의 제2차 시험·연구용 LMO 안전관리계획('13-'17)을 수립·시행하고 있다. 본 안전관리계획은 LMO연구시설 안전점검 및 자율안전관리기반 확충 등 LMO 연구시설의 안전성 확보, LMO안전관리교육의 전문화·다양화와 홍보 및 정보교류 활성화 등 LMO 안전문화 확산, 신규 LMO 연구개발 전망에 따라 LMO 안전성 평가기술 개발전략 수립·추진 등 LMO 위해관리 인프라확충을 통한 역량강화, LMO법 시행 후 연구현장과 수출입·생산·유통현장의 애로사항 및 문제점을 지속적으로 발굴하여 LMO 법·제도 정비라는 4개의 중점 추진과제로 구성되어 있으며, 이러한 중장기 계획을 바탕으로 시험·연구용 LMO안전관리사업(한국생명공학연구원 LMO연구안전센터 수행) 시행하고 있다.

비표적 생물체를 이용한 LMO의 환경 위해성 평가방법

이훈복*, 김현정, 남종우, 박현철, 정철의¹, 김태성²

서울여자대학교, ¹안동대학교, ²국립습지센터

LM작물의 경우 1994년 미국 칼진사의 무르지 않는 토마토가 최초로 미국 식품의약청(FDA)의 승인을 얻어 판매된 후, LMO 품목과 개발 비율이 급속하게 늘어났고, 재배면적은 세계적으로 꾸준히 증가하고 있는 추세이다. 우리나라도 수많은 종류의 LMO가 개발 중에 있지만, 환경위해성평가에 대한 연구가 완성되지 못하여 아직 상업화된 작물이 없기 때문에 여러 작물을 미국으로부터 수입하고 있는 실정이다. 농림부 통계자료에 따르면 2011년 한국의 전체 식량자급률은 22.6%로 OECD에 가입된 30개국 중 하위 수준이었으며 특히 콩과 옥수수의 경우 각각 5% 미만으로 수입에 의한 의존도가 다른 작물보다 높다. 수입되는 곡물 중 콩 약 80%는 유전자변형 콩이며 대부분이 착유용으로 이용되며, 콩 이외의 많은 곡물들이 유전자변형 작물일 가능성이 높으며, 운송 과정 중에 국내환경에 비의도적으로 노출될 가능성이 높다. 이에 따라 환경에 비의도적으로 노출된 유전자변형 작물에 대한 환경위해성은 근연종에 전이 되어 돌연변이가 생성되거나, 비표적생물체가 제초제 저항성 또는 해충 저항성 LMO를 섭식하여 피해를 입을 가능성, 환경교란, 유전자 이동성, 확산가능성에 대하여, 현재 LMO 산업에 있어 큰 문제로 대두되고 있다.

LMO의 환경위해성 평가는 국내에서도 세부항목에 대한 관련 연구가 매우 미흡한 실정이다. LMO의 환경위해성 평가 및 심사 시 국내 자연생태계 위해성을 고려한 비표적생물체에 미치는 세부평가 항목 및 평가기준 개발을 위한 조사연구 및 관련 자료 확보를 위하여 본연구가 수행되었는데, LM작물 재배지와 대조군 작물 재배지에서의 절지동물 군집 비교, LM작물과 대조군 작물을 섭식하는 초식성 개체군에서 목표종 선정방법, 초식자들을 섭식하는 포식자 또는 기생포식자의 간접적인 영향 등을 비교하기 위한 환경위해성평가방법을 제시하고, GM 누에에 대한 환경위해성 평가의 사례연구를 진행하였다. 위의 결과를 통하여 생명공학자들의 숙원사업인 LMO의 상업화가 가능할 수 있도록 핵심적 역할을 수행 하며, 국내 자연 생태계가 LMO로부터 안전하게 보호될 수 있는 안전관리 시스템을 구축 하는 것이 궁극적인 목표이다.

아시아매미나방의 검역적 중요성

이홍식, 이광수

농림축산검역원 식물검역기술개발센터

매미나방은 독나방과에 속하는 *Lymantria dispar*라는 학명을 가진 종으로, 유럽에서 일본에 이르는 유라시아 대륙의 온대 및 한대 지역에 서식한다. 유럽과 아시아의 분포 국가에서는 종종 대발생하여 삼림에 피해를주기도 하지만, 대부분은 지속적인 큰 피해를 주지 않는 해충으로 알려져 있으며, 기주 식물은 매우 광범위하여 문헌상으로 106과 286속 600종 이상이 알려져 있다(Miller & Hanson, 1989).

그러나, 유럽산 매미나방이 미국 동북부 산림에 정착하여 계속 그 범위를 확대하고 있으며, 미국과 캐나다에서는 중요한 산림해충으로 지정하여 국가적인 방제사업을 실시하고 있으나 계속 분포지역이 확산되고 있는 실정이다. 매미나방의 미국과 캐나다 서부 등 원래 발생지가 아닌 곳에서 발생하여 그 역학조사를 실시한 결과 동아시아 지역의 화물을 통하여 침입한 새로운 계통임을 밝혀냈으며, 유럽계 매미나방에 비하여 암컷의 비행능력이 월등한 아시아매미나방이 방제작업 중인 매미나방 발생지역에 유입되면 비행능력을 가지 유전자가 확산되어 그 피해가 커질 것을 우려하여 금지해충으로 지정하였고, 그 유입을 막기 위하여 기주식물이 아닌 선박에 대한 의무검사를 실시하는 검역적 조치가 2012년부터 시행되었다. 이 사례는 비생물적 경로를 통한 특정 해충의 유입을 막기 위하여 기주식물이 아닌 전체 선박과 화물에 대한 첫 검역조치이며, 한 종이지만 더 큰 피해를 줄 수 있는 아중(개체군)에 대한 검역조치이기도 하여 기존 검역 해충에 대한 접근과 다른 검역 대상의 시작으로 여겨진다.

검색어: 매미나방, 검역, 비생물적 경로

방사선 기술을 이용한 식물검역의 국제적 현황 및 전망

이주운, 이광렬, 박해준

한국원자력연구원 첨단방사선연구소

농산물의 검역기술로써 지금까지 이용되어온 훈증제 (Fumigant) 등의 화학약품 처리는 효과, 비용, 건전성 및 환경적 측면으로 많은 문제점이 지적되면서 적용분야의 제한을 받기 시작했다. 국내의 경우, 증가하는 수입 농산물의 해충을 제어하기 위한 방법으로 화학 훈증제를 아직 사용하고 있고 수출 농산물의 경우, 선적 전처리 (Quarantine Pre-Shipment) 로 아직 사용 중에 있다. 그러나 2015년 이후에는 국제 규정으로 대표적인 훈증제인 MeBr (Methyl Bromide) 사용이 제한되기 때문에 식물검역 분야에 대체 기술 (Alternative technology) 이 절실히 필요한 실정이다. 최근에 IPPC (국제식물보호규약) 에서는 식물위생소독처리방법으로 방사선 조사기술의 이용에 관한 국제기준 (ISPM18, 28) 의 가이드라인을 제시한 바 있으며, 지금까지의 해외에서의 (미국, 멕시코, 태국, 베트남, 인도 등) 방사선 식물검역 동향을 살펴보면 해마다 식물검역을 위한 방사선 조사 처리량은 증가하고 있으며 또한 시행하고 있는 국가도 증가하는 추세이다. 이 기술은 이미 58개국에서 이용되고 있는 기술이며, 우리나라의 수출 농산물의 안전 및 손실을 줄일 수 있는 식물위생소독처리방법으로 효과적인 기술이라고 볼 수 있다.

검색어: 방사선, 식물검역, IPPC

공적방제의 개념과 식물병 관리 사례

오창식

경희대학교 원예생명공학과

공적방제는 식물방역법과 농작물 병해충 예찰·방제에 관한 규정에 따라 농촌진흥청장 및 시·도지사가 해당 병해충의 확산을 저지하기 위하여 국가차원에서 실시하는 방제를 말한다. 이러한 공적방제는 국내에 유입되었거나 이미 국내의 일부 지역에 분포하여 있는 병해충이 퍼져서 농·임산물에 중대한 피해를 끼칠 우려가 있는 경우나 병해충으로 인하여 농·임산물이나 그 밖의 물품의 수출이 지장을 받을 우려가 있는 경우에 해당 병해충의 박멸을 목표로 실시한다. 전 세계적으로 다양한 식물병에 대해 공적방제를 시행한 사례들이 있다. 본 발표에서는 공적방제의 개념, 공적방제 시행과 손실보상, 그리고 사과 화상병, 감귤 궤양병 등을 대상으로 한 대표적인 공적방제 시행 성공 및 실패 사례들을 소개하고자 한다.

검색어: 공적방제, 식물방역법, 병 박멸, 사과 화상병, 감귤 궤양병

국가관리 사탕무씨스트선충(*Heterodera schachtii*) 발생 및 방제 추진 현황

이재국, 박병용, 조명래¹, 전재용²

국립농업과학원 작물보호과, ¹국립원예특작과학원 원예특작환경과,
²농림축산검역본부 식물검역기술개발센터

국가검역관리 선충인 사탕무씨스트선충(*Heterodera schachtii*)이 2011년 7월에 국내 최초로 강원도 태백시 창죽동, 원동, 하사미동 12.7 ha의 배추포장에서 발생되었다. 강원도 태백에서 발생된 씨스트선충은 rDNA ITS 염기서열 분석 결과 사탕무씨스트선충(*H. schachtii*)으로 동정되었다. 사탕무씨스트선충은 씨스트내부에 100~150개의 알을 품고 있으며, 토양에서 수년간 생존이 가능한 전세계적으로 중요한 난방제 선충이다. 기주범위는 넓어 채소류, 잡초, 관상수 등 23개과의 식물에 기생하며 특히 사탕무, 배추, 무 등 십자화과 채소에 피해를 주어 10~80%의 수량 손실을 준다.

사탕무씨스트선충에 의해 피해를 받은 배추는 뿌리 발달이 저해되고, 수분과 영양 결핍으로 생육이 불량하며, 기온이 높고 토양 수분이 부족할 경우 시들음 증상을 보였다. 2011년부터 2012년 동안 전국 223개의 배추 포장의 토양과 뿌리를 채집하여 사탕무씨스트선충의 분포를 조사한 결과 태백시 이외에서는 발견되지 않았다.

사탕무씨스트선충이 발생된 태백시 3개동 12.7ha에 대해 인근지역 확산 방지와 박멸을 위해 2011년에 훈증성살선충제(메탐소듐액제)를 처리하였으며 2012년에는 발생포장에 작물을 심지 않고 훈증성살선충제(다조멧입제)를 처리하였다. 방제전후 토양내 선충밀도를 조사한 결과 토양내 유충의 밀도와 씨스트의 수는 현저하게 감소하였으나 토양내 잔존하는 씨스트선충 내부에 알이 잔존해 있어 배추 등 기주작물을 심을 경우 재감염하여 밀도가 증가 될것으로 예상되어 지속적인 방제와 관리가 필요하다.

검색어: 사탕무씨스트선충, *Heterodera schachtii*, 배추, 방제

생물안보를 위한 산관학 협력(생물안보학 강좌 개설 방안)

홍기정¹, 이종호², 현익화², 정철의³

¹국립순천대학교 생명산업과학대학 식물 의학과

²농림축산검역검사본부 식물검역부

³국립안동대학교 자연과학대학 식물 의학과

세계화 및 경제성장으로 인한 국제교역 확대는 침입외래종(Invasive Alien Species; IAS)의 의도적 또는 비의도적 침입을 증대시키고 있다. 따라서 이러한 식물위생분야의 위험을 전략적·종합적으로 분석하고 관리하기 위해서는 이전의 소극적·방어적인 ‘식물검역(Quarantine)’에서 적극적·선제적인 ‘생물안보(Biosecurity)’로의 발상전환이 요구된다. 이와 관련하여 산·관·학의 유기적이고 긴밀한 연결을 모색하고자 2012년에 한국응용곤충학회 내에 ‘생물안보 소모임’을 구성하였다. 소모임 활동과 관련하여 최근에는 생물안보를 담당할 우수한 인재양성을 위한 체계적인 접근 필요성이 대두되고 있는 가운데, 국내외 사례 분석을 토대로 국내 대학의 교과목에 ‘생물안보학’ 강좌를 개설할 수 있는 방안을 모색해보고자 한다. 생물안보학 강좌와 관련한 미국의 사례 및 국내 대학의 현황을 살펴보고, 생물안보학 강좌에 필요한 교육교재 작성방안 및 커리큘럼을 제언하고자 한다. 생물안보학 강좌는 향후 생물안보를 담당할 우수한 인재를 양성하여 직업선택의 기회를 줌과 동시에, 침입외래종에 의해 유발되는 위험들에 대한 사전 경각심을 일깨울 수 있는 기회가 될 수 있을 것으로 판단된다.

검색어: 생물안보, 침입외래종, 대학 강좌, 커리큘럼

Management of Plant-Parasitic Nematodes in the Southeastern USA

Donald W. Dickson

Entomology and Nematology Dept, University of Florida, FL, USA

As nematologists we should ask ourselves how has nematode management changed or improved over the past 50 years. During this period we have lost over 12 key chemicals used as nematicides, some of which were highly efficacious. And in the meanwhile practically none have been added to our chemical control guides. This is problematic as we move into the future. For example, high value vegetable crops were highly dependent on methyl bromide for the past 40+ years. This product, whether used singly or in formulations mixed with chloropicrin, was highly efficacious against weeds, soilborne fungal diseases, and plant-parasitic nematodes. Now that the product is in very short supply, expensive, and allocated on the basis of critical use exemptions vegetable growers must begin to turn to other tactics. In 1994 scientist set a goal of developing a highly efficacious, reliable, and cost effective alternatives to methyl bromide but little success has been attained. The task was made difficult because of the lack of highly efficacious products, environmental constrains, worker protection issues, and newly imposed regulations that impact the use of soil fumigants. As a consequence we are moving toward a period when growers will be forced to choose less efficacious chemical products, if such products receive Federal registration, or choose other nematode management tactics. There has been only limited success with development of crop plants with resistance to plant-parasitic nematodes. Although promising, biological control has not yet made an impact on nematode management. Crop rotation, which has been listed as a control tactic for many years, remains one of the better choices for growers. Other tactics, e.g., solarization, organic amendments, and fallowing-flooding, etc have limited use. The pros and cons of each of these possible plant- parasitic nematode management tactics will be discussed.

Key words: plant-parasitic nematodes, management, vegetables

S4-2

Plant-Parasitic Nematodes of Regulatory Importance to Florida, USA

Janete A. Brito

Division of Plant Industry, Florida Department of Agriculture and Consumer Services, Gainesville, Florida, USA; and Courtesy Faculty, Entomology and Nematology Department, University of Florida, FL. USA.

Since 1956 the state of Florida has been implementing Nematology regulatory programs to protect high value crops such as Citrus spp and ornamental plants. The discovery of *Radopholus similis*, which causes a severe disease called “spreading decline” of citrus, during the 1950s, prompted the state to develop and implement strict phytosanitary and regulatory measures, including quarantine and a citrus nursery certification program to avoid further dissemination of the nematode. This also included two other major citrus pathogens, *Pratylenchus coffeae* and *Tylenchulus semipenetrans*. Also, ornamental and other plant nurseries certification programs were implemented to promote the export of plants to both national and international markets. These markets have restrictions against the movement of *R. similis* and other plant-parasitic nematodes that occur in Florida. Other plant-parasitic nematodes present in Florida, not regulated internally but regulated by other states and countries include *Rotylenchulus reniformis* and *Belonolaimus longicaudatus*. Regarding root-knot nematodes occurring in Florida, only *Meloidogyne enterolobii* is of regulatory concern because its ability to overcome the resistance of Mi-1, N, Rk, Tabasco and in omato, bell pepper, cowpea, sweet pepper and soybean, respectively, as well as other unidentified genes in soybean cultivars. The identification of *M. enterolobii* using morphological and morphometric characters, molecular markers, such as isozyme phenotypes (esterase and malate dehydrogenase) and mtDNA (C2F3/1108 primer set) will be discussed.

Key words: molecular markers, *Pratylenchus coffeae*, *Radopholus similis*, *Tylenchulus semipenetrans*, and *Meloidogyne enterolobii*

Short-term Effects of Low Heavy Metal Contamination on Soil Nematode Community Structure

Byeong-yong Park¹, Jae-Kook Lee¹ and Young Ho Kim²

¹Division of Crop Protection, National Academy of Agricultural Science, RDA, Suwon 441-707, Korea

²Department of Agricultural Biotechnology, Seoul National University, Seoul 151-921, Korea

Influences of low concentration of heavy metals (As, Cd, Cu and Pb) on the nematode community structure were examined to assess the changes of the soil ecosystem for a short period of time. Notable increases of heavy metal concentration on the experiment soil were found on the maximum and their 4-1x concentration treatment of all heavy metals after 18weeks. Overall abundance of the nematodes increased regardless of kinds of heavy metal and their concentrations. Also there were no significant differences in the nematode abundance among all treatments of heavy metals except the abundance of c-p 4 in the maximum treatment of Pb. The number of nematode genus found in soils treated with heavy metal solutions also increased compared to that of the genus of the initial soils; however, no significant differences in richness were observed among the treatments of all heavy metals. In maturity and diversity indices of the nematode community, no significant changes occurred in the soils treated with heavy metal solutions with a few exceptions such as MI2-5 and Σ MI2-5 for Pb, and MI2-5 for As. Significant decreases of the ecological indices in the treatments with highly concentrated heavy metal solutions were noticed in MI2-5 and Σ MI2-5 for Pb, and MI2-5 for As, respectively. All of these results is supposed that the maturity and diversity of the nematode community may be decreased in soils contaminated with heavy metals such as Pb and As at relatively low concentrations of a short period of time, which may be derived from differential effects of heavy metals at low concentrations on the growth and development of the nematodes with different c-p values and trophic types. In the analysis of food web structure, only structure index (SI) was significantly lowered in soils irrigated with the heavy metal solutions of Pb and As, but enrichment index (EI) and channel index (CI) were not, suggesting that stressful soil conditions might be provided to the soil food web structure governed by direct toxic effects of heavy metals differential to nematode populations with different trophic type sandc-p values. Analyses of correlation coefficients also suggest that the influence of heavy metals at low concentrations, especially by Pb, maybe most prominent on the nematodes of c-p2-5, including fungivores, providing stressful soil environments.

Key words: nematode community, heavy metals, pollution, soil health, Maturity Index

S4-4

Development of molecular marker for nematode diagnosis

Chang-Hwan Bae, Ju-Min, Jun and Kyunghee, Oh

Wildlife Genetic Resources Center, National Institute of Biological Resources,
Incheon 404-708, Korea

Recently, a rapid movement of agricultural products with an extensive international trading and climate change have led to an increased attention to nematodes as having regulatory significance. With the increase of global dispersal of pests, new diagnosis methods are required for a rapid and reliable species and/or biotype identification to restrict introduction of the pests. Recently, novel molecular diagnostic techniques provide clues to solve taxonomic problems associated with conventional species identification. In this articles, we proposed various molecular diagnostic techniques to complement the limitation of morphological taxonomy.

Key words: molecular diagnostic technique, nematode

Various Diagnostic Methods for Pine Wilt Disease

Young Ho Koh

Laboratory of Molecular Neur-Omics, Ilsong Institute of Life Science, Hallym University

Pine-wilt disease (PWD) is one of the most devastating forest diseases in Eurasia. PWD is known to be caused by pine wood nematode, *Bursaphelenchus xylophilus* which is indigenous in North America. Ever since PWD was found in Japan, PWD has been continuously spreading to Korea, Taiwan, China, Portugal and Spain. Because *B. xylophilus* infected trees died within 2 ~ 3 months, the most effective way to control PWD is preventing the translocation of infected trees to other regions. Thus, developing on-site diagnostic methods for identifying *B. xylophilus* infected tree is utmost important. Even though various cellular and molecular biological techniques were developed to identify *B. xylophilus* at the laboratory, they had certain limitations to be applied for on-site diagnostic methods. In this presentation, I will overview the recent advances in *B. xylophilus* detection methods. And then, I will present recent progression for developing on-site diagnostic methods for *B. xylophilus* made from my laboratory collaboration with Korea Forest Research Institute. The development of on-site diagnosis tool for PWD is one of the most arduous mission to accomplish. Thus, the accomplishment of our mission requires continued interest and support to PWD researches.

Key words: *Bursaphelenchus xylophilus*, *B. mucronatus*, molecular markers, bio-markers.

Injury Characteristics of Pine Wilt Disease, *Bursaphelenchus xylophilus*, in Korean Pine, *Pinus koraiensis*

Yil Sung Moon¹, Hye Rhym Han¹, Joung A Son¹, Jin A Hong¹
and Young Jin Jeong¹

¹Division of Forest Insect Pests and Diseases, Korea Forest. Research Institute

After pine wilt disease (PWD) at Korean pine, *Pinus koraiensis* has been first reported in the middle area of South Korea in 2006, it spread rapidly to the nearest area. However, it is difficult to predict the spread of damage and set up the proper control strategy specific to *P. koraiensis* because the pathology and the biology of PWD in *P. koraiensis* are not the same with PWD in *P. densiflora* and *P. thunbergii* distributed in middle southern area. So, we selected 25 of dead *P. koraiensis* in PWD damaged area and analyzed the inner-tree distribution of *Bursaphelenchus xylophilus* and the entrance holes of *Monochamus saltuarius*. There was no statistical significance between height or direction of wood extracted and the distribution of *B. xylophilus* among 25 dead pines. The entrance holes of *M. saltuarius* were concentrated on 7 dead pines without leaves and the maximum number of entrance holes in individual tree was 543. It indicates that the event of spawning of *M. saltuarius* adult and entrance of hatched *M. saltuarius* larvae to wood may be dependent on the time of death of host. The entrance holes were frequently found in a southward direction. These result shows that *M. saltuarius* larvae prefer relatively weak woody parts to enter easily. However, the relation between the thickness of bark of *P. koraiensis* and the frequencies of entrance holes of *M. saltuarius* was not observed.

Key words: Pine wilt disease, *Bursaphelenchus xylophilus*, *Pinus koraiensis*, *Pinus densiflora*, *Monochamus saltuarius*, *P. thunbergii*, distribution, injury characteristics

Molecular and Biochemical Characterization of Acetylcholinesterases of the Pinewood Nematode, *Bursaphelenchus xylophilus*

Jae Soon Kang¹, Yil-Sung Moon¹ and Si Hyeock Lee²

¹Division of Forest Insect Pests and Diseases, Korea Forest Research and Institute

²Department of Agricultural Biotechnology, Seoul National University

Three acetylcholinesterases (ACEs) were identified from the pinewood nematode, *Bursaphelenchus xylophilus*, and named BxACE-1, BxACE-2, and BxACE-3. Sequence comparison with known ACEs in conjunction with three-dimensional structure analysis suggested that all BxACEs share typical characteristics of ACE but show some differences in the peripheral anionic site. BgACE-3 was most predominantly transcribed, followed by ACE-1 and ACE-2. Immunohistochemistry using anti-BxACEs antibodies revealed that BxACE-1 is most widely distributed whereas BxACE-2 exhibits more localized distribution in neuronal tissues. BxACE-3 was detected from entire body together with some limited tissues, and determined to be soluble. Kinetic analysis of *in vitro* expressed BxACEs revealed that BxACE-1 has the highest substrate specificity whereas BxACE-2 has the highest catalytic efficiency with BxACE-3 having the lowest catalytic efficiency. Interestingly, presence of BxACE-3 in the pool of BxACEs significantly reduced the inhibition of BxACE-1 and BxACE-2 by inhibitors. Knockout of BxACE-3 by RNAi significantly increased the toxicity of nematicides, supporting the protective role of BxACE-3 against these toxicants. Taken together, BxACE-1 appears to be the major ACE with the function of postsynaptic transmission whereas BxACE-3 has been evolved to acquire the function of chemical defense. BxACE-2 appears to play a role in post-synaptic transmission in specialized neurons.

Key words: Pinewood nematode, acetylcholinesterase, kinetics, inhibition assay, RNAi

S5-1

Spatial and Temporal Dynamics in Ecological Modelling

Tae-Soo Chon*

Division of Biological Sciences, Pusan National University
tschon@pusan.ac.kr

Due to unprecedented economic development and human aggregation since the end of 20th century, disturbances are ubiquitous across different fields, conservation, pest management, biodiversity, agriculture/forestry, fishery, and epidemics. Disturbing agents are spatially and temporally expanding and regarded difficult to analyze due to complexity residing in the totality of environment-organism relationships. Some basic mathematical models were reviewed in expressing temporal abundance and spatial distribution of populations. Ecological modelling procedure was outlined, and a few case studies were presented in pest population dispersal. Efficiency of spatial models was further illustrated in prediction and provision of management policies. Other related models such as individual based models and cellular automata were discussed additionally in expressing spatial and temporal dynamics in individual and population levels.

key words : spatio-temporal dynamics, ecological models, cellular automata

Development of a Dynamic Model for Estimating the Food Web Transfer of Pollutants in Terrestrial Tritrophic Systems

Kijong Cho*, Yongeun Kim and Hyoung-ho Mo

Division of Environmental Science and Ecological Engineering, Korea University

Recently, an integrated approach in insect ecology that including development of biological models and estimation of various effects using a logical model has become important. Through the biological components of ecosystem having complex temporal and spatial patterns, and complicated interactions of biotic and abiotic factors, dynamic models can be useful tools to investigate the whole ecosystems.

Pollutants in terrestrial ecosystem can be transferred to insect body through insect's sucking plant tissue, and effect on their biological properties. Trend of pollutants transfer from soil to plant root can be estimated using free ion activity model (FIAM), and distribution and accumulation in plant parts can be described by dynamic model with water potential, water translocation, and transfer rate. Biological response of plant and insect can be illustrated the dynamics model based on experiment data. The combination of these models show an overall behavior of toxicant and the interaction between plant and insect with time.

The objectives of the research are to comprehensively analyze the transfer and effects of pollutant in soil, plant and insect system and to develop the assessment technique for soil ecosystem using dynamic modelling concerning the causal relationship and feedback processes. We are aimed specifically at prediction and assessment of various polluting scenarios of soil ecosystem through data collection from laboratory and field investigation, modelling and evaluation using module software programing.

key words : FIAM, causal-relationship model, assessment technique, feedback processes

S5-3

Effects of Hunting and Escaping Strategy of Predator and Prey on the Ecosystem

Sang-Hee Lee* and Jung-Hee Cho

Division of Fusion and Convergence of Mathematical Sciences, National Institute for Mathematical Sciences

Understanding the predator-prey dynamics is essential to comprehend the ecosystem resilience and stability because ecosystems consist of dynamically interacting subsystems with predator-prey relationship. The relationship is likely to be of the predator and prey hunting-escaping strategy. Thus, to better understand the ecosystems, we should comprehend how the hunting and the escaping strategy affect the ecosystems. To do so, we constructed a spatially explicit lattice model to simulate the integrative predator-prey-plant relationships. When an individual simultaneously encounters its predator and/or prey, the individual should take priority between the two strategies. When the hunting (or escaping) strategy takes priority, we call it hunting preferred strategy, *HPS*, (or escaping preferred strategy, *EPS*). Each strategy was characterized by the willingness for each strategy. The degree of willingness was represented as H (for hunting) and E (for escaping). Higher value of H (or E) means stronger willingness for hunting (or escaping). We investigated the population density of each species for different values of H and E for *HPS* and *EPS*. The main conclusion that emerges from this study was that *HPS* plays a positive role in the ecosystem stability. In addition, we briefly discussed the development of the present model to be used to understand the predator-prey interaction in specific species.

key words : Predator-prey system, Hunting and escaping strategy, Foraging, Lattice model

Population Interaction between *Sitophilus zeamais* and Its Parasitoid, *Anisopteromalus calandrae*

Youngwoo Nam¹, Key-Il Shin², Kijong Cho³ and Mun Il Ryoo^{3*}

¹Division of Forest Disease and Insect Pests, Korea Forest Research Institute

²Department of Statistics, Hankuk University of Foreign Studies

³Division of Environmental Science and Ecological Engineering, Korea University

Population dynamics of maize weevil, *Sitophilus zeamais*, and their parasitoids *Anisopteromalus calandrae* were examined while considering the spatio-temporal interactions using population modelling as a tool. The modelling of two species host-parasitoid systems identified the some factors concerning the long-term dynamics of interacting populations. In the single host system, the total density of *S. zeamais* increased exponentially and reached a saturated, asymptotic level with time. This stabilization in the density could be explained by the spatio-temporal dynamics among the patches. *S. zeamais* disperses continuously from patches of high density to those of low density. This density-dependent dispersal could be one of the mechanisms for stabilizing the *S. zeamais* population density. In the *S. zeamais*-*A. calandrae* system, both populations showed long-term coexistence. The long term coexistence could be attributed to spatio-temporal interactions of *S. zeamais* and *A. calandrae* resulted from dispersal of host and a non-random searching behavior of the parasitoid. Because such spatio-temporal variation in population dynamics, the overall host-parasitoid system may have been in a stable state, although the local population system in each patch was unstable.

Key words: *Anisopteromalus calandrae*, coexistence, density dependent, *Sitophilus zeamias*, Spatio-temporal heterogeneity

S5-5

Analysis of Population Dynamics in Space and Time

Young-Seuk Park*

Department of Biology, Kyung Hee University

Understanding population dynamics is an important issue in population ecology because it can provide insight into factors determining population behavior as well as providing guidelines for population management. Complex population dynamics generally result from the combined influences of both intrinsic and exogenous forces. Therefore suitable analyzing methods are needed. In this presentation, various time series analyses approaches such as autocorrelation, Fourier Transformation, Cross-correlation, synchrony etc. will presented to extract information embedded in the population data observed in agricultural and forest ecosystems.

Key words: Population dynamics, time series analysis, insect population

기후와 서식지 정보를 이용한 곤충의 지리적 분포 추정 모형 : 문헌적 고찰과 사례연구

김동순*, 에피넷¹

제주대학교 생명자원과학대학, 주식회사 에피넷

곤충을 포함한 생물의 잠재적 서식지나 정착평가 분야에서 기후-서식지 모형화 기술이 폭넓게 이용되고 있다. 이러한 기술은 최근 지구온난화에 따른 새로운 침입해충의 유입 가능성이 증가함에 따라 향후 잠재적 분포지역 예측 및 관리방안 수립 등에도 활용되고 있다. 지금까지 침입해충의 정착이나 분포확산을 다루는 기술은 근본적으로 생태적 지위 모형(Ecological niche models)로서 기전모형(Mechanistic models)과 경험적 모형(Empirical models)으로 구분할 수 있다. 전자는 비생물적 요인에 대한 생리적 내성을 기초로 정착 여부 평가하는 방법으로 기본적 니체(fundamental niche)를 추정한다. 후자는 비생물적 요인과 해당 해충의 발생과의 상관관계를 기초로 현실적 니체(realized niche)에 접근한다. 이러한 생태적 지위모형은 다양하게 개발되었는데, CLIMEX, SPECIES, 유전적 알고리즘(GARP, genetic algorithm), 최대 엔트로피(Maxent, maximum entropy) 등 다양한 기법들이 제시되었다. 본 연구에서는 우리나라로 침입이 우려되는 과실파리류에 대하여 저온사망률 자료를 이용한 내한성 모형(일종의 기전모형)을 소개한다. 또한 국내 기후환경에서 잠재적 분포지역을 추정하고, RCP 8.5 시나리오에 따라 향후 분포지역의 변동을 고찰한다. 본 모형은 1km 전자기후도를 이용하여 GIS 기반 웹-시스템으로 구현하였다 (http://npqs.epinet.co.kr/html2/page1_1.html).

*Corresponding Author: dongsoonkim@jejunu.ac.kr;

본 연구의 일부는 농림수산검역검사본부 2011~2012 연구사업비로 수행되었음.

검색어: 해충정착평가, 기전모형, 내한성 모형, 저온사망률, 과실파리

S5-7

동일연령집단 기반 개체군 밀도변동 모델을 이용한 톱다리개미허리노린재 연간 생활사 추정

박창규, 이상구, 박홍현, 김광호, 이상계, 서보운

국립농업과학원 작물보호과

톱다리개미허리노린재 [*Riptortus pedestris* (Thunberg)]의 경우 쿵으로 침입해 들어오는 시기가 쿵의 개화시기와 관련하여 특정 시기에 한정되어 있다. 만약 쿵이 개화하는 시기에 주변 톱다리개미허리노린재 개체군의 밀도 및 성충의 상대적 비율 등을 추정할 수 있다면 약제 방제 시기의 결정이나, 파종 시기의 변경과 같은 경종적 방법을 이용한 피해 경감 전략 수립에 큰 도움이 될 것이다. 따라서 본 발표는 톱다리개미허리노린재의 발육, 산란 등을 설명하는 수학적 함수를 상용 소프트웨어를 사용하여 밀도변동 예측 모델을 구축한 후 이를 이용한 시뮬레이션 결과 및 의미를 평가하고자 한다. 톱다리개미허리노린재 밀도 변동 예측 모델은 상용소프트웨어인 DYMEX[®] (Maywald et. al., 2007)를 이용하여 구축하였다. 모델은 10개의 모듈로 구성되었으며, Lifecycle 모듈은 알, 1, 2, 3, 4, 5령, 성충의 7개 발육 단계로 구성하였다. 각 층태별 온도에 따른 발육율, 발육완료 함수 및 성충의 사망률함수, 누적산란율 함수는 Kim et al. (2009)이 발표한 논문의 자료를 사용하였다. 성충 발육율 함수는 동 논문의 자료를 이용하여 별도로 추정하였고, 성충의 성비는 0.5로 가정하였다. 모델의 평가를 위해 2010~2012년 3년간 경기도 화성시 팔탄면, 충청남도 예산군 신암면에서 집합페로몬 트랩을 이용하여 3월부터 11월까지 매주 조사된 톱다리개미허리노린재 성충 포획 성적과, 경기도농업기술원과 충청남도농업기술원에서 운영하고 있는 화성시 팔탄면, 예산군 신암면에 설치된 자동기상관측장비(AWS)의 기상 자료를 사용하였다. 시뮬레이션 결과 톱다리개미허리노린재는 연간 3~4세대 발생 가능하였으며, 예측된 세대간 연도간 발생시기 및 밀도는 조사치와 차이가 있었으나 밀도 변동 경향은 비슷하였다.

검색어: 톱다리개미허리노린재, 개체군 밀도변동 모델, DYMEX[®], 평가

생태계 생지화학모형을 이용한 2009년 남부지방 소나무 고사현상 분석

강신균^{1*}, 임종환²

¹강원대학교 자연과학대학 환경과학과

²국립산림과학원 산림보전부 산림생태연구과

식생의 계절 및 연간변동성은 식물을 먹이자원으로 살아가는 섭식자의 개체군 동태와 상호작용하는 중요한 생태계 요소이다. 이 발표에서는 생태계생지화학모형, 위성영상정보, 지상관측영상정보 등을 활용해 수행한 산림식생의 계절성 및 연간변동성에 대한 연구결과를 소개한다. 구체적인 사례들로 (1) 2009년 남부지방에서 보고된 광범위한 소나무 고사현상에 대한 기상요인의 영향을 파악하기 위해 수행한 생태계 생지화학모델링의 식생동태 계절 및 연간변동성 결과, (2) 지상관측영상정보를 활용해 낙엽활엽수림 임관의 계절변화를 관측하고 이를 증산류 측정과 연계하여 해석한 연구결과, 그리고 마지막으로 (3) 위성영상정보를 활용해 우리나라 전역의 임관개엽일 추정모형의 개발과 적용사례를 소개한다. 생태계 생지화학모형은 대기-식생-토양간의 에너지/물/탄소/질소 흐름과정을 모사하는 과정에서 다양한 생태계 상태(state) 및 과정(flux) 변수를 생산한다. 이를 이용해 식물성장의 빛/물/질소이용효율과 같은 생태생리학적 지수를 산출하여 기상현상에 따른 식물생육의 영향을 분석하는 수단을 제공한다. 2009년에 남부지방에서 소나무 고사현상이 널리 발견되었으며, 모형분석 결과 이전 해 가을부터 당해 이른 봄철까지의 심각한 강수량 부족현상으로 인한 광합성 효율을 저하가 한가지 원인으로 파악되었다. 이러한 물 부족에 의한 생태생리학적 성장저해는 2008-2009년 겨울은 물론, 2000년 이후 수 차례 반복된 현상으로 특히 진주 인근의 경남지역에서 심각했던 것으로 분석되었다. 반면에 중부지역의 경우 2000년대 중반에 경기도 지역을 중심으로 낙엽활엽수림의 성장저해가 심각하였던 것으로 모사되었다. 모형의 모사결과와 당시 중부지방에 창궐하였던 참나무 마름병 간의 연관성은 아직 분석된 바가 없다. 매일 주야 4회 제공되는 MODIS 위성영상은 임관의 개엽과 발달, 성숙, 쇠퇴와 낙엽 등 식물계절현상을 관측하는 유용한 수단을 제공한다. 그러나 250m에서 1km에 달하는 거친 공간해상도는 다양한 수종의 혼합된 분광정보를 제공하고, 빈번한 운무에 의한 위성영상자료의 결손은 정교한 식물계절일 탐지의 어려움을 제공한다. 이러한 단점을 일부 극복한

전처리 과정을 거친 MODIS 영상을 이용해 혼효림 및 낙엽활엽수림 지역의 임관개엽일을 추정하는 기법을 개발하였고, 위성기반의 개엽일 자료와 기상자료를 결합하여 기온의 계절변화에 따른 임관개엽일 추정모형을 개발하였다. 임관개엽모형을 이용해 미래 기후변화에 따른 한반도 식생의 개엽일 변화를 예측하였다. 이 발표에서는 이들 연구과정과 결과들을 간략히 소개하여, 곤충개체군 연구와의 접목점을 논의할 것이다.

검색어: 생지화학모델링, MODIS 위성영상, 임관개엽모형

Modeling Geographical Distribution of Insect Population with Effect of Climate Change Using CLIMEX in Korea - Case Study Using Leafminer Population Data

Jung-Joon Park^{1*}, Myung-Pyo Jung² and Kijong Cho³

¹Dept. Applied Biology, Institute of Agricultural and Life Science,
Gyeongsang National University

²Crop Protection Division, National Academy of Agricultural Science

³Division of Environmental Science and Ecological Engineering, Korea University

Earth's average temperature has risen by 0.78°C over the past century, and is projected to rise another 1.1 to 6.4°C over the next hundred years based on recent announced RCP8.5 climate change scenario. Small changes in the average temperature of the planet can translate to large and potentially dangerous shifts in biosphere. Based on climate change scenario, local distribution of well-known species should be changed in near future. Models, if applied appropriately, give useful and rapid predictions of the potential distribution of the target species. CLIMEX is one of modeling systems that may provide insights into the climatic factors that limit the geographical distribution of a species in different parts. Climatic parameters and the climate matching function of CLIMEX enable the risks of an exotic species as well as well-known species to be assessed by directly comparing the climatic condition of a given location with any number of other locations without knowing the full distribution of a species. However, CLIMEX supports only three locations in Korea (Seoul, Pusan and Kangnung province). We generated detail weather database of Korea for CLIMEX, and simulated using the data of American serpentine leafminer, *Liriomyza trifolii* (Burgess), a key pest and well-known species in Korea for application of future risk assessment under possible climate change condition in Korea.

Key words: climate change, geographical distribution model, CLIMEX, *Liriomyza trifolii*

NGS-based Genome Analysis of Microbial Resources

Haeyoung Jeong

Korean Bioinformation Center, KRIBB

Recent years have seen the introduction of next-generation sequencing (NGS) technologies and their use in the fields of bioscience and biotechnology. Not only has the availability of NGS technologies revolutionized the way genome research is carried out, the massive sequence data produced by NGS technologies have also been driving the advancement in bioinformatics required for downstream analysis, storage, and accessibility. However, the processing of NGS data is still challenging owing to such properties as the shortness of reads, the sheer amount of data, and the low base qualities. For high-quality *de novo* genome sequencing, we used a hybrid approach that utilizes Sanger end sequencing of fosmid libraries for the scaffolding of NGS-derived contigs. This strategy was successfully applied to the genome sequencing of microbial cell factories requiring a complete gene list for the metabolic pathway, and a regulatory network for the design and development of industrial strains. Recently, software developments have facilitated *de novo* genome assembly which can produce genome scaffolds from short reads only. Automatic gap closing, which incorporates paired-end short reads into preexisting scaffolds, is also feasible. High-throughput multiplexed genome sequencing based on the Illumina platform has become a routine task for genome prospecting and the comparative genomic analysis of useful microbial strains. We also carried out the resequencing of *E. coli* strains generated from a combined approach of a long-term experimental evolution and proton beam-induced mutagenesis. NGS-based resequencing allows the identification of genetic variations from multiple samples at a lower cost, and the tracing of evolutionary pathways that are engraved in the genomic sequences. NGS-based transcriptome sequencing (RNA-seq), which is becoming popular as a substitute for traditional microarray experiments, also provides evidence for the identification of genes from novel genomes. Recent achievements in genome sequencing and analysis of eukaryotic microbes will also be introduced.

Key words: Next-generation sequencing, genome, transcriptome

Next Generation Sequencing For Insect Genetics.

Changhoon Kim¹

¹Bioinformatics Institute, Macrogen Inc., Seoul 151-741, Republic of Korea

The rapid advances in next generation sequencing (NGS) technologies have brought about huge improvement in sequencing throughput for affordable prices and revolutionized genomics researches. Nowadays, whole genome draft sequence for mid-sized genomes such as insects' can be obtained in a couple of months. And the gene space in action can be easily determined by whole transcriptome sequencing, even when the reference genome sequence is not available.

In this workshop, experiences at Macrogen with NGS technology for whole genome sequencing and whole transcriptome sequencing will be presented focusing on insect researches, employing Illumina Hiseq2000 and/or Roche 454 platforms.

*communication author: Tel. 02-2113-7783 , E-mail: kimchan@macrogen.com

The Strategies of NGS Data Analysis to Genome Biology

Ik-Young Choi¹ and Hyung-Wook Kwon²

¹National Instrumentation Center for Environmental Management, College of Agriculture and Life Sciences, Seoul National University

²WCU Biomodulation, Seoul National University

The application to genome study has been particularly developed with the introduction of the next-generation DNA sequencer (NGS) Roche/454 and Illumina/Solexa systems, along with bioinformation analysis technologies of whole-genome *de novo* assembly, expression profiling, DNA variation discovery, and genotyping. One of the advantages of the NGS systems is the cost-effectiveness to obtain the result of high-throughput DNA sequencing for genome, RNAome, and miRNAome studies. Both massive whole-genome shotgun paired-end sequencing and mate paired-end sequencing data are important steps for constructing *de novo* assembly of novel genome sequencing data and for resequencing the samples with a reference genome DNA sequence. To construct high-quality contig consensus sequences, each DNA fragment read length is important to obtain *de novo* assembly with long reading sequences of the Roche/454 system. It is necessary to have DNA sequence information from a multiplatform NGS with at least 2× and 30× depth sequence of genome coverage using Roche/454 and Illumina/Solexa, respectively, for effective an way of *de novo* assembly, as hybrid assembly for novel genome sequencing would be cost-effective. In some cases, Illumina/Solexa data are used to construct scaffolds through *de novo* assembly with high coverage depth and large diverse fragment mate paired-end information, even though they are already participating in assembly and have made many contigs. Massive short-length reading data from the Illumina/Solexa system is enough to discover DNA variation, resulting in reducing the cost of DNA sequencing. MAQ and CLC software are useful to both single nucleotide polymorphism discovery and genotyping through a comparison of resequencing data to a reference genome. Whole-genome expression profile data are useful to

approach genome system biology with quantification of expressed RNAs from a whole-genome transcriptome, depending on the tissue samples, such as control and exposed tissue. The hybrid mRNA sequences from Roche/454 and Illumina/Solexa are more powerful to find novel genes through *de novo* assembly in any whole-genome sequenced species. The 20× and 50× coverage of the estimated transcriptome sequences using Roche/454 and Illumina/Solexa, respectively, is effective to create novel expressed reference sequences. However, only an average 30× coverage of a transcriptome with short read sequences of Illumina/Solexa is enough to check expression quantification, compared to the reference expressed sequence tag sequence. In an *in silico* method, conserved miRNA and novel miRNA discovery is available on massive miRNAome data in any species. Particularly, the discovered target genes of miRNA could be robust to approach genome biology study.

Key words: Whole genome, NGS, *de novo* assembly, resequencing, multiplatform, expression profiling

S7-4

Comparison of the Insect and Mammalian Olfactory Receptor Systems on the Basis of Genome Analysis Results - How Similar They Are?

Chankyu Park and Dinh Truong Nguyen, Kyooyeol Lee

Department of Animal Biotechnology, Konkuk University

Insects and animals can recognize surrounding environments by detecting thousands of chemical odorants. Olfaction is a complicated process that begins in the olfactory epithelium with the specific binding of volatile odorant molecules to dedicated olfactory receptors (ORs). OR proteins are encoded by the largest gene superfamily in the mammalian genome. We report here the whole genome analysis of the olfactory receptor genes of *S. scrofa* using conserved OR gene specific motifs and known OR protein sequences from diverse species. We identified 1,301 OR related sequences from the *S. scrofa* genome including 1,113 functional OR genes and 188 pseudogenes. OR genes were located in 46 different regions on 16 pig chromosomes. We classified the ORs into 17 families, three Class I and 14 Class II families, and further grouped them into 349 subfamilies. We also identified inter- and intra-chromosomal duplications of OR genes residing on 11 chromosomes. A significant number of pig OR genes (n=212) showed less than 60% amino acid sequence similarity to known OR genes of other species. We also performed a similar analysis on the cattle OR subgenome and identified 1,071 OR related sequences. We show that *S. scrofa* has one of the largest OR repertoires, suggesting an expansion of OR genes in the swine genome. Considering available information from literature, it seems that OR systems between mammals and insects possess high similarity in their action mechanisms and rapid evolutionary changes due to differences in living environments.

Key words: Olfactory receptors, pigs, cattle, OR genes, genome, evolution

Characterization of *Diadegma fenestrale* Ichnovirus (DfIV) and Comparisons of its Gene Expression Patterns in Two Lepidopteran Hosts

**Ju Il Kim, Min Kwon, Si Hyeock Lee¹, Yong Gyun Kim²,
Jin Kyung Choi³ and Jong Wook Lee³**

Highland Agriculture Research Center, NICS, RDA

¹Department of Agricultural Biotechnology, Seoul National University

²Department of Bioresource Sciences, Andong National University

³Department of Life Sciences, Yeungnam National University

The *Diadegma fenestrale* is known as parasitoid on potato tuber moth, *Phthorimaea operculella* and diamondback moth, *Plutella xylostella*. The *Diadegma* genus is reported to have symbiotic virus, ichnovirus, *D. fenestrale* Ichnovirus (DfIV) was identified from this species which is a first report. DfIV showed typical ichnovirus shape with two membranes surrounding the virus capsid. To identify DfIV genes, whole genome sequencing based on GS-FLX was conducted using purified total DfIV genomic DNA extracted from *D. fenestrale* calyx. About sixty ORFs were analyzed and several typical ichnovirus gene families were detected such as cys-motif, repeat element, vinnexin and vankyrin. Present study was focused on the gene expression patterns in two different lepidopteran hosts.

Key words: *Diadegma fenestrale*, ichnovirus, DfIV, *Phthorimaea operculella*, *Plutella xylostella*

2013 한국응용곤충학회 정기총회 및 춘계학술발표대회



구두 발표



0001

Olfactory Response and Feeding Preference of the *Liriomyza huidobrensis* (Blanchard) (Diptera: Agromyzidae) to Potato Varieties

Rameswor Maharjan and Chuleui Jung

Department of Bioresources Science, Graduate School, Andong National University

The potato leafminer fly, *Liriomyza huidobrensis* (Blanchard) (Diptera: Agromyzidae) is a polyphagous pest attacking many vegetables and ornamental plants. We found *L. huidobrensis* were infesting potato crop in Miryang and Goreyong in 2011. Five potato (*Solanum tuberosum*) varieties (*Ghowun*, *Daeri*, *Sumi*, *Chubeak*, and *Seohong*) were tested for the preference of *L. huidobrensis*. In the olfactometer bioassay, leafminers chose the *Ghowun* variety most (55%) followed by *Sumi* (18%). Remaining 3 varieties were chosen less than 10%. When leafminers choose and move toward the preferred variety, movement speed was faster. In the plant choice test in the laboratory, as expected, *Ghowun* was the most chosen but the choice of the other 4 varieties was not different. The same pattern as found in the plant choice test conducted in the greenhouse. Feeding frequency was the highest in *Ghowun* variety followed by *Sumi* > *Daeri* = *Seohong* > *Chubaek* in the laboratory test but *Ghowun* > *Sumi* > *Chubaek* > *Daeri* = *Seohong* in greenhouse test. When measured in 2 weeks after release, plant damage rates and number of mines were in congruence to the preference results. Further study is needed to clarify the factor responsible for the choice of the plants and also the ways to manage this new pest.

Key words: Potato leafminer fly, five-arm olfactometer, varieties, feeding behavior

Novel Histopathological and Molecular Effects of Natural Compound Pellitorine on Larval Midgut Epithelium and Anal Gills of *Aedes aegypti*

Haribalan Perumalsamy^{1,2}, Jun-Ran Kim^{1,2}, Sang Mi Oh², Je Won Jung²,
Hyung Wook Kwon² and Young-Joon Ahn²

¹Research Institute for Agriculture and Life Science, Seoul National University

²WCU Biomodulation Major, Department of Agricultural Biotechnology,
Seoul National University

The yellow fever mosquito, *Aedes aegypti*, is a vector for transmitting dengue fever and yellow fever. An assessment was made of the histopathological and molecular effects of pellitorine, an isobutylamide alkaloid, on third instar *Ae. aegypti* larvae. At 5 mg/L concentration of pellitorine, whole body of the treated larvae became dark in color, particularly damaged thorax and abdominal regions. Pellitorine targeted mainly on midgut epithelium and anal gills, indicating variably dramatic degenerative responses of the midgut through a sequential epithelial disorganization. The anterior and posterior midgut was entirely necrosed, bearing only gut lumen residues inside the peritrophic membranes. Pellitorine caused comprehensive damage of anal gill cells and branches of tracheole and the debris was found in hemolymph of anal gills. RT-PCR analysis indicates that the compound inhibited gene expression encoding V-type H⁺-ATPase and aquaporine 4 after treatment with 2.21 mg/L pellitorine. The results provide a fact that pellitorine merits further study as a potential larvicide with a specific target site or a lead molecule for the control of mosquito populations.

Key words: *Aedes aegypti*, pellitorine, histopathology, midgut, anal gill, target site, V-type H⁺-ATPase, aquaporine

0003

Gene cloning of a Putative Plasmatocyte-spreading Peptide-binding Protein and its Function In Immune Responses of *Spodoptera exigua*

Jiyeong Park and Yonggyun Kim

Department of Bioresources Sciences, Andong National University

Immune defense is indispensable for insect survival. However, uncontrolled and excessive immune responses would be highly detrimental and energy-consuming processes. An insect cytokine, plasmatocyte-spreading peptide (PSP), induces hemocyte-spreading behavior as well as activating phenoloxidase (PO) in the beet armyworm, *Spodoptera exigua*. A hemocyte transcriptome of *S. exigua* contains a partial sequence of a putative PSP-binding protein (SePSP-BP). *SePSP-BP* was expressed in all developmental stages especially in hemocytes and fat body. A quantitative RT-PCR showed that the bacterial infection significantly up-regulated the expression level of *SePSP-BP*. A double-stranded RNA specific to *SePSP-BP* (dsRNA^{SePSP-BP}) was injected and suppressed *SePSP-BP* expression even in response to bacterial challenge. The larvae treated with dsRNA^{SePSP-BP} suffered high mortality to infection of nonpathogenic bacteria and prolonged high PO activity after the immune challenge. These results suggest that SePSP-BP may play a role in suppressing immune responses as a negative controller.

Key words: PSP-binding protein, PO, Immune, *Spodoptera exigua*

Comparative Analysis of Common Host Two Baculoviruses Genomes Isolated from *Hyphantria cunea* in Korea

Jae Bang Choi, Tae Young Shin, Sung Min Bae, Mi Ra Yu and Soo Dong Woo

Department of Agricultural Biology, Chungbuk National University

Hyphantria cunea is a fall webworm is considered an agricultural pest. It is a major pest of many board-leaved trees. *H. cunea* nucleopolyhedrovirus (HcNPV) and *H. cunea* granulovirus (HcGV) were isolated from the fall webworm cadavers in Korea. To better understand HcNPV and HcGV, their genomic sequences were determined, analyzed and compared to two viruses together. The entire nucleotide sequence of the HcNPV genome was fully sequenced using 454 pyrosequencing. The genome of the HcNPV was 131,302 bp with a 45 % G+C content. Computer assisted analysis predicted 146 open reading frames (ORFs) of 50 or more amino acids that showed minimal overlap. Further more, when the phylogenetic relationship was analyzed, HcNPV was closely related to *Orgyia pseudotsugata* MNPV (OpMNPV) which belong to Group I NPV. The HcGV genome was 114,557 bp with a 39% G+C content and contained 130 putative ORFs of 50 or more amino acids. When phylogenetic relationships were analyzed, HcGV was closely related to *Xestia c-nigrum* granulovirus, which belong to the Type-II GV. HcNPV shares 48 ORFs with HcGV. The most significant difference between HcNPV and HcGV is *fgf* gene. HcNPV contains one *fgf* gene, whereas HcGV contains three *fgf* genes. The presence of *fgf* reduces the time and efficient systemic infection it takes the virus to kill its host. The difference of *fgf* number from HcNPV and HcGV suggested that different affect for the speed of systemic infection.

Key words: *Hyphantria cunea*, HcNPV, HcGV, genome sequence, *fgf* gene

0005

Polyhedrin Fusion Expression Enhance the Production of Foreign Protein in Baculovirus Expression System

**Sung Min Bae¹, Hee Jung Kim¹, Tae Young Shin¹, Jae Bang Choi¹, Yeon Ho Je²,
Byung Rae Jin³ and Soo Dong Woo¹**

¹Department of Agricultural Biology, Chungbuk National University (sdwoo@cbnu.ac.kr)

²Research Institute for Agriculture and Life Sciences, Seoul National University

³College of Natural Resources and Life Science, Dong-A University

To enhance the production efficiency of foreign protein in baculovirus expression system, the effects of polyhedrin fragments were investigated by fusion expression them with the enhanced green fluorescence protein (EGFP). Recombinant viruses were generated to express EGFP fused with polyhedrin fragments based on the minimal region for self-assembly and the KRKK nuclear localization signal (NLS). The increase of EGFP production by fusion expressions was confirmed through protein and fluorescence intensity analyses. The importance of nuclear localization for enhanced production of EGFP was shown by the mutation of the NLS within the fused polyhedrin fragment. Among the fusion expressed protein in cytoplasm, the most hyper-expression was observed in the fusion of amino acids 32 to 59 of polyhedrin. Polyhedrin fragment fusion expression with classical swine fever virus E2 protein also resulted hyper-enhanced expression of E2 protein. However, the fusion expression of porcine circovirus ORF2 with polyhedrin fragment did not show significant enhance of ORF2 production. These results suggested that the enhancement of foreign protein production when fused with polyhedrin is caused by the enhanced stability of expressed protein.

Key words: Baculovirus, Polyhedrin, Fusion expression, Localization

Sequential Immunosuppressive Activity of Bacterial Metabolites of an Entomopathogenic Bacterium, *Xenorhabdus nematophila*

Seonghyeon Eom, Youngjin Park and Yonggyun Kim

Department of Bioresource Sciences, Andong National University, Andong 760-749, Korea

An entomopathogenic bacterium, *Xenorhabdus nematophila*, secretes at least eight bacterial metabolites, which have suppressive effects on insect immunity. This study quantified their sequential production during bacterial growth and analyzed their individual immunosuppressive activities against an insect host, *Spodoptera exigua*. *X. nematophila* exhibited a typical bacterial growth in both insect host and culture medium, in which eight metabolites were secreted in different time points. At early growth phase (6 to 12 h), Ac-FGV, Cis-cPY, PHPP and indole metabolites were detected in the culture broth. During early growth phase, PHPP was highly potent to inhibit phenoloxidase activity as well as nodule formation. At late growth phase (24 to 48 h), BZA, HPA, PY were detected at 10 – 140 ppm in the culture broth, their metabolites were highly potent to inhibit phospholipase A2 and to induce cytotoxicity to hemocytes. These results suggest that *X. nematophila* sequentially produces the immune suppressive metabolites, which cooperatively inhibit different steps of insect immune responses.

Key words: Insect immune, immunosuppression, *Xenorhabdus nematophila*, hemocyte, benzylideneacetone.

0007

Screening and Characterization of Antimicrobial Metabolites from Entomopathogenic Fungi

Tae Young Shin, Seung Hyun Ko, Won Woo Lee, Jae Bang Choi, Sung Min Bae and Soo Dong Woo

Department of Agricultural Biology, Chungbuk National University

Entomopathogenic fungi are natural pathogens of insects and contribute to the regulation of host insect populations in the environment. Several these fungi produce a wide range of secreted enzymes, secreted protein toxins and secondary metabolites to overcome host defenses and ultimately kill the host, and to defend host resources against competing pathogens and saprophytes. This study was performed to evaluate the antimicrobial activity of 207 entomopathogenic fungi from Korea soils against plant pathogenic bacteria *Ralstonia solanacearum* and plant pathogenic fungi *Botrytis cinerea* using dual culture technique on SDYA. As results, twelve isolates (5.7%) and six isolates (2.8%) showing the greatest inhibition against *R. solanacearum* and *B. cinerea*, respectively. The culture supernatant of these selected isolates completely suppressed the growth of the pathogen, indicating that suppression was due to the presence of antimicrobial compound in the culture filtrate. The stability test of the culture filtrate showed that the antimicrobial component was heat stable and not protein. These entomopathogenic fungal metabolites may be a good feature to be used in the development of a new biocontrol method of *R. solanacearum* and *B. cinerea*.

Key words: entomopathogenic fungi, antimicrobial activity, dual culture, culture filtrate

Selection and Evaluation of Acaropathogenic fungi to the Bulb mite, *Rhizoglyphus echinopus*

Seung Hyun Ko, Tae Young Shin, Won Woo Lee, Jae Bang Choi,

Sung Min Bae and Soo Dong Woo

Department of Agricultural Biology, Chungbuk National University

The bulb mite (*Rhizoglyphus echinopus*) damages garlic, shallot and onion in the bulbs, corms and tubers. It has recently become a serious problem because of the continuous use of acaricides resulting in resistance among bulb mite population. Thus, there is need to find alternative control measures to suppress bulb mite population. Here, we report the screening result of pathogenic fungi for the control of *R. echinopus*. Initial screenings were performed using 352 isolates of entomopathogenic fungi from Korea soils. As results, 15 isolates of acaropathogenic fungi showed the pathogenicity to bulb mite supporting fungal conidiation. These isolates were identified as 3 isolates of *Metarhizium flavoviride* var. *pemphigi* and 12 isolates of *Metarhizium pingshaense* by microscopic examination and genetic sequencing of the ITS region and elongation factor-1 alpha. Selected 15 isolates were tested for their virulence against adult *R. echinopus* and the thermotolerance and the activity to UV-B irradiation of conidia. Additionally, the activities of chitinases and proteases produced by *M. pingshaense* were compared according to the medium. These acaropathogenic fungi would be considered promising for biological control of bulb mite.

Key words: *Rhizoglyphus echinopus*, bulb mite, acaropathogenic fungi

0009

초생재배와 합성피레스로이드계 조합처리가 귤응애의 발생양상에 미치는 단기효과

현승용, 김동순*

제주대학교 생명자원과학대학 식물자원환경전공(교신저자dongsoonkim@jejunu.ac.kr)

귤응애(*Panonychus citri* McGregor)는 감귤의 중요한 응애류 해충으로 다른 잎응애류(Tetranychidae)와 같이 재배환경에 따라 발생양상이 달라지는 것으로 알려져 있다. 본 연구에서는 감귤원에서 초생재배 유무(초생재배 W, 청정재배 NW)와 합성피레스로이드계 살포유무(살포 P, 무살포 NP)를 조합하여 처리하고 2011년 6월 8일부터 2012년 11월 24일 까지 귤응애 및 천적발생밀도를 조사하여 비교하였다. 응애의 발생밀도를 누적응애일수(CMD)로 환산하여 비교한 결과, 2011년에는 가을 응애 개체군을 기준으로 했을 때 NW+NP 처리구에서 CMD가 가장 높았으며, 다음으로 W+NP, NW+P, W+P 순이었다. 전체적으로 합성피레스로이드계를 살포한 경우 기대와는 달리 귤응애 밀도가 낮았고 반대로 무살포구에서 귤응애 발생이 높았다. 2012년 처리별 가을 응애 개체군의 CMD도 2011년의 결과와 동일한 경향이였다. 관측된 천적 개체군(주로 이리응애류와 마름응애류)은 가정에 근거한 기대치와 크게 다르지 않았다. 2011년의 경우 NW+NP 처리구와 W+NP 처리구에서 차이가 있었으나, 2012년 실험에서는 기대치와 관측치가 거의 일치하였다. 전체적으로 약제효과가 뚜렷하게 나타나서 합성피레스로이드계 살포시 천적이 유의하게 감소하였다. 잡초효과는 엇갈리는 결과를 보였는데, 봄 개체군 대비 가을 개체군의 증가 등을 고려할 때 초생재배를 하는 경우 천적의 발생이 증가하였다. 본 연구결과는 합성피레스로이드계가 천적에 대한 독성뿐만 아니라 잎응애에 대한 기피작용을 유발하여 잡초-천적-응애의 선순환적 상호작용 시스템을 교란시킬 수 있음을 보여주고 있다.

검색어: 귤응애, 초생재배, 합성피레스로이드계, 이리응애, 천적효과

수출화훼 박스높이별 해충에 미치는 전자빔의 영향

윤승환, 이선우, 김현경, 구현나, 김길하*

충북대학교 식물외학과

수출용 화훼박스에 장미와 국화를 각각 채운 후 화훼관련 해충 6종(아메리카잎굴파리, 담배거세미나방, 복숭아혹진딧물, 점박이응애, 담배가루이, 대만총채벌레)에 대한 전자빔 (200 Gy, 300 Gy) 영향을 박스의 높이에 따라 조사하였다. 200 Gy 선량의 전자빔 조사 시 점박이응애, 담배가루이, 대만총채벌레의 알은 모든 높이에서 부화가 억제되었지만 아메리카잎굴파리와 담배거세미나방은 박스하부 위치에서 일부 부화가 되었다. 아메리카잎굴파리 유충, 담배거세미나방 유충과 담배가루이의 약충은 모든 높이에서 용화 및 우화가 억제되었다. 그러나 점박이응애와 복숭아혹진딧물 약충은 박스상부에서조차도 우화가 억제되지 않았다. 번데기에 조사 시 아메리카잎굴파리의 번데기는 모든 높이에서 우화가 억제되었고 담배거세미나방은 상부에서도 완전히 억제되지 않았다. 성충에 조사 시 점박이응애는 장미박스 중부에서 F_1 세대의 부화율이 100% 억제되었지만 국화 박스에서는 완전히 억제되지 않았다. 200 Gy 선량에서 완전히 억제되지 않은 해충의 발육단계를 300 Gy로 조사하였을 때는 200 Gy 보다 높은 억제효과를 보였다. 따라서 화훼수출 시 전자빔 조사선량은 화훼종류별, 대상해충별에 따라 달라질 수 있다.

검색어: 전자빔, 수출화훼, 검역해충

0011

“Hidden” Warning Coloration: Predators Learn to Avoid Distasteful Prey with Hidden Conspicuous Display

Chang Ku Kang¹, Hyun Joon Cho¹, Sang im Lee¹ and Piotr G. Jablonski¹

¹Laboratory of Behavioral Ecology and Evolution, School of Biological Sciences,
Seoul National University

Defended (distasteful or toxic) prey are often characterized by conspicuous coloration and this phenomenon is called "aposematism". The main advantage of aposematism is that it promotes faster learning by predators to avoid the prey. Some defended prey species use a different strategy; they remain cryptic in the normal state, but display conspicuous aposematic signal (which is normally hidden) in response to a predator's approach/attack. This anti-predator strategy of a defended prey has not been well studied yet although it can theoretically give the benefits of both camouflage and aposematism. Here, we investigated the effectiveness of this 'hidden-aposematic signal' as a warning signal. Using wild tits (*Parus minor*) as predator and novel artificial prey models (which mimics wings of insects), we tested whether hidden conspicuous signal of a defended prey enhances the avoidance learning rate of predators and how does it compare with the typical conspicuous/non-conspicuous signal. We found that hidden conspicuous signal indeed enhances the avoidance learning rate of predators in comparison with the non-conspicuous signal. However the overall learning rate by predators to avoid the defended prey was slower than for the normal conspicuous signal. Our results suggest that the prey with hidden-aposematic signals could enjoy both the benefits camouflage and the benefits of aposematism that are however lower than benefits from a typical aposematic signal. We, for the first time, highlight the functional aspect of a unique, but yet largely ignored, defensive coloration of prey.

Key words: aposematism, wing coloration, predator-prey, avoidance learning

Intercepted Hitchhiking Moths through International Vessel at the Korean Port of Entry

**Minyoung Kim^{1,2}, Heung-Sik Lee¹, Jong-Ho Lee¹, Ki-Jeong Hong³
and Seunghwan Lee²**

¹Animal and Plant Quarantine Agency, Korea

²Department of Agricultural Bio-Technology, Seoul National University, Korea

³Department of Plant Medicine, Sunchon National University, Korea

Six unknown hitchhiking moths intercepted at the Korean port of entry were detected from an international vessel by the personnels of the International Plant-Quarantine Accreditation Board (IPAB) in 2012. Among them, there was a noctuid moth, *Noctua pronuba* (Linnaeus), which is a quarantine pest in Korea. Other five species are three erebids (*Lophocampa maculata* Harris, *Lemyrarhodo philodes* (Hampson), and *Trigonodes cephise* (Cramer)), one sphingid (*Hippotion rosetta* Swinhoe), and one zygaenid (*Histia flabellicornis nigrinus* Jordan). They are mostly distributed in the subtropical regions. In addition to these hitchhiking moths from the vessel, other interception records from inanimate pathways are provided here on the bases of Pest Information System, Animal and Plant Quarantine Agency (QIA). Thus, it is necessary to monitor inanimate pathways and to adopt comprehensive border surveillance system, in order to protect further invasions of alien insect species.

Key words: Hitchhiking, moth, vessel, port, inanimate pathway, Korea

Temperature-dependent Development of *Paromius exiguus* (Distant) (Hemiptera: Lygaeidae) On Two Host Plants

Myo Than Tun¹, Seung-Tae Kim², Soo-Yeon Lee²,
Jong-Kook Jung¹ and Joon-Ho Lee^{1,2}

¹Entomology Program, Department of Agricultural Biotechnology, Seoul National University

²Research Institute for Agriculture and Life Sciences, Seoul National University

The developmental time of immature stages of *Paromius exiguus* (Distant) was studied at eight different constant temperatures (17.5, 20, 22.5, 25, 27.5, 30, 32.5 and 35°C) with a photoperiod of 14:10 (L:D) h on two host plants, *Imperata cylindrica* and *Calamagrostis epigeios*. On both host plants, the developmental time decreased with increasing temperatures. A significant difference in the developmental times was observed between two host plants for each nymphal stage and for the total nymphal stage as well. For completion of the total nymphal stage, the development time at 17.5 and 35°C were 69.6 and 16.6 days on *I. cylindrica* and 38.6 and 13.8 days on *C. epigeios*, respectively. The relationship between developmental rate and temperature was fitted to a linear regression model and the six nonlinear models (Lactin 1, Lactin 2, Briere 1, Briere 2, Logan 6 and Taylor). Except for the Taylor model, all of the five nonlinear models fitted the data for the total nymphal stage of the current study well, according to the high r^2 value, on both host plants. The distribution of completion of each development stage was well described by the two-parameter Weibull function.

Key words: *Paromius exiguus*, developmental time, temperature-dependent development models

Damage and Seasonal Occurrence of *Arbordia* spp. in Grapevine Export Complexes in Korea

**Chae Min Lee¹, Dong Woon Lee¹, Suk Jun Lee¹ and Jin Sun Song²,
Tae Heon Lim¹, Sang Sub Han³, Sang Myeong Lee¹, Hyeong Hwan Kim²
and Myoung Rae Cho²**

¹Department of Ecological Science, Kyungpook National University

²Horticultural & Herbal Crop Environment Division, National Horticulture of
Horticultural & Herbal Science

³Department of Forest Science, Chonbuk National University.

This report is a part of research on pests occurring in grapevine orchards in export complexes (Hwangsung in Gyeonggi, Sangju and Yeongcheon in Gyeongbuk, Namwon in Junbuk and Yeongdong in Chungbuk) from 2010 to 2012. This research was conducted to evaluate the distribution and difference in damage rates depending on management types of grapevine orchards (domestic sale farm vs. export farm). Damage by *Arbordia* spp. occurred only in 2010 and differed depending on localities and individual farms in the same area. Numbers of orchards damaged by *Arbordia* spp. were one, two and four in Hwasung, Namwon and Sangju, respectively, and the damage rate was below 6.2%. There was no damage in the orchards in 2011 and 2012, however, *Arbordia* spp. were collected on sticky traps in the orchards. *A. nigrigena* and *A. kakogawana* were the dominant species in Yeongcheon and Yeongdong, respectively, in 2011. *A. kakogawana*, *A. maculifrons* and *A. nigrigena* were collected on sticky traps in 2012. Collected numbers of *Arbordia* spp. were different depending on localities and management types of the orchards (domestic sale vs. export). *A. kakogawana* was the dominant species in all the survey sites and the densities were higher in the domestic sale farms than in the export farms.

Key words: *Arbordia kakogawana*, *A. maculifrons*, *A. nigrigena*, grapevine

0015

Genetic Variation of the Asian Cavity-Nesting Honey Bee, *Apis cerana* (Hymenoptera: Apidae) in South Korea, as Revealed by An Internal Spacer Sequence of Mitochondrial DNA

Joo Young Lee¹, Ah Rha Wang¹, Yong Soo Choi², Ratna Thapa² and Iksoo Kim¹

¹College of Agriculture & Life Sciences, Chonnam National University

²Department of Agricultural Biology, National Academy of Agricultural Science

Worldwide studies on *Apis cerana* variation for biogeography and genetic diversity depended largely on a 86~93 bp-long mitochondrial non-coding region (internal spacer region) located between tRNA^{Leu} and COII (named as NC2), possibly due to higher variability among available markers. In order to incorporate the *A. cerana* occurring in South Korea into world extensive data, we also sequenced the NC2 from 118 *A. cerana* samples collected over nine Korean localities and 66 *A. cerana* samples over seven Asian localities, such as China, Vietnam, and Thailand. These data were combined with preexisting world data to scrutinize genetic relationships of *A. cerana* in South Korea to outside distributional range. Sequencing of 184 samples provided a total of ten haplotypes: five from Korea, six from China, one from Vietnam, and two from Thailand. Among them eight were new, whereas two were previously reported ones. Phylogenetic analysis of *A. cerana* NC2 haplotypes so far found including ours has confirmed the presence of four major groups of *A. cerana* (Asian mainland group, Sundaland group, Palawan group, and Luzon-Mindahnao group) and all haplotypes found in this study also were included in the Asian mainland group. In order to find further variable regions that can be used as sequence-based marker several mitochondrial non-coding regions and nuclear intron regions are in the middle of testing.

Key words: Genetic variation, *Apis cerana*, internal spacer sequence

형태분류와 DNA 바코드의 통합을 이용한 난분류군 종진단 효율성-주둥이방아벌레아과의 경우

한태만^{1,2}, 이영보¹, 김남정¹, 박해철¹, 이승환²

¹국립농업과학원 농업생물부 곤충산업과

²서울대학교 농업생명과학대학

주둥이방아벌레과는 종간의 형태가 매우 유사하면서, 지역적 종 분화가 많이 이루어진 분류군의 하나임으로 형태학적 종 동정이 어려운 경우가 많다. 이번 연구에서 직접형태분류가 완료된 국내외의 종과 NCBI에 등록된 염기서열을 대상으로 총 83종 408개체에 대한 DNA 바코드를 분석한 후 각 종에 대한 DNA 바코드 특성 및 형태형질과의 연관성을 진단하고자 하였다. 그 결과, DNA 바코드와 형태분류와의 일치는 63종(75%)에 불과 하였다. 특히, 형태분류에서 동일종으로 결론지었던 4종으로부터 8종(9.6%)의 동소적 또는 이소적 은밀종을 새롭게 확인 하였고, 형태적 난분류군 4종(4.8%)은 명료한 종 진단이 가능하게 되었다. 또한 형태분류를 통한 2종(2.4%)에서 신종을 재확인 할 수 있었고, 2종(2.4%)에 대해서는 각각 지리적 신아종에 대한 가능성이 진단되었다. 2종(2.4%)에서는 형태적 차이가 명료하나 단일 종 묶음이 형성되었으며, 2종(2.4%)에서는 종내 지역집단에서 유전적 차이가 모호하여 별종 가능성을 제시하기 어려운 경우도 있었다. 결론적으로 형태분류와 DNA 바코드 분석을 통합 적용하여 총 83종 중 81종(97.6%)에 대한 명료한 종 진단이 가능함을 확인 할 수 있었다.

검색어: 주둥이방아벌레아과, 형태분류, DNA 바코드, 한국

0017

멸종위기종 큰자색호랑꽃무지의 적용 학명은 올바른 것인가?

박창선¹, 한태만¹, 이영보¹, 김기경², 서홍렬², 김진일³, 박해철¹

¹국립농업과학원 농업생물부 곤충산업과

²국립생물자원관 동물자원과

³성신여자대학교 생물학과

큰자색호랑꽃무지속(*Osmoderma*)은 구북구와 신대륙에 걸쳐 12종이 분포하며, 대다수 종들은 희소성으로 각국에서 보호종으로 지정되어 있다. 국내에서도 큰자색호랑꽃무지 1종이 기록되어 멸종위기야생동식물 2급 종으로 보호받고 있으며, 현재까지는 *Osmoderma opicum* Lewis, 1887이란 학명을 적용해 왔다. 하지만 과연 국내 종이 일본산 *O. opicum*과 동일한 종인지는 분류학적으로 재분석할 필요성이 제기되어 왔고 최근 중국 및 극동러시아지방에서 새롭게 *O. caeleste* (Gusakov, 2002)란 종도 발표된 바 있다. 이에 따라 지리적 분포영역의 근연종들과 최근 COI염기서열이 분석된 유럽산 종들을 포함하여 국내 큰자색호랑꽃무지의 형태 및 분자분류를 통합적으로 진행하고자 한다. 1차 연구 결과로서 한국산 개체와 일본산 개체는 DNA 바코드 분석을 통해 별종으로 판단될 정도로 큰 바코딩 갭이 나타났을 뿐 아니라 형태적인 차이도 확인되었다. 따라서 국내 종은 그에 적합한 학명을 찾아 주어야 할 것으로 판단된다. 향후 추가적인 표본 확보와 DNA 바코드 마커의 추가 등 보다 정확한 종 동정을 위한 통합적인 분석과 검증이 수행될 예정이다.

검색어: 큰자색호랑꽃무지, 형태분류, 분자분류, 한국

mtCOI과 16S rRNA 분석을 통한 국내 사슴풍뎅이 집단의 분류학적 위치 재검토

안하영¹, 한태만¹, 이영보¹, 김남정¹, 김성현¹, 정종철², 박해철¹

¹국립농업과학원 농업생물부 곤충산업과

²서대문자연사박물관

사슴풍뎅이는 꽃무지아과 중에서 수컷이 유일하게 특이한 뿔을 갖고 있을 뿐 아니라 긴 앞다리를 가진 모습으로 주목을 받아왔다. 이 종은 한반도에서 처음 신종으로 발표된 이래 베트남 북부, 티벳동부, 중국 서부와 중북부에 이르기까지 아종의 분화 없이 단일 종으로 다루어왔다. 최근까지 사슴풍뎅이속(*Dicronocephalus*)은 동양구에서 한반도와 극동러시아 지역에 걸쳐 8종 7아종이 분포하며, 종 또는 아종 사이에 형태적으로 매우 유사하여 이들 종간에 유연관계는 아직까지 알려지지 않았다. 따라서 국내 집단은 지리적으로 먼 중국서부 등의 집단과 단일 종을 형성하는 것인지 또는 타 지역 분포 종과의 유연관계는 어떠한 지 곤충자원의 보전과 관리 측면에서 검토할 필요성이 있었다. 이에 따라 1차적으로 국내 사슴풍뎅이 집단을 포함하여 5종 5아종을 대조 분류군으로 삼아 mtCOI과 16S rRNA 마커를 이용한 분자분류를 시도하였다. 그 결과, 한국산 사슴풍뎅이 집단은 중국산 사슴풍뎅이 집단과 유전적 차이가 없는 것으로 확인되었다. 다만, 형태분류학자의 주장과 달리 대만산 *D. yui*와 sister group을 형성하는 것이 확인되었다. 따라서 향후 추가적인 샘플의 확보를 통해 사슴풍뎅이 종의 분화를 밝히고, 사슴풍뎅이속의 지리적 분포와 더불어 새로운 종의 발굴 가능성을 타진하는 연구를 계속하고자 한다.

검색어: 사슴풍뎅이속, 사슴풍뎅이, 분자분류, 한국

0019

형태적 난분류군, 연노랑풍뎡이와 등얼룩풍뎡이의 분자마커를 이용한 분류학적 재검토

이연희¹, 강태화², 한태만¹, 이영보¹, 김진일³, 박해철¹

¹국립농업과학원 농업생물부 곤충산업과

²농림축산검역본부 식물검역기술개발센터

³성신여자대학교 생물학과

국내 연노랑풍뎡이속(*Blitopertha*)에는 어깨무늬풍뎡이(*B. conspurcata*), 연노랑풍뎡이(*B. pallidipennis*), 등얼룩풍뎡이(*B. orientalis*) 3종이 분포한다. 이 중 연노랑풍뎡이와 등얼룩풍뎡이는 외부형태가 극히 유사하고 두 종간 수컷의 교미기 형태도 변이가 심하면서 서로 이행현상을 나타내는 등 정확한 종 동정이 어려운 분류군으로 알려져 왔다. 이와 같이 형태적 분류가 어려운 종들에 대하여 형태분석과 더불어 분자분석까지 통합한 연구로 극복해 보고자 이번 연구를 시도하였다. 우선, 국내산 표본뿐 아니라 등얼룩풍뎡이의 기산지인 일본표본과 연노랑풍뎡이의 기산지인 극동 러시아 표본들을 포함하여 mtCOI과 Histone H3 마커를 이용한 분자분석을 수행하였다. 그 결과, 두 종은 뚜렷이 분화된 종으로 진단되었으나, 등얼룩풍뎡이 계열에서 제3의 새로운 종이 국내에 존재하는 것으로 추정되었다. 아울러 분자 분석된 표본의 분포를 보면, 두 종은 동소적으로 혼재된 분포를 보이는 것으로 나타났다.

검색어: 연노랑풍뎡이, 등얼룩풍뎡이, 통합분류, DNA 바코드, 형태적 난분류군

Revision of Tribe Archipini (Tortricidae: Tortricinae) from Northern part of Vietnam

XuanVi Le, Pham Thi Vuong¹ and Yang-Seop Bae

Division of Life Sciences, Incheon National University, Korea

¹Plant Protection Research Institute, Vietnam Academy of Agricultural Sciences, Vietnam

The tribe Archipini occurring mainly in the Holarctic, Afrotropical and Oriental Regions; scarcely represented in the Neotropical with more than 500 described species of 150 genera (Razowski, 2003). The tribe Archipini in Vietnam was studied by several authors. Kuznetsov (1992) described two new species, *Homona superbana* and *Neocalypsis sodaliana*, besides 28 known species were recorded, and he (1997) also recorded four species, *Homona encausta* (Meyrick), *Neocalypsis tricensa* (Meyrick), *Meridemis furtiva* Diakonoff and *Lumaria probolias* (Meyrick). In a study on Tortricidae fauna from Vietnam (2000), 43 of 208 Tortricidae species belong to the tribe Archipini were annotated. Based on the collection of the Berlin Museum, Razowski (2008a) reported seven known species and described 13 new species belong to four genera, *Gnorismoneura* Issiki & Stringer, 1932, *Terthreutis* Meyrick, 1912, *Synochoneura* Obraztsov, 1955, and *Terricula* Falkovitsh, 1965, he also reported ten known species and described five new species belong to three genera, *Choristoneura* Lederer, 1859, *Homona* Walker, 1863 and *Meridemis* Diakonoff, 1976 (2008b). In the year of 2009, he described one new genus, *Chirapsina* Razowski, 15 new species, besides 37 known species were recorded (2009a), he (2009b) also described five new species and four known species from Vietnam. In the present study, we focused on Archipini fauna in the northern part of Vietnam, a total of 19 species belong to 13 genera are recorded. Among them, five species *Adoxophyes tetraphracta* Meyrick, *Meridemis bathymorpha* Diakonoff, *Pademis corylana* Fabricius, *Terthreutis bulligera* Meyrick, and *Ulodemis hyalura* Diakonoff are recorded for the first time.

Key words: Lepidoptera, Tortricidae, Tortricinae, Archipini, Vietnam

0021

Three Species of Water Striders from Different Types of Habitats Exhibit Different Types of Anti-predator Strategies

Jae Hak Son¹, Sang-Im Lee¹ and Piotr G. Jablonski¹

¹Laboratory of Behavioral Ecology and Evolution, Department of Biological Sciences, Seoul National University

Prey species should avoid areas where predation risk is high. However, if this is impossible, prey should reduce activities that may make them conspicuous and attract predators, such as foraging or mating. Thus, predation risk should change behavioral pattern of prey species. Not all species have same anti-predator behavioral patterns because they have evolved in the presence of different types or number of predators in their habitat. In this study we measured microhabitat use and escape initiation distance to identify how sensitive each species is to approaching predators. We measured jumping performance and morphological characteristics to reveal the relationship between jumping and morphology and whether jumping is helpful for escaping from predators' attack. Finally, we compared the survival rate among three species to identify how survival rate is affected by anti-predator behavioral patterns. The survivorship was related to microhabitat use and to the escape initiation distance, rather than on the jumping ability. We predicted that a species with the best survival rate will have superior jumping ability in order to escape from predators at the moment when they were attacked by predators. The jumping ability, however, was probably limited by hydrodynamic and morphological constraints, so jumping appears to contribute little to successfully escaping from predators' attacks.

Key words: Predation risk, Anti-predator behavior, Predator avoidance, Water striders.

***Chlaenius (Ocybatus) spathulifer* Bates (Coleoptera: Carabidae: Chlaeniini), New to Korea**

Ik Je CHOI, Jinyoung PARK and Jong Kyun PARK

Department of Ecological Science, Kyungpook National University

Genus *Chlaenius* Bonelli, 1810 of the tribe Chlaeniini is a cosmopolitan group distributed in all zoogeographical region. General characteristics of *Chlaenius* are with pubescent or metallic luster on the pronotum and elytra, and antennal second segment shorter than third segment.

Members of subgenus *Ocybatus* are similar to those of subgenera *Lissauchenius* and *Chlaenioctenus* in having a round yellow spot on each elytron, but it showed difference from them having apical segment of labial palpi strongly securiform.

Subgenus *Ocybatus* Laferté-Sénéctere, 1851 belonging to the genus *Chlaenius* were reported three species from Palearctic region: *Chlaenius (Ocybatus) junceus* Andrewes, 1923, *Chlaenius (Ocybatus) spathulifer* Bates, 1873, *Chlaenius (Ocybatus) bioculatus* Chaudoir, 1856, among them *Chlaenius (Ocybatus) bioculatus* Chaudoir, 1856 has been recorded in Korea. In here *Chlaenius (Ocybatus) spathulifer* Bates reported firstly from Korea. Description and photo of adult are provided.

Key words: Coleoptera, Carabidae, *Chlaenius*, Palearctic region, Korea

A New Cryptic Species of Genus *Aphis* (Hemiptera: Aphididae) Sharing Primary and Secondary Host with the Cotton-melon Aphid, *Aphis gossypii* Glover

Yerim Lee¹, Seunghwan Lee¹ and Hyojoong Kim²

¹Insect Biosystematic Laboratory, Research Institute for Agricultural and Life Sciences,
Seoul National University

²Animal Phylogeny and Systematics Lab., Department of Biology, Kunsan National University

In terms of aphid species identification, both host plant association and morphological characteristics are crucial factors. However, aphids in the genus *Aphis* Linnaeus (Hemiptera: Aphididae) often are cryptic in morphology due to their rapid radiation. Moreover, overlapping host plant species can make difficult situation worse. Three cryptic species *Aphis gossypii* Glover, *Aphis glycines* Matsumura, and *Aphis rhamnicola* **sp. nov.** occur together on the Buckthorn, *Rhamnus* spp. in the overwintering season in Korea. Due to lacking informative morphological characters and host plant sharing, the new species recently has been recognized as a distinct species. In this study, *A. rhamnicola* **sp. nov.** on various host plants was compared with the primary host sharing species, *A. gossypii* and *A. glycines*, based on morphological and molecular characteristics. In the results, there were significant genetic differences between three species, despite the high similarities in morphology. Our results provide strong evidence for establishing new species, which seems to be a typical heteroecious species that alternates between only primary host, *Rhamnus* spp., and various secondary hosts. We describe a new species, *A. rhamnicola* **sp. nov.**, for apterous and alate vivipara, fundatrix, ovipara, and gynopara, including diagnostic key for host sharing species in genus *Aphis*.

Key words: Aphididae, *Aphis*, cryptic species, COI, *Rhamnus*, *Commelina*

Taxonomic Study of Phycitinae (Lepidoptera, Pyraloidea, Pyralidae) in Jilin Province, China

Mu-Jie Qi, Xuan-Vi Le, Yong-Don Ju, Bayarsaikhan Ulziijargal, Bo-Sun Park, Hee-Jo Lee, Min-Seon Kim, Sol-moon Na, Jae-won Kim and Yang-Seop Bae

Department of Life Sciences, Incheon National University, Korea

Phycitinae is one of the subfamilies of Pyralidae, about 4000 phycitinae species in the world (Solis and Mitter 1992), and around 300 species of 110 genera have been reported in China (Li and Ren 2005). The subfamily of Phycitinae is characterized by the following characteristics: both wings are long and narrow, chaetosema present; forewing with 11 veins or less, R3 and R4 stalked at base or fused completely, both male and female with only one frenulum; gnathos rod-shaped or coniform; valva with costa well developed, transtilla free or connected at top, aedeagus cylindrical, male usually with culcita; ductus bursae from corpus bursae. The larvae of phycitinae are leafrollers, leafminers or products pests. Their distribution is throughout the world (Munroe and Solis, 1999).

As a NE region, Jilin province lies in the center of northeast part of China, borders by North Korea, Far East of Russia, Heilongjiang, Liaoning and Inner Mongolia. Until now, only 20 species of phycitinae have been reported from here, accordingly, the faunistic inventory is by no means completed, and to survey the diversity of phycitinae is significant for systematic study in China.

In this study, we identified 35 species belonging to 19 genera, of them, 2 species are reported for the first time in China, and 12 species are newly reported from Jilin Province. The materials examined come from the collection of Incheon National University and Northeast Forestry University.

Key words: Pyralidae, Phycitinae, fauna, new record, Jilin

A Molecular Phylogeny of the Odonata (Insecta) Occurring in South Korea Inferred from COI, 16S rRNA, 28S rRNA, and EF1- α Sequences

Min Jee Kim¹, Kwang Soo Jung² and Iksoo Kim¹

¹College of Agriculture & Life Sciences, Chonnam National University

²College of Natural Sciences, Andong National University

Previously, several levels of phylogenetic relationships in an insect order Odonata have been estimated using morphological and molecular markers. For the molecular phylogeny rRNA sequences were mainly, but other markers were not frequently employed. In this study, we sequenced both two mitochondrial genes (COI and 16S rRNA) and nuclear genes (28S rRNA and elongation factor-1 α), composed of ~4,002 bp from 71 species of Odonata, occurring mostly in South Korea. These concatenated sequences were utilized to test the previous phylogenetic hypotheses of Odonata via Bayesian Inference (BI) and Maximum Likelihood (ML) algorithms, along with the data partition option available in BI method. Each families and superfamilies represented by multiple taxa consistently supported monophylies with the highest nodal supports in both Anisoptera and Zygoptera. A close relationship of Anisozygoptera to Anisoptera represented by a single species was obvious. On the other hand, familial relationships within each suborder of Anisoptera and Zygoptera have shown two compelling topologies. The topology obtained by BI method with partitioning of the four genes showed an unresolved relationship among Gomphidae, Aeshnidae, and the suborder Anisozygoptera in Anisoptera clade, presenting the relationships (((Libellulidae + Corduliidae) + Macromiidae) + (Gomphidae + Aeshnidae + Anisozygoptera)) + (((Coenagrionidae + Platycnemididae) + Calopterygidae) + Lestidae)). Another topology obtained by both BI and ML methods without partitioning, on the other hand, placed Anisozygoptera the basal lineage of Anisoptera, but Lestidae in Zygoptera was placed as the sister to Anisoptera + Anisozygoptera, presenting the relationships (((((((Libellulidae + Corduliidae) + Macromiidae) + Aeshnidae) + Gomphidae) + Anisozygoptera) + Lestidae) + ((Coenagrionidae + Platycnemididae) + Calopterygidae)). Topological test to find out better supported tree turned out a slight higher support for the former topology, but the monophyly of Zygoptera with the inclusion of Lestidae was supported only poorly (BPP = 0.68) in the former topology.

Key words: Odonata phylogeny, COI, 16S rRNA, 28S rRNA, elongation factor-1 α

The Complete Mitochondrial Genome of *Erynnis montanus* (Lepidoptera: HesperIIDae): A New Gene Arrangement in Lepidoptera

Ah Rha Wang, Heon Cheon Jeong, Yeon Soo Han and Iksoo Kim

College of Agriculture & Life Sciences, Chonnam National University

Gene arrangement in the mitochondrial genome (mitogenome) has been regarded as an important evolutionary event that is useful as a phylogenetic signal. The mountainous duskywing, *Erynnis montanus*, belongs to a lepidopteran family HesperIIDae. We sequenced 15,530-bp long complete mitogenome of the species. The genome has the typical gene content of animals (13 protein-coding genes, two rRNA genes, 22 tRNA genes, and one major non-coding A+T-rich region). Further, *E. montanus* mitogenome also contained a high A/T content in the whole genome (81.7%) and the CGA (arginine) as the start codon for the COI gene, as typical in lepidopteran mitogenome. However, unlike other lepidopteran species, including two sequenced skippers, the *E. montanus* mitogenome has a unique arrangement tRNA^{Ser}-tRNA^{Asn}, instead of the tRNA^{Asn}-tRNA^{Ser} found unanimously in other lepidopteran species, providing a new gene arrangement in Lepidoptera. Such rearrangement probably was likely caused by duplication of gene block tRNA^{Ser}-tRNA^{Asn} and subsequent random loss of tRNA^{Asn} in the first copy and tRNA^{Ser} in the second copy, resulting in the arrangement tRNA^{Ser}-tRNA^{Asn}. Considering current phylogenetic relationships among available lepidopteran groups in connection with lepidopteran gene arrangement the new gene arrangement found in *E. montanus* seems to be apomorphy, requiring cautious interpretation as a phylogenetic signal.

Key words: Mitogenome, *Erynnis montanus*, gene arrangement, Lepidoptera

Molecular Phylogeny of Oecophoridae (Lepidoptera: Gelechioidea)

Sora Kim¹, Sunghoon Jung¹ and Seunghwan Lee¹

¹Department of Agricultural Bio-Technology, Seoul National University, Korea

Oecophoridae (Lepidoptera: Gelechioidea), the concealer moths, is worldwide in distribution and comprises more than 4,000 described, particularly in Australia with over 3,000 endemic species. To date, the phylogenetic relationships of Oecophoridae have been poorly known, except a few works on the higher-level phylogeny of the superfamily Gelechioidea which includes some species of Oecophoridae.

This study is the first comprehensive molecular phylogenetic analysis of Oecophoridae, based on 4,395 base pairs of mitochondrial protein coding gene (COI), nuclear ribosomal RNA genes (18S and 28S) and nuclear protein coding genes (IDH, MDH, Rps5, EF1a and wingless) for 82 taxa. Data were analysed using maximum likelihood (ML), maximum parsimony (MP) and Bayesian inference (BI) phylogenetic frameworks. The results are shown that the family Oecophoridae is not monophyletic, as the genus *Casmara* is closely clustered with Stathmopodidae far from the Oecophorid lineage and the genera *Tyrolimnas* and *Phaeosaces* are closely clustered with Depressariinae in the Elachistid lineage. Main clade of Oecophoridae comprises Xyloryctinae previously assigned to Xyloryctidae, closely claded with New Zealandian Oecophorids including the genera *Hierodoris*, *Gymnobatra* and *Izatha*; the problematic position group, *Acryptolechia* spp., Deuterogoniinae and Oecophorinae.

Key words: Lepidoptera, Gelechioidea, Oecophoridae, Phylogeny

캄보디아 Samkos지역의 곤충상: 나비목 Faunal Study of Lepidoptera in Samkos Area, Cambodia

박보선, 주영돈, 레수안비, 울지자르갈, 이희조, 배양섭

인천대학교 생명과학기술대학 생명과학과

캄보디아는 동양구에 위치한 국가로 북동쪽으로 라오스, 동쪽과 남동쪽으로 베트남, 북쪽과 서쪽으로 태국과 접하고 있다. Samkos지역은 캄보디아 서쪽에 위치한 산림지역으로 1997년 유네스코 생물권 보호구역으로 지정된 바 있다. Samkos산은 1750m 높이로, 산림이 우거지며 야생동물이 다양하게 서식하는 지역이다. 현재 Samkos지역은 화전에 의한 화재와 개발로 인해 산림이 심각하게 훼손되고 있으며, 그에 따라 생물다양성 감소에도 큰 영향을 미칠 것으로 예상되는 지역이다. 본 연구는 2012년 7월 12일~7월 23일, 2013년 2월 13일~2월 18일까지 캄보디아 서부지역에 위치한 Samkos산에서 실시하였다. 연구방법은 Sweeping, Light trap, Bucket trap 등 다양한 방법을 이용하여 곤충상을 조사한 결과, 나비목은 총 7과 81속 98종이 채집되었다.

검색어: Samkos, 캄보디아, 나비목, 생물권보호구역

0029

Diversity of Oribatid Mites (Acari: Oribatida) in Organic and Conventional Apple Orchards

Jiwon Kim, Eunsun Keum and Chuleui Jung

Department of Bioresource Sciences, Graduate School, Andong National University

Soil biodiversity is important for proper functioning of soil ecosystem. Soil microarthropods play roles in cycling of nutrients and decomposition of organic matter. We compared the diversity of oribatid mites in organically and conventionally managed apple orchards. Sampling were done from 10 orchards; 5 from organic and 5 from conventional, in spring season of 2011 and 2012. Species richness and abundance were higher in conventional (25, 4,222/m²) than organic orchard (21, 1,906/m²). Diversity index was higher in conventional than organic orchard. Common dominant species present in orchards were *Pergalumna duplicata nipponica* and *Scheloribates latipes*. Only observed in apple orchards were *Pilogalumna tenuiclava*, *Protoribates agricola*, *Hypochthonius luteus*, *Punctoribates manzanoensis*, *Punctoribates sphaericus*, and *Scheloribates corpusculum*. In organic orchard, *Suctobelbella naginata* and *Tectocephus cuspidentatus* were only present. *Pergalumna altera*, *Galumna longiporosa*, and *Protoribates lophotrichus*, *Galumna* sp. were found only in conventionally managed apple orchard. Further study on the functional aspects and association with other soil biotic and abiotic factors are demanding.

Key words: Diversity, Organic, Conventional, Species richness

Predatory Gamasid Mites (Acari: Mesostigmata) on Organic and Conventional Apple Orchards

Eun Sun Keum, Ji Won Kim and Chuleui Jung

Department of Bioresource Science, Graduate School Andong National University

Predatory gamasid mite (Acari: Mesostigmata) is living in soil and litter. They feed on nematode, collembolan and insect larvae. This research compared diversity of gamasid mite in organic and conventional apple orchards. Soil samples were collected in spring season of 2011 to 2012 (5 for each orchard system). Fifteen families, 54 species and 15 families, 50 species were collected from organic and conventional orchards, respectively. In total 18 families and 77 species of gamasid mite were collected. Shannon Diversity was average 2.5 in organic orchard and 2.3 in conventional orchard. Major dominant species was *Eugamasus fujisanus* (Parasitidae) in organic orchard and *Uropoda hokkaidoensis* (Uropodidae) in conventional orchard. Parasitidae and Uropodidae were preferred in soil surface, large soil pores and decaying organic material litter. Future, more research on composition of gamasid mite, biotic and abiotic factors in orchard system are demanded.

Key words: Organic, Mesostigmata (gamasid mite), Diversity

0031

Deep Sequencing based Transcriptome Analysis of *Plutella xylostella* Larvae Parasitized by *Diadegma fenestrata*

Ju Il Kim, Min Kwon, Jae Dong Shim, Seong Hee Kim, Eun Ju Hong,
Jeom Soon Kim, Yong Gyu Lee, Sam Nyu Jee and Si Hyeock Lee¹

Highland Agriculture Research Center, NICS, RDA

¹Department of Agricultural Biotechnology, Seoul National University

The physiology of parasitic wasp control of their lepidopteran hosts' not only includes injecting their egg but also various factors such as symbiotic virus. This study was focused on the investigation of sophisticated interaction between parasitoid (*Diadegma fenestrata*) and their host (*Plutella xylostella*) in *P. xylostella* larva at transcriptome level, to check whether it is parasitized or not. Short-read deep sequencing method (Hiseq2000) was used for the transcriptome analysis. De novo assembly of cDNA sequence data generated 196,081 contigs between 201bp and 15,853bp in length. Some detoxification enzymes such as cytochrome P450 and Immune-related genes such as antimicrobial peptides were up-regulated after parasitism. Expression of symbiotic ichnovirus genes was detected in parasitized larvae with 55 contigs identified from five ichnovirus gene families including vankyrin, viral innexin, repeat elements, a cysteine-rich motif, and polar residue rich protein. This investigation provides a detailed information on differential expression of *P. xylostella* larval genes and symbiotic ichnovirus genes following parasitization.

Key words: *Diadegma fenestrata*, ichnovirus, deep sequencing, *Plutella xylostella*

Microbiome of Two Morphs of *Vollenhovia emeryi* (Hymenoptera: Myrmicinae)

Gilsang Jeong¹, Soyeon Park¹, Pureum Noh¹, Seung-Yoon Oh²,
Hwakyung Hwang¹, Bitna Lee¹, Yongwhan Kim³ and Jae Chun Choe¹

¹Division of EcoScience, Ewha Womans University

²School of Biological Sciences, Seoul National University

³Sunchang High School

The hologenome theory of evolution proposes that an organism is simply not an individual but the totality of numerous microbial symbionts to the host. In fact, the evidence of biochemical and physiological associations between the symbionts and the host has been growing fast in all major taxa.

The *Vollenhovia emeryi* ant is tiny and found nationwide in Korea. The ant can be further categorized by its wing morphology, eg. long-winged and short-winged. Our initial screening process showed that the microbial reproductive manipulator, the *Wolbachia* bacterium, only infected the long-winged morph. This gave us a good opportunity to investigate the effect of the *Wolbachia* infection on the bacterial community diversity using the next generation sequencing technique.

We find that there are about 180 bacterial symbionts in the short-winged morph. On the other hand, the long-winged morph has only about 20 bacterial symbionts. This implies that the bacterial community diversity may be subject to the existence of *Wolbachia*. Furthermore, the *Wolbachia* strain diversity is unexpectedly high. In addition, the bacterial structure difference among castes indicates that there may be labour division even between queens. The results and future research direction will be discussed from the hologenome theory perspective.

Key words: *Vollenhovia emeryi*, bacterial diversity, next generation sequencing, *Wolbachia*, hologenome theory

The Pyrosequencing Approach Reveals Very High Strain Diversity of the Endosymbiont, *Wolbachia* in *Vollenhovia emeryi*

Soyeon Park¹, Haewon Shin¹, Pureum Noh¹, Seung-Yoon Oh²,
Hwakyung Hwang¹, Bitna Lee¹, Yongwhan Kim³, Jae Chun Choe¹
and Gilsang Jeong¹

¹Division of EcoScience, Ewha Womans University

²School of Biological Sciences, Seoul National University

³Sunchang High School

Wolbachia is one of the most common endosymbionts best known to induce several reproductive alterations in its insect hosts. In some cases, the insect hosts harbor more than two strains of the bacterium. The *Vollenhovia emeryi* ant lives in dead trees and is morphologically subdivided into the long-winged and the short-winged. Interestingly the short-winged morph is free of *Wolbachia*, but only the long-winged morph is multiple- infected with the *Wolbachia* bacterium.

We sampled four populations of the long-winged morph in Korea and performed pyrosequencing in Multilocus Sequence Typing (MLST), to determine the bacterial strain diversity. Six different gene regions (*coxA*, *fbpA*, *ftsZ*, *gatB*, *hcpA* and *wsp* gene) were targeted and amplified. However, the result shows that diversity of haplotypes is very high. The pyrosequencing approach in MLST, a new method of discriminating *Wolbachia* strains, is promising to effectively detect multiple infections and rare haplotypes.

Key words: *Wolbachia*, *Vollenhovia emeryi*, MLST and pyrosquencing

RNA Interference of Glycerol Production Patterns a Rapid Cold Hardiness of the Beet Armyworm, *Spodoptera exigua*

Youngjin Park and Yonggyun Kim

Department of Bioresource Sciences, Andong National University, Andong 760-749, Korea

The beet armyworm, *Spodoptera exigua*, is a freeze-susceptible species and overwinters without diapause in temperate zone. Depression of supercooling point (SCP) and rapid cold hardiness (RCH) allow *S. exigua* to survive at low temperatures. This study reports a polyol which is responsible for the cold hardiness of *S. exigua*. Pre-exposure of *S. exigua* larvae to 4°C for 6 h significantly enhanced survival under a freezing temperature (-10°C). This pre-exposure treatment also significantly depressed larval SCPs. Analysis of polyols indicated that glycerol titers significantly increase with increase of pre-exposure time. Glycerol kinase (GK) and glycerol-3-phosphate dehydrogenase (GPDH) are involved in glycolysis pathway of insect. The *S. exigua* GK (*SeGK1*) and G3PDH (*SeG3PDH1*) genes were predicted from 454 pyrosequencing transcripts from fifth instar larvae of the beet armyworm, *S. exigua*. The *SeGK1* and *SeG3PDH1* genes both were expressed in all larval stage by RT-PCR analysis. Expression of *SeGK1* and *SeG3PDH1* genes were suppressed by its specific dsRNA^{*SeGK1*} or dsRNA^{*SeG3PDH1*} injection into hemocoel of 5th instar larva. Each 200 ng of dsRNA^{*SeGK1*} or dsRNA^{*SeG3PDH1*} injection also significantly decreased glycerol amount in hemolymph. Larval treated by either dsRNA^{*SeGK1*} or dsRNA^{*SeG3PDH1*} significantly lost the RCH under -10°C exposure. These results indicate that glycerol is a crucial RCH agent and its synthesis is regulated by *SeGK1* and *SeG3PDH1* genes in *S. exigua*.

Key words: Glycerol, glycerol kinase, glycerol-3-phosphate dehydrogenase, rapid cold hardiness, RNA interference, *Spodoptera exigua*

0035

(E)-5-Hexadecenyl Acetate: A Novel Moth Sex Pheromone Component from *Stathmopoda auriferella*

Chang Yeol Yang, Kyung San Choi and Myoung Rae Cho

National Institute of Horticultural and Herbal Science, Rural Development Administration

The sex pheromone of *Stathmopoda auriferella* (Walker) (Lepidoptera: Stathmopodidae), an important pest of kiwifruit in Korea, was studied. Two candidate pheromone components detected in the gland extracts of females were identified as (*E*)-5-hexadecenyl acetate (*E5*-16:OAc) and (*E*)-5-hexadecenol (*E5*-16:OH) in a ratio of 75:25 by mass spectral analysis of natural pheromone components and dimethyldisulfide adducts, and retention index comparisons with synthetic standards. In the kiwifruit orchards, *E5*-16:OAc alone was attractive to *S. auriferella* males and caught significantly more males than live virgin females. However, addition of *E5*-16:OH strongly inhibited attraction to *E5*-16:OAc. These results suggest that the major component of the female-produced sex pheromone of *S. auriferella* is *E5*-16:OAc. This hexadecenyl acetate is a novel moth sex pheromone component.

Key words: *Stathmopoda auriferella*, Sex pheromone, (*E*)-5-hexadecenyl acetate, Lepidoptera, Stathmopodidae, Insect pest

Origin and Biological Function of E94k Polydnalviral Gene

Rahul P. Hepat and Youggyun Kim

Department of Bioresource Sciences, Andong National University, Andong 760-749 Korea

A polydnavirus, *Cotesia plutellae* bracovirus (CpBV), is symbiotic to an endoparasitoid wasp, *C. plutellae*, which specifically parasitizes young larvae of the diamondback moth, *Plutella xylostella*. CpBV contains some genes originated from other insect viruses. CpBV-E94k1 and CpBV-E94k2 are homologous to corresponding baculovirus gene E94k, and may play an important role in host-parasitoid interactions. This study was conducted to confirm the origin and function of CpBV-E94k by analyzing its sequence and functional assays. Our phylogenetic analysis indicates that CpBV acquires these E94k genes from baculoviruses. These two genes were expressed during entire period parasitization period. Expression of these E94ks was also tissue-specific because they were expressed in the hemocyte and fat body, but not in the other tissues. Subsequent analysis of gene function by RNA interference showed that it clearly inhibited host immune and developmental processes.

Key words: E94k, *Cotesia plutellae*, bracovirus, *Plutella xylostella*

0037

Evolutionary Aspects and Enzymatic Properties of Two Acetylcholinesterases in Insects

Young Ho Kim¹ and Si Hyeock Lee^{1,2}

¹Research Institute for Agriculture and Life Sciences, Seoul National University

²Department of Agricultural Biotechnology, Seoul National University

Most insect possess two AChEs (i.e., AChE1 and AChE2 encoded by *ace1* and *ace2* gene, respectively). Due to its higher transcription level and responsibility for insecticide resistance, it is believed that AChE1 is likely the main catalytic AChE, between two AChEs of the insects having both AChE1 and AChE2 studied to date. However, Cyclorrhaphan flies have only AChE2, suggesting the evolutionary scenarios for the takeover of *ace2* and the loss of *ace1* during Diptera evolution (Huchard et al., 2006). Therefore, it is essential to investigate the evolutionary distribution of AChE1 and AChE2 in Insecta. In this study, among 100 insect species examined, we found 33 species expressing AChE2 as the catalytic major enzyme by Western blotting using AChE1- and AChE2 specific antibodies. These findings are contrary to the common expectation that AChE1 is dominant synaptic enzyme in all insect species with the exception of Cyclorrhapha. In this study, we compared the characteristics of both AChE1 and AChE2 from the German cockroach and the honey bee, in which AChE1 and AChE2 were expressed as major catalytic enzyme, respectively. In addition, we presented a unique case of a damselfly, which expresses both AChEs exhibiting almost identical enzymatic activities, along with the fruit fly, where AChE1 is not present but multiple forms of AChE2 appear to replace the function of AChE1. The current study will provide valuable insights into the evolution of AChE.

Key words: acetylcholinesterase, insect, evolution, synaptic function, non-neuronal function

RNA Interference of Cadherin Gene Expression in *Spodoptera exigua* by Oral Ingestion of dsRNA^{SeCad1}

Youngjin Park and Yonggyun Kim

Department of Bioresource Sciences, Andong National University, Andong 760-749, Korea

Cadherin gene, which is a receptor of the *Bacillus thuringiensis* toxins, was predicted from 454 pyrosequencing transcripts from fifth instar larvae of the beet armyworm, *Spodoptera exigua*. The *S. exigua* cadherin gene (*SeCad1*) encodes 9 cadherin repeats and a transmembrane domain. The *SeCad1* gene was expressed in all developmental stage specifically in gut tissue by RT-PCR analysis. Expression of *SeCad1* gene was suppressed by both injection and feeding of its specific dsRNA^{SeCad1} in 5th instar larval stage. The suppression of *SeCad1* expression did not significantly influence on pupal and adult development of *S. exigua*. However, the larval treated with dsRNA^{SeCad1} (100 ng/larva) significantly reduced susceptibility to *B. thuringiensis* ssp. *aizawai* (3×10^6 CFU/larva). By contrast, the dsRNA^{SeCad1}-treated larvae did not show any change in susceptibility to *B. thuringiensis* ssp. *krustaki* (4×10^7 CFU/larva). These results suggest that SeCad1 is a specific receptor of Cry1A toxin from *B. thuringiensis* in *S. exigua*, but not Cry1C toxin.

Key words: *Bacillus thuringiensis*, cadherin, gut, receptor, RNA interference, *Spodoptera exigua*

Residual Contact Vial Bioassay for the Selection of Effective Acaricides against the Two-spotted Spider Mite

Deok Ho Kwon¹, Ji Hyun Park², Taek Jun Kang³ and Si Hyeock Lee^{1,2}

¹Research institute for Agriculture and Life Science, Seoul National University

²Department of Agricultural of Biotechnology, Seoul National University

³Department of Horticultural Crop Research, National Institute of Horticultural and Herbal Science, RDA

Emergence of resistant two-spotted spider mite (TSSM) can induce the over usage of standard amount of acaricides and result in various side effects. Rapid resistance monitoring is essential step for the efficient management of resistant populations by enabling the selection of appropriate acaricides. Here, we evaluated the 10 acaricides to determine its suitability on residual contact vial bioassay (RCV) by using PyriF strain as standard. Five acaricides (Abamectin, monocrotophos, tebufenpyrad, bifenazate and cyflumetofen) revealed the dose-dependent mortality within 8 h, whereas other remaining acaricides (Fenbutatin oxide, fenpyroxymate, flufenoxuron, spiromesifen and etoxazole) did not. This finding suggests that the application of RCV method is limited depending on the mode of action and physicochemical properties of each acaricide. Resistance levels to five acaricides (Abamectin, monocrotophos, tebufenpyrad, bifenazate and cyflumetofen) were determined for four field populations of TSSM by using RCV diagnostic kit. All TSSM populations showed the highest sensitivity to cyflumetofen, indicating that it would be most effective in controlling field populations. RCV diagnostic kit would enable to provide crucial information for choosing the most appropriate acaricides in the field.

Key words: *Tetranychus urticae*, RCV, Acaricide selection, Resistance

Mutation in *nAChR* Beta Subunit Is Associated with Imidacloprid Resistance in the *Aphis gossypii*

Ju Il Kim, Min Kwon, Sangeun Park¹, Jeong-Jin Ahn¹, Young-Uk Park¹, Seonwoo Lee¹, Hyun-Na Koo¹, Gil-Hah Kim¹, Si Young Kim² and Si Hyeock Lee³

Highland Agriculture Research Center, NICS, RDA

¹Department of Plant Medicine, Chung buk National University

²Crop protection research team, Dongbu Hannong Co., Ltd

³Department of Agricultural Biotechnology, Seoul National University

The cotton aphid, *Aphis gossypii* (Glover), is one of the most serious pests in various vegetable crops. In Korea, some field populations of *A. gossypii* especially in greenhouse showed high resistance against neonicotinoids. The imidacloprid-resistant strain (IR) selected from one of the greenhouse strains was found to be about 3,800 folds more resistant to imidacloprid, compared to the susceptible strain (S), as judged by LC₅₀ values. To identify differentially expressed genes in IR, an isogenic strain, reverse susceptible strain (IRS) was generated from IR and comparative transcriptome analyses based on GS-FLX were conducted using total RNAs extracted from both IR and IRS. Also we confirmed protein expression patterns by 2DE and detoxification enzyme over-expression by synergist test. However there was no significant variation among IR, IRS and S. Comparison of the nucleotide sequence of seven nicotinic acetylcholine receptor (nAChR) subunit (alpha 1-5,7 and beta 1) genes from S and IR strain revealed a point mutation causing an arginine to threonine substitution (R81T) in the loop D region of the nAChR beta 1 subunit of the IR. These mechanisms were also reported in *M. persicae* and this amino acid change confers a vertebrate-like character to the insect nAChR and results in reduced sensitivity to neonicotinoids. Moreover an extra point mutation, L80S (leucine to serine substitution) was also detected nearby R81T mutation in nAChR beta 1 subunit variant. These mutations can be an additive factor in imidacloprid resistance in *A. gossypii*. This is the first report of imidacloprid resistance mechanism in *A. gossypii*. Further, this would be helpful in managing *A. gossypii* resistant populations in field.

Key words: *Aphis gossypii*, Imidacloprid, nicotinic acetylcholine receptor

Contact and Fumigant Toxicity of Hiba Oil Constituents and Efficacy of Spray Formulations Containing the Oil to American House Dust Mite and Copra Mite

**Jun-Ran Kim^{1,2}, Haribalan Perumalsamy^{1,2}, Min Jung Kwon²,
Hyung Wook Kwon² and Young-Joon Ahn^{2*}**

¹Research Institute for Agriculture and Life Science, Seoul National University

²WCU Biomodulation Major, Department of Agricultural Biotechnology,
Seoul National University

An assessment was made of the toxicity of hiba, *Thujopsis dolabrata* var. *hondai*, oil and 24 oil constituents and control efficacy of four experimental spray formulations containing the oil (0.5, 1, 2, and 3% sprays) to adult American house dust mite (AHDM), *Dermatophagoides farinae*, and copra mite (CM), *Tyrophagus putrescentiae*. Results were compared with those of three conventional acaricides benzyl benzoate, *N,N*-diethyl-3-methylbenzamide (deet), and permethrin. Based on 24 h LC₅₀ values, (-)-thujopsene was the most toxic constituent against AHDM (9.82 µg/cm²) and CM (10.92 µg/cm²) and the toxicity of the compound was nearly identical to that of benzyl benzoate (9.33 and 10.14 µg/cm²). High toxicity was also observed with (-)-(*E*)-pinocarveol, carvacrol, (+)-terpinen-4-ol, β-thujaplicin, cedrol, α-terpineol, (+)-ledene, thymol, and 2,4-di-tert-butylphenol against both mite species (LC₅₀, 11.92–19.19 and 12.49–22.97 µg/cm²). These constituents were more toxic than deet (LC₅₀, 35.53 and 38.42 µg/cm²). Hiba applied as 2 and 3% sprays provided >95% mortality against both mite species, whereas permethrin (*cis:trans*, 25:75) 2.5 g/L spray treatment resulted in ca 11% mortality. Global efforts to reduce the level of highly toxic synthetic acaricides in indoor environments justify further studies on hiba oil preparations containing the constituents described as potential contact-action fumigants or lead molecules for the control of mite populations.

Key words: *Dermatophagoides farinae*, *Tyrophagus putrescentiae*, *Thujopsis dolabrata* var. *hondai*, hiba oil, botanical acaricide, spray formulation

Larvicidal Activity of Ajowan (*Trachyspermum ammi*) and Peru Balsam (*Myroxylon pereira*) Oils and Blends of Their Constituents against *Aedes aegypti*, Acute Toxicity on Water Flea, *Daphnia magna*, and Aqueous Residue

Seon-Mi Seo, Il-Kwon Park, Yoon-Mi Jeon, Sung-Woong Kim,
Hyo-Rim Lee and Hwa-Jeong Yeom

¹Division of Forest Insect Pests and Diseases, Korea Forest Research Institute, Seoul130-712,
Republic of Korea

We evaluated the larvicidal activity of 20 plant essential oils and components from ajowan (*Trachyspermum ammi*) and Peru balsam (*Myroxylon pereira*) oils against *Aedes aegypti*. Of the 20 plant essential oils, ajowan and Peru balsam oils at 0.1 mg/mL exhibited 100% and 97.5% larval mortality, respectively. At this same concentration, the individual constituents, (+)-camphene, benzoic acid, thymol, carvacrol, benzyl benzoate and benzyl *trans*-cinnamate caused 100% mortality. The toxicity of blends of constituents identified in 2 active oils indicated that thymol and benzyl benzoate were major contributors to the larvicidal activity of the artificial blend. We also tested the acute toxicity of these 2 active oils and their major constituents against the water flea, *Daphnia magna*. Peru balsam oil and benzyl *trans*-cinnamate were the most toxic to *D. magna*. Two days after the treatment, residues of ajowan and Peru balsam oils in water were 36.2% and 85.1%, respectively. Less than 50% of benzyl *trans*-cinnamate and thymol were detected in the water at 2 days after treatment. Our results show that the essential oils of ajowan and Peru balsam and some of their constituents have potential as botanical insecticides against *Ae. aegypti* mosquito larvae.

Key words: plant essential oils, *Trachyspermum ammi*, *Myroxylon pereira*, larvicidal activity, mosquito, *Daphnia magna*, residue in water

Damage of Grapevines by *Apolygus spinolae* (Hemiptera : Miridae) in Grape Export Complex Area in Korea

Jin Sun Song¹, Dong Woon Lee², Suk Jun Lee², Chae Min Lee²,
Tae Heon Lim³, Dongpyeo Lyu⁴, Hyeong Hwan Kim¹ and Myoung Rae Cho¹

¹Horticultural Environment Division, Nation Institute of Horticultural & Herbal Science,

²Department of Ecological Science, Kyungpook National University,

³Research Institute of Agri-Bio Science, Samhoub, Co., Ltd.,

⁴Department of Forest Science, Sangji University, Wonju, Gangwon

The green pale plant bug, *Apolygus spinolae* was one of the main insect pests that damaged leaves and fruit in grapes and its damage status was firstly reported in 2000 in grape orchards. This research was conducted to evaluate the distribution and difference in damage rate depending in management type of grapevine orchards (domestic sale farm vs export farm) in the export complex area of Korea (Hwangsung in Gyeonggi, Sangju and Yeongcheon in Gyeongbuk, Namwon in Junbuk and Yeongdong in Chungbuk) from 2010 to 2012. Damage by *A. spinolae* occurred in all 62 survey farms and damage rate differed depending on locality and individual farms in the same area. Damage rate was lower in export farms than in domestic sale farms, and damage rate of leaves was highly correlated with damage rate of new shoots. 15 species of hemipteran insect were attracted to sticky traps and *A. spinolae* was the dominant species. The attracted number of *A. spinolae* in the sticky traps differed depending on locality, and more occurred in domestic sale farms than expert farms. *A. spinolae* was continually attracted to sticky traps in the harvest period in grapevine orchards.

Key words: *Apolygus spinolae*, damage rate, export agricultural products, grapevine, quarantine

0044

Enhansive Effect of Two Fumigants, Ethyl formate and Phosphine Gas, to Both Control Cotton Aphid and Two-Spotted Spider Mite in Applying Export Strawberries

Byung-ho Lee*, Bong-su Kim, Sun-ah Jung and Eul-jai Myung

Dongbu ARI, Dongbu Farm Hannong Co., Ltd.

For replacement of methyl bromide(MB) in Korea, VapormateTM, a gas formulation of ethyl formate(EF) with carbon dioxide, are firstly introduced in import bananas and VivakilTM, a gas formulation of phosphine(PH₃) with carbon dioxide, are ready to commercial use in export cut flowers. Their applications are being extended for other import and export commodities. Ethyl formate have been shown to have effectiveness short exposure time(<4hr) but it has a limited application at low temperature for TSM(Two spotted spider mites) due to some phytotoxic to strawberry. Phosphine gas has demonstrated their efficacy to TSM at low temperature but only meets quarantine requirement when applying longer fumigation time(>24hr) to control CA(cotton aphids). We firstly evaluated two MB alternatives, EF and PH₃, have enhansive effect within short exposure time(4hr) at low temperature(5°C) for controlling both TSM and CA without any injury to export strawberries.

Key words: ethyl formate, phosphine, methyl bromide alternative, enhansive effect, cotton aphid, two-spotted spider mite

0045

The Effect of a single Blood Meal on Insecticide Resistance of the Major West Nile Virus Vector, *Culex pipiens pallens* (Diptera: Culicidae), in the Republic of Korea

Kyu-Sik Chang, Dae-Hyun Yoo, Seong Yoon Kim, Mi Yeoun Park, E-Hyun Shin, Wook-Gyo Lee and Jong Yul Roh

Div. of Medical Entomology, Center for immunology and pathology, National Institute of Health

Insecticide resistance and activation of the metabolic detoxification enzymes of female *Culex pipiens pallens* by the blood meal were assessed using a micro-application bioassay and micro-plate enzyme activity assays. Four group of *Cx. pipiens pallens* were used, a susceptible non-engorging group at seven days after emerging, SNE7 Cp; a resistant non-engorging group at seven days after emerging, RNE7 Cp; a resistant engorged group at one day after blood feeding and a resistant engorged group at seven days after blood feeding, REG7 Cp.

Insecticide resistance of *Cx. pipiens pallens* was increased by the blood feeding. Based on LC₅₀ values, SNE7 Cp demonstrated >50 fold of higher susceptibility to all tested insecticides when compared with RNE7 Cp. RNE7 Cp showed higher susceptibility to all tested insecticides than REG1 Cp and REG7 Cp with a relative susceptibility LC₅₀ (SRLC₅₀) of 25.8 to 50.0 and 25.0 to 48.8.

In micro-plate enzyme assays, the metabolic detoxification enzyme activity of *Cx. pipiens pallens* adult females was increased by the blood feeding. Activation of non-specific esterases (EST), glutathione-S-transferase (GST) and mixed function oxidase (MFO) in RNE7 were higher than in SNE7 and the all tested enzymes in REG1 and REG7 demonstrated significantly higher enzyme activation than RNE7, except for activation of GST in REG1. Activation of MFO in REG1 and REG7 were 209.4- and 74.6- fold higher than in REG7, respectively. Non-specific esterases (EST) and glutathione-S-transferase exhibited < 10 fold of higher Rr values.

These results may be significant in terms of the criteria that are used to evaluate resistance, because blood fed female mosquitoes may show enhanced expression of the resistance phenotype, possibly allowing for earlier detection of insecticide resistance.

Key words: Metabolic detoxification enzymes, *Culex pipiens pallens*, Insecticide resistance, a blood meal.

Japanese Encephalitis Virus Detected from *Culex orientalis* and *Culex pipiens* Complex in Korea

Hyunwoo Kim¹, Young Eui Jeong², Go-Woon Cha²,
Mi Yeoun Park¹ and E-hyun Shine¹

¹Division of Medical Entomology, Korea National Institute of Health, Osong

²Division of Arboviruses, Korea National Institute of Health, Osong

Japanese encephalitis virus (JEV), a mosquito-borne pathogen, is the most important cause of viral encephalitis worldwide. The major vector mosquito of this virus, known as *Culex tritaeniorynchus*, is mainly live in paddy rice field in Korea. So Japanese encephalitis (JE) is a disease of rural areas. During urbanization, rice cultivated land has decreased also resulting the number of JE patients has decreased. However, recent outbreak of JE in Korea 2010, the patients distribution was not related with that of the mosquito. Therefore, this study was conducted to evaluate involving other mosquito species in the transmission of JEV. Five localities, JE reported in 5 years, have been selected to collect mosquitoes according their habitats (mountain, swap, cow shed, and downtown area) in 2012. Total 22,774 collected mosquitoes were pooled by species, date and site of collection. Of the 1,282 pools, eight (five were from *Culex orientalis*, one from *Culex pipiens* complex, and two from *Aedes vexans*) were found positive for flavivirus RNA in SYBR Green I-based real-time RT-PCR assay. The results of sequences blasting on NCBI showed that the flaviviruses from *Cx. orientalis* and *Cx. pipiens* complex were identified as JEV genotype V.

Key words: Japanese encephalitis virus (JEV), *Culex orientalis*, *Culex pipiens* complex, genotype V

0047

애완학습용 곤충 소비자의 행동 모니터링

김남정, 김소윤, 김성현, 최원호, 박해철, 이영보

국립농업과학원 곤충산업과

우리나라는 1988년 이후 장수풍뎅이, 사슴벌레, 나비류 등 50여 종류의 곤충이 학습과 취미용으로 상품화되어 시장규모가 증가하고 있는 추세에 있으며, 곤충의 체험학습장 및 곤충생태공원, 곤충박물관 등에는 연 200만명 이상이 관람하는 것으로 나타났다(특허청, 2011). 따라서 점차 규모가 커지고 있는 애완학습용 곤충시장을 올바르게 이해하고 적절히 대응하기 위해서는 소비자의 욕구를 파악할 필요가 있기 때문에 실제 이용자의 행동 모니터링을 시행하였다.

‘곤충’으로 검색된 블로그의 게시물을 대상으로 내용분석을 실시한 결과, 방문시기는 1월과 2월, 자녀의 체험학습을 위해 초등학교 저학년 이하의 자녀를 동반한 가족형 방문인 것으로 나타나 방학을 이용한 자녀교육 목적의 방문형태가 주를 이루는 것을 확인할 수 있었다. 방문지역은 서울 및 경기의 수도권지역에 집중되어 있으며, 사진 게시물의 내용을 분석한 결과를 살펴보면 곤충과 관련된 전시품사진과 체험활동위주의 사진이 가장 높은 비율을 보였다. 만족스러웠던 경험은 교육적 효과가 높은 다양한 체험활동이 많았다는 것이며, 불만족스러웠던 경험은 곤충을 보는 것만으로도 징그럽고 무섭다는 내용이 가장 많은 것으로 나타났다. 따라서 보다 누구나 쉽게 다가갈 수 있도록 친근한 이미지를 형성할 필요가 있으며, 교육적 가치가 높으면서 직접 체험할 수 있는 보다 다양한 형태의 전시 및 프로그램 개발에 대한 연구가 필요할 것으로 보인다.

검색어: 곤충, 블로그(blog), 소비자

Applying Hidden Markov Model for the Traveling Behaviors of Subterranean Termites in the Artificial Tunnels with Varying Width and Curvature

Seungwoo Sim¹, Seungho Kang¹ and Sang-Hee Lee¹

¹Department of Mathematical Model Research, National Institute for Mathematical Sciences

In the real world, most of biological systems that follow Markov process have internal states which are unobservable, so called hidden states. However, although the states could not be directly observed, events emitted under any hidden states would often be observable. It infers that a lot of biological systems might be simulated by hidden Markov model (HMM). To date, many studies tried to apply the HMM for monitoring and describing of animal behaviors. In this study, we attempted to build a HMM that emulates the traveling behavior of subterranean termites in the artificial tunnels with varying width and curvature, based on the empirical data obtained from our previous study that explored the relationship between subterranean termite's movement efficiency and the geometric pattern of their tunnels.

Key words: *Subterranean termite, tunnel, traveling behavior, HMM*

Analysis of the Responses of Termites to Tunnel Irregularity

Sang-Hee Lee¹ and Sook Jung Ku²

¹Department of Mathematical Model Research, National Institute for Mathematical Sciences

²Kangwon National University

Subterranean termites build extensive underground galleries consisting of elaborate tunnels and channels to forage food resources. Diverse soil conditions surrounding the tunnels, such as soil density, may cause irregularities in the size and shape of the tunnels, and termites are likely to encounter a number of tunnel irregularities while traveling. Considering the tunnel length, how termites respond to an irregularity is likely to affect their movement efficiency, and this in turn is directly correlated to their foraging efficiency. To understand the response of termites, we designed an artificial linear tunnel with rectangular irregularities in a 2-D arena. The tunnel widths, W , were 3 and 4 mm. The rectangular irregularities were 2 mm in width and of varying heights H (2, 1, 0, -1, and -2 mm). The positive and negative sign of H represents a convex and concave structure, respectively. We systematically observed the movement of termites, *Coptotermes formosanus* Shiraki, at the irregularity and quantified the time needed, τ , for a termite to pass the irregularity. The time τ was shorter for $(W, H) = (3, 0)$ and $(3, -1)$ than for $(W, H) = (3, 1)$, $(3, 2)$, and $(3, -2)$. The time τ was longer for $(W, H) = (4, -1)$, and $(4, -2)$, than for $(W, H) = (4, 0)$, $(4, 1)$ and $(4, 2)$. Four types of behaviors explained the response to the irregularity. The implications of these findings are briefly discussed in relation to termite foraging efficiency.

Key words: Termite movement efficiency, Tunnel surface irregularity, Termite tunnel network, Foraging efficiency

가지 길이 유사성 엔트로피를 이용한 나비 영상 인식

강승호, 이상희

국가수리과학연구소 수리생물학연구팀

생물 종 다양성 및 보존에 대한 필요성은 곤충과 같은 생물 개체의 정확하고 효율적인 인식 방법에 관심을 불러 일으켰다. 특히 스마트 폰과 같은 디지털 정보기전의 발달과 보급으로 인해 영상 매체를 이용한 곤충 종의 자동인식에 대해 많은 연구가 이루어지고 있다. 본 논문은 나비 영상 인식을 위해 가지 길이 유사성 엔트로피(Branch Length Similarity Entropy)를 이용한 특징 추출 방법을 제안한다. 제안한 특징 추출 방법은 나비의 윤곽으로부터 높은 곡률을 가진 특징점들을 추출한 다음 이들 사이를 네트워크로 구성하고 특징점 간의 길이 분포를 엔트로피로 표현한 것이다. 제안한 특징 추출 방법의 성능을 평가하고자 15종의 나비 영상을 대상으로 지도학습 기반 기계학습 방법인 베이지안 분류기, 인공 신경망 및 서포트 벡터 머신을 이용해 기존에 제시된 퓨리에 기술자 및 웨이블릿 기술자와 비교하였다.

검색어: 나비 분류, 가지 길이 유사성 엔트로피, 기계학습

What Determines Densities of Cicada Species in Central Korea?

Yikweon Jang¹, Tae Eun Kim¹ and Seung-Yoon Oh²

¹Department of Life Sciences, Ewha Womans University

²School of Biological Sciences, Seoul National University

In some cicada species, male calling songs are so loud that they become a nuisance to city dwellers in Korea. To understand the abundance of cicada species in central Korea, we conducted complete enumeration surveys of exuviae in *Hyalessa fuscata*, *Cryptotympana atrata*, *Meimuna* spp, and *Graptopsaltria nigrofuscata*. Exuviae collection was conducted in three representative habitats in central Korea: metropolitan, suburban, and country. We collected the exuviae twice with a 10-day interval between samplings in August 2010. Resource-weighted density of each species was calculated based on the area and the number of trees. *H. fuscata* was the dominant species in all three regions. Resource-weighted densities in metropolitan and suburban regions were much higher than those in the country region, due to *H. fuscata* and *C. atrata*. The results of the multivariate general linear models showed that region, date, and the interaction between these two variables were all significant for population densities of cicada species. Unlike the resource-weighted densities, the organism-weighted densities that indicated the intensity that an individual had to share its host with others were much larger than tree-weighted densities for cicada exuviae. Furthermore, there was no significant difference in organism-weighted densities among habitats. The difference between resource-weighted and organism-weighted densities implied that larger proportions of trees were not used by cicada juveniles in the country. Thus, the distributions and abundance of tree host species could be an important factor for cicada density in Korea.

Key words: *Hyalessa fuscata*, *Cryptotympana atrata*, resource-weighted density, organism-weighted density

대구지역에서 사회성 말벌에 의한 피해 양상

최문보, 장갑수, 김슬옹, 김태수, 권관익, 이종욱

영남대학교 생명과학과

2001-2012까지 대구지역에서 119 구조대에 의한 사회성 말벌의 벌집제거 출동건수를 보면 총 11,948건으로 나타났으며 이 건수는 매년 증가하고 있는 추세이다. 특히 2008년 이후로 그 증가세가 급격하게 증가하였는데 2001년 147건에 비해 2012년에는 4,979건으로 약 34배 증가하였다. 이들 출동은 주로 7-9월에 가장 높게 나타내었는데 이는 벌집이 가장 성숙된 시기와 일치한다. 대구 내 상습 피해 지역은 12년 동안 북구 지역이 2,825건으로 가장 많은 신고건수를 나타내었으나 단위면적당으로 보면 남구 지역이 33.60으로 가장 높게 나타나 실질적인 피해가 가장 높은 지역으로 나타났다. 따라서 도시 내 말벌의 피해에 대한 방제 및 조절은 남구가 가장 우선적으로 그 대상지가 되어야 할 것이다.

대구 도심지에서 나타나는 말벌종은 13종으로 나타났으며 그중 왕바다리(*Polistes rothneyi koreanus*)가 집중적으로 피해를 일으키는 것으로 나타났으며 최근 아열대 침입종 등검은말벌(*Vespa velutina nigrithorax*)이 도시 내에서 그 분포를 늘려가고 있어 피해가 예상된다.

대구지역에서 말벌의 영소가 급격히 증가하는 원인은 도시 내 녹지대의 증가가 가장 큰 원인으로 생각되어지며, 그 외 영소 장소의 안전성, 도시 내 높은 온도에 따른 콜로니 발육 증대, 낮은 빈도의 포식 및 기생률 등으로 보여 진다.

검색어: 사회성 말벌, 대구, 도시, 119구조대 출동

0053

A New Species of *Phyllotreta* Chevrolat (Coleoptera, Chrysomelidae, Alticinae) from South Korea

Jinyoung PARK^{1*}, Jong Eun LEE² and Jong Kyun PARK¹

¹Department of Applied Biology, Kyungpook National University, Sangju, Korea

²Department of Biological Science, Andong National University, Andong, Korea

The genus *Phyllotreta* Chevrolat belonging to the subfamily Alticinae (Coleoptera: Chrysomelidae). One of the largest alticine genera with approximately 150 species in the Palearctic region and more than 250 species worldwide. In Korea a total of 6 species were known by Lee and An (2001).

New species of *Phyllotreta* Chevrolat, 1837 are described: *P. hamata* Park sp. nov. from South Korea. The relationships of the new species with the actual species groups of *Phyllotreta* are discussed. Also, illustrations of diagnostic characteristics of the new species including male aedeagus and spermatheca are provided with a key to South Korean *Phyllotreta* species.

Up to now 7 species of *Phyllotreta* have been recorded from the South Korea, including the present species.

Key words: Chrysomelidae, Alticinae, *Phyllotreta hamata* Park sp. nov.

한반도 서식 자생 곤충종의 확증표본 시스템 구축

김기경, 안능호, 박선재, 이연순, 서홍렬

국립생물자원관 동물자원과

지구 생물다양성의 보전과 함께 생물자원의 지속가능한 이용과 생물자원을 이용하여 얻어지는 이익을 공정하고 공평하게 분배할 것을 목적으로 유엔환경개발 회의에서 만들어진 생물다양성협약은, 2010년 생물유전자원의 접근과 이익공유에 관한 나고야의정서(ABS)를 채택하면서, 세계 각국이 가지고 있는 생물자원의 이용에 대한 국제적 규범을 만들었다. 따라서, 향후 의정서 발효 이후 여러 분야에서 이용될 수 있는 우리 생물자원의 주권적 권리를 지키기 위해서는 국가 생물종 목록에 근거해 자생 생물종에 대한 확증표본(voucher specimens)의 현황과 증거표본을 조속히 확보하는 일이 무엇보다 시급하게 되었다. 확증표본이란 우리나라 자생생물을 채집하여 표본으로 제작한 것으로 전문가가 정확히 동정하여 우리나라 생물종의 서식 증거로 이용하는 생물표본을 말하는데, 그간 우리나라에서는 많은 종들에 대한 확증표본 자료가 체계적으로 정리되지 않았고 일부 종들만 대학 및 연구기관에서 부분적으로 정리 및 보존하는 정도였다. 환경부 국립생물자원관은 이러한 국제적 규범에 선제적으로 대응하여 2008년부터 국가 생물종 확증표본 정보 시스템을 구축해 왔는데, 곤충분야에서는 5년간의 조사 연구를 통해 2012년 12월까지 기록된 곤충류 14,145종 중 8,245종에 대한 확증표본 정보를 구축하였다. 지금까지 구축된 확증표본 정보는 우리 곤충자원의 권리를 주장하는 근거뿐만 아니라, 생물다양성 연구, 생물지리학적 연구, 형태학적 연구 및 계통분류학적 연구 등 다양한 연구 분야에서 기초자료로 귀중하게 이용될 수 있을 것이다.

검색어: 생물주권, 곤충, 확증표본, 생물다양성협약, 나고야의정서

0055

한반도 서식 자생 곤충의 인벤토리 구축

안능호, 김기경, 박선재, 이연순, 서홍렬

국립생물자원관 동물자원과

지구 생물다양성의 보전과 함께 생물자원의 지속가능한 이용과 생물자원을 이용하여 얻어지는 이익을 공정하고 공평하게 분배할 것을 목적으로 유엔환경개발회의에서 만들어진 생물다양성협약은, 2010년 생물유전자원의 접근과 이익공유에 관한 나고야의정서(ABS)를 채택하면서, 세계 각국이 가지고 있는 생물자원의 이용에 대한 국제적 규범을 만들었다. 따라서, 향후 의정서 발효 이후 여러 분야에서 이용될 수 있는 우리 생물자원의 주권적 권리를 지키기 위해서는 가장 기초적 자료인 우리 생물종에 대한 인벤토리(Inventory)를 종합적으로 빨리 구축하는 것이 중요하게 되었고, 정부는 이에 대응하기 위해 「생물다양성 보전 및 이용에 관한 법률」을 2013년 2월부터 시행하면서 국가의 생물종 목록 구축을 의무화 하였다. 한반도에 자생하고 있는 생물종의 수는 국토의 면적과 위도가 비슷한 일본과 영국의 경우를 고려하여 약 10만종 이상으로 학자들은 추정하고 있는데, 환경부 국립생물자원관은 2008년부터 각 분류군별 전문가들의 도움을 받아 각종 문헌기록들을 분석·정리하여 한반도에 서식하는 생물종 인벤토리를 지속적으로 구축해 왔다. 2012년에는 그간 5년간의 인벤토리 구축 결과를 종합하여 한반도의 생물종수를 39,150 분류군으로 정리하였는데, 이 중 곤충류는 14,145 분류군을 차지하였다. 이 중에서 분류학적으로 체계가 변경된 것들은 최신의 정보를 반영하였는데, 툭토기목은 3개의 목으로 재분류하여 뿔툭토기목, 둥근툭토기목, 툭토기목으로 정리하였고, 이목은 이목과 새털이목으로 분리하였다. 국립생물자원관은 지금까지 정리된 곤충 인벤토리를 분류군별로 나누어 2015년까지 국가 생물종 곤충분야 목록집으로 발간할 예정이다.

검색어: 인벤토리(Inventory), 생물주권, 곤충, 생물다양성협약, 생물종목록집

Northward Range Shifts of Korean Butterflies

Tae-Sung Kwon¹, Cheol Min Lee¹ and Sung-Soo Kim²

¹Division of Forest Ecology, Korea Forest Research Institute, 57 Hoegi-ro, Dongdaemun-gu, Seoul 130-712, Republic of Korea

²Research Institute for East Asian Environment and Biology, Gangdong-gu, Seoul 134-852, Republic of Korea

In the Northern Hemisphere, northward shifts due to global warming are apparent in various organisms such as butterflies, birds, and plants. In South Korea, ranges of butterflies are expected to shift northwards. We tested whether distribution limits of Korean butterflies shift northwards. We used two Korean butterfly atlases (1938-1950, 1977-2011) for analysis of the range shifts. Northern limits of southern species moved significantly northward (ca. 60 km) for 50 years, whereas southern limits of northern species did not significantly move northwards nor southwards. This finding parallels with other studies on butterflies and birds in Europe and North America.

Key words: Butterfly, range shift, distribution, Korea, climate change, global warming

0057

Effects of Forest Degradation on Butterfly Communities in the Gwangneung Forest

Cheol Min Lee¹, Tae-Sung Kwon¹, Sung-Soo Kim², Jeong-Dal Shon³
and Bong-Woo Lee³

¹Division of Forest Ecology, Korea Forest Research Institute, Seoul 130-712, Republic of Korea

²Research Institute for East Asian Environment and Biology, 293-27, Amsa 3 dong, Gangdong-gu, Seoul 134-852, Republic of Korea

³Korea National Arboretum, 51-7 Jikdong-ri, Soheul-eup, Pocheon-si, Gyonggi-do 487-821, Republic of Korea

This study was carried out to clarify the response of butterfly communities on forest degradation in the Gwangneung Forest, Korea. We monitored butterfly communities with varying degrees of human activities by conducting line transect twice a month in 2011. A total of 70 species and 4,676 individuals butterflies were observed in four sites: natural forest, plantation forests, and Korea National Arboretum. Species richness increased with increasing open land. The result on niche breadth and habitat type of butterfly was consistent with our predictions; specialist species and forest interior species were abundant in natural forest, whereas generalist species and grassland species were abundant in Korea National Arboretum, the most modified area. Also, habitat breadth of butterflies clearly indicated the difference on the degree of forest degradation. Butterfly diversity associated with landscape patterns based on aerial photographs supported mosaic concept which indicates that species diversity increases as habitat heterogeneity and variability increase. Forest management plan that maintains various habitats and ensures grasslands is necessary to increase butterfly diversity in forest.

Key words: forest degradation, butterfly, niche breadth, habitat type, habitat breadth

Taxonomic Notes on the Genus *Clerus* Geoffroy (Coleoptera: Cleridae) with a New Species from South Korea

Jongok Lim¹, Roland Gerstmeier², Bongwoo Lee¹ and Seunghwan Lee³

¹Division of Forest Biodiversity, Korea National Arboretum, Republic of Korea

²Institute of Animal Ecology, Germany

³Department of Agricultural Biotechnology, Seoul National University, Republic of Korea

Two families of checkered beetles (Cleridae and Thanerocleridae) contain approximately 3,600 described species.

Clerus is one of genera belonging to the *Omadius* genus-group (Cleridae: Clerinae: *Clerus* series), and distributed in Palaearctic, Indo-Australian and Afrotropic regions containing 17 species. Among the known species, 11 species have been recorded from Palaearctic region (seven from East Asian countries).

Through a taxonomic study on the Korean *Clerus* species, a total of three species, *C. dealbatus* (Kraatz, 1879), *C. pilosellus* (Gorham, 1878) and *Clerus* sp. nov. are recognized.

From the present study, it was confirmed that *C. dealbatus* was misidentified as *Thanasimus lewisi* (Jacobson, 1911) in the country, due to the similarity of the body coloration. The presence of the latter species in Korean insect fauna is very doubtful.

Diagnostic characters of three Korean *Clerus* species are presented.

Key words: Coleoptera, *Clerus*, new species, predator, South Korea

0059

한란(*Cymbidium kanran* Makino)을 포함한 난초과의 주요 해충 *Japanagromyza tokunagai* (Sasakawa) (파리목: 굴파리과)에 대한 연구

임종수, 김일권

국립수목원 산림생물조사과

한란(*Cymbidium kanran* Makino)은 개화기가 보통 11~1월로, 추울 때 꽃이 핀다하여, ‘한란(寒蘭)’이라 불린다. 우리나라의 제주도를 비롯하여, 일본 남부, 중국 남부, 대만 등에 분포하는 동북아시아 온대기후대의 표식종으로 알려져 있다.

본 연구는 천연기념물 제 432호로 지정된 “제주 상호동 한란자생지”(제주도 서귀포시 돈내코 위치)에 자생하는 한란이 2011년에 꽃을 거의 못피우는 피해가 발생하여 이를 야기한 해충을 규명하기 위하여 2012년 2월-10월에 걸쳐 현지 방문 조사를 실시하였다.

본 연구를 통하여, 해당 해충 종은 굴파리과(Agromyzidae)의 국내 미기록종인 *Japanagromyza tokunagai* (Sasakawa)로 확인되었다. 한란의 꽃대에 1-3마리 정도의 *J. tokunagai* 유충이 굴을 파면서 자라는데, 꽃이 피기 전에 꽃대가 부러지는 피해를 입힌다. 본 연구를 통해 이 굴파리는 한란 뿐만 아니라 보춘화(*C. goeringii*)의 꽃대와 자방, 금난초(*Cephalanthera falcata* (Thunb.) Blume), 은난초(*Ce. erecta* (Thunb.) Blume), 두잎감자난초(*Oreorchis coreana* Finet) 그리고 복주머니란(*Cypripedium macranthos* Sw.)의 자방에 피해를 입히는 것을 확인하였다. 이와 더불어 이 굴파리의 피해를 입은 한란 꽃대와 금난초 자방에서 좀벌과(Eulophidae)의 *Pediobius* sp. cf. *P. metallicus*, 금좀벌과(Pteromalidae)의 *Sphagigaster* sp. 그리고 검정알벌과(Scelionidae)의 *Telenomus* sp., 총 3종의 기생벌이 같이 우화하였다. 굴파리의 피해를 막기 위해 꽃대가 올라오는 시기부터 개화 직전까지 망을 씌우는 방법을 제시하였다.

검색어: 난초과, 한란, 파리목, 굴파리과, 기생벌, 기주식물

Developmental Characteristic of Yellow Spotless Ladybug, *Illeis koebelei* Timberlake (Coleoptera: Coccinellidae: Psylloborini) and the Biological Control Effect on the Cucumber Powdery Mildew

Young-su Lee, Soon-sung Hong, Jin-young Kim,
Soon-jae Kim and Hee-dong Kim

Gyeonggi-do Agricultural Research and Extension Services

The yellow spotless ladybug (YSL), *Illeis koebelei* is a kind of aboriginal ladybug in Korea. YSL feed on the fungi and extraordinary prefer to powdery mildew (PM). This study was conducted to investigate the developmental characteristic and the biological control effect on the cucumber PM by the YSL from 2010 to 2012.

YSL were detected on the 12 species of host plants infected with PM. and occurrence was observed from the early of July to the early of November in Gyeonggi area. The feeding amount of YSL on the cucumber PM was in order of 4th larva, adult, 3rd larva, 2nd larva and 1st larva. The optimum developmental temperature and photoperiod for YSL was 20~25°C and 16L:8D respectively. Three species of fungi were selected as the short term substitution feed for YSL. Control effect on cucumber PM under 2.5% of occurrence rate was linearly increased in proportion to increased numbers of 3rd larva were applied. Combination treatment of the fungal agent with YSL enhanced suppression of cucumber PM more than either agent used alone. The safety agricultural chemicals were selected harmless to the survival of larva and adult of YSL. The survival rate of pupae and adult was over 80% after storage at 10~12°C for 30 days. Five species of banker plant were selected for maintenance of YSL during growing season in greenhouse.

Key words: Mycophagous, Natural enemy, Yellow spotless ladybug, Control, Powdery mildew

0061

Study on the Hatching Characteristics and Diet of Stick Insect, *Baculum elongatum* (Phasmida : Phasmatidae) for Artificial Mass Rearing

JinGu Lee¹, HeeDong Kim¹, ChangSung Kang¹, AeGyeong Seo¹, SangHyun Lee²,
YoungKyu Park³ and YoungBo Lee⁴

¹Gyeonggi-do Agricultural Research and Extension Services

²Sunyou. Co. Ltd.

³Korea Beneficial Insects Lab. Co. Ltd. ⁴National Academy of Agricultural Science

Baculum elongatum has a long, thin shape that resembles a twig, propagates by parthenogenesis, changes body color, and drops eggs, all of which suggests its potential in the commercial market, especially as an educational pet insect. This study was carried out to determine the best hatching environment and an alternative or artificial diet for rearing *B. elongatum* to be developed as a commercial and educational pet insect.

Oviposition was performed by females without fertilization by the sperm of males. The oviposition period was 42.2 ± 22.7 days and the number of eggs per female was 109.5 ± 70.5 eggs. The hatch rate was 73.3% at 25°C and 66.7% after low temperature treatment (8°C for 60 days). In nature, *B. elongatum* overwinters as an egg, but it can be assumed from the results that cold temperatures were not required for hatching. The hatch rate was 98.2% in the treatment using floral foam, fermented sawdust, and leaves.

Clover (*Trifolium repens*) was an excellent diet as it was similar to the host plant and could be used as an alternative diet. The rate of reaching adulthood for the insects was 66.7% on an artificial diet containing 25% acacia leaves. For sustainable mass rearing of nymphs or adults of *B. elongatum*, a natural diet could be used such as acacia (*Robinia pseudoacacia*), white oak (*Quercus aliena*), chestnut (*Castanea crenata* var. *dulcis*), and bush clover (*Lespedeza bicolor*), or an alternative diet such as clover or artificial diet. To rear nymphs and adults of *B. elongatum*, natural diet such as acacia, white oak, chestnut, or bush clover leaves, or an alternative diet such as clover or an artificial diet can be used.

Key words: Stick insect, *Baculum elongatum*, insect

2013 한국응용곤충학회 정기총회 및 춘계학술발표대회



포스터 발표



P001

방충망을 이용한 밤나방과 해충 이동 억제

박종호, 홍성준, 한은정, 심창기, 이민호, 김민정, 김용기

국립농업과학원 유기농업과

온실내에서 작물을 재배할 때 외부해충의 유입을 막기 위해 또는 화분매개충의 유출을 막기 위해 다양한 방충망을 사용하고 있다. 과채류 작물에 큰 피해를 끼치는 파밤나방과 담배거세미나방의 유입을 막기 위한 방충망 선별을 위한 시험을 실시하였다. 망으로는 농가에서 조류망(1.5×1.5cm), 벌망(0.75×0.6cm) 풍망(0.58×0.4cm)으로 불리우는 자재를 사용하였다. 30×30×30cm크기의 아크릴케이지에 종이격막을 만들고 가운데 20×20cm크기로 망으로 가로막은 후 파밤나방과 담배거세미나방을 한쪽에 방사한 뒤 이동율을 조사하였다. 담배거세미나방은 풍망에서 전혀 이동하지 않았으며 조류망과 벌망은 통과를 하였다. 파밤나방은 풍망에서 이동이 현저히 줄어들었으나 일부 성충이 통과를 하였다. 온실에서 100*100*150cm 크기의 콤비락을 이용하여 담배거세미나방 성충의 망 통과 시험을 하였는데, 풍망에서는 성충이 거의 통과를 하지 못했으며 벌망에서도 이동이 일부 억제된 것으로 나타났다.

검색어: 유기재배, 파밤나방, 담배거세미나방, 방충망

P002

황색점착트랩이 가루이좀벌에 끼치는 영향

박종호, 홍성준, 한은정, 심창기, 이민호, 김민정, 김용기

국립농업과학원 유기농업과

온실재배조건에서 큰 피해를 끼치는 온실가루이와 담배가루이를 예찰하기 위해 농가에서는 황색점착트랩을 이용하고 있다. 두 가지 해충을 방제하기 위해 천적이 사용되고 있는데, 가루이의 천적으로 사용되는 좀벌류도 점착트랩에 유인이 되는 경향이 있어 이 영향을 알아보기 위하여 시험을 실시하였다. 아크릴케이지내에서 온실가루이와 온실가루이좀벌 성충을 담배가루이와 담배가루이좀벌 성충을 같이 동일한 수를 방사하고 황색트랩에 유인된 수를 조사하였을 때 두 좀벌 모두 가루이와 유의차가 없었다. 그러나 가루이 약충이 접종된 토마토를 케이지에 넣고 점착트랩에 유인율을 조사하였을 경우 온실가루이좀벌 성충은 20.0%로 온실가루이 성충 38.7%보다 현저히 떨어졌으며 담배가루이좀벌 성충의 경우도 28.7%로 담배가루이 성충 42.0%보다 유인수가 낮았다. 담배가루이좀벌은 흰색이나 청색보다 황색 점착트랩에 훨씬 높게 유인되었다.

검색어: 유기재배, 담배가루이좀벌, 온실가루이좀벌, 점착트랩

P003

꼬마배나무이 월동성충 산란 알의 온도별 부화 및 방제효과

조영식¹, 송장훈¹, 임경호¹, 최장전¹, 최진호¹, 이한찬¹, 김도익²

¹국립원예특작과학원 배시험장, ²전남농업기술원 친환경연구소

꼬마배나무이(*Cacopsylla pyricola*) 월동성충이 산란한 알에 대한 온도별 부화율 변화와 친환경 유기 농자재 등에 의한 살란 효과 및 배 재배기간 동안 친환경 유기 농자재에 의한 방제효과를 조사하였다. 산란된 알이 약 80% 이상 부화한 시기는 25°C에서 약 13일 후였으며, 20°C에서 약 15일 이후로 25°C와 큰 차이가 없다. 15°C에서는 13일 후부터 부화하여 24일 후에 80% 이상 부화하였고, 10°C에서는 약 29일 이후에 10% 이상 부화하였다. 아바멕틴 유제, 석회유황합제, 기계유유제, 및 친환경 유기 농자재의 살란 효과를 보기 위하여 2012년 3월 6일 살포하고, 80% 정도 부화하였던 시기인 4월 16일에 부화율을 조사한 결과, 모두 방제가 30% 이하로 알에 방제 효과는 없는 것으로 판단된다. 친환경 유기 농자재에 의한 방제 효과 검토를 통해 활용할 만한 자재를 선별하기 위해 2012년 5월 21일 1차 살포하고, 15일 후 2차 살포한 결과, 90% 이상의 방제가를 보인 친환경 유기 농자재는 고삼, 계피 추출물 등 4종이었는데 D사의 Azadiractin A+B, Nimbin, Salanin, Meliantriol, Vepol 등 혼합물이 94.2%의 방제가를 보였다.

검색어: 꼬마배나무이, 부화율, 친환경 유기 농자재, 살란 효과

P004

RNA-Seq Analysis is an Efficient Tool for Species Discrimination Markers Screening for Immunological Diagnosis of Pest Species

Doo-Sang Park¹, Chan-Seok Yeon¹, Chuleui Jung², Ki-Jeong Hong³
and Hyun Woo-Oh^{4*}

¹Biological Resource Center, KRIBB

²Department of Bioresource Science, Andong National University

³Central Post-entry Quarantine Station, National Plant Quarantine Service

^{4*}Industrial Biomaterial Research Center, KRIBB

Rapid identification of pest species found under quarantine is an important factor in preventing an economic loss of agricultural commodities. In this study, we analyzed RNA-Seq of the larvae of *C. sasakii*, *G. molesta* and *G. dimorpha*, which are serious pests in several fruits in Korea and are difficult to discriminate by species in their larval stage because of lack of a morphological character. To select immunological diagnostic markers, discriminating the larvae of *C. sasakii* from the *G. molesta* and *G. dimorpha*, RNA-Seq was performed for the larvae of the three insects. The 454 pyrosequencing generated 3,058-4,686 contigs for each three pest species, which assembled into 2,584-3,970 isotigs with average lengths of 829-1,244 bp. Functional annotation of the sequencing results generated 774 orthologs for the three pest species, and 12 isotigs were finally registered as candidate markers for species discrimination through bioinformatical screening, literature search, and gene expression study. The selected candidates include serine proteases, serpins, 27 kDa glycoprotein and storage protein with a constitutive gene expression in their larvae, pupae and adult stage.

Key words: *C. sasakii*, *G. molesta*, *G. dimorpha*, quarantine pest, immunological diagnosis, RAN-Seq

P005

경북 북부지역 노지고추의 주요 해충 발생소장 및 피해정도

권오훈, 장길수, 원종건, 황지은, 전수경, 권태영

경북농업기술원 영양고추시험장

최근 경북 북부지역 노지고추에서 해충 발생증가와 재배농가의 인식부족으로 적기방제가 이루어지지 않아 피해가 증가하고 있다. 노지고추에서 발생하는 주요 해충은 총채벌레, 담배나방, 진딧물인데, 총채벌레와 담배나방은 고추과실을 직접 가해하며, 진딧물은 생육저하 및 바이러스를 매개하여 고추에 피해를 주고 있다. 본 연구에서는 경북 북부지역 노지고추에서 발생하는 주요 해충의 발생시기 및 피해정도를 조사하여 방제를 위한 기초자료로 활용하고자 수행하였다. 총채벌레, 담배나방, 진딧물의 발생소장을 조사하기 위하여 고추 주산지인 영양지역에서 2009~2012년까지 황색평판트랩, 성페로몬트랩, 육안조사를 실시하였고, 피해정도는 2010년부터 3년 동안 영양과 의성지역에서 7월 중순부터 9월 상순까지 순별로 조사하였다. 총채벌레는 6월 중순 이후 증가하기 시작하여 7월 상순, 7월 하순, 8월 하순으로 연중 3차례의 발생최성기를 보였다. 노지고추에 주로 발생하는 종은 대만총채벌레와 꽃노랑총채벌레이었으며, 대만총채벌레가 우점종으로 나타났다. 총채벌레에 의한 평균 피해과율은 조사지역에서 8월 하순에 가장 높았다. 담배나방은 5월 하순에 발생이 시작되어 6월 하순, 7월 하순~8월 상순, 9월 상순으로 연중 3차례의 발생최성기를 보였으며, 8월 중순에 평균 피해과율이 가장 높게 나타났다. 진딧물은 6월 상순 이후 발생밀도가 증가하여 6월 하순~7월 상순에 가장 높았고 이후 발생밀도가 감소하다가 9월 상순에 소폭 증가하였다.

검색어: 노지고추, 총채벌레, 담배나방, 진딧물

P006

국내에서 벼밤나방의 최근 발생

정진교¹, 서보윤², 조점래², 최준열¹, 최낙중¹, 백채훈¹, 배순도¹, 김도익³

¹국립식량과학원, ²국립농업과학원, ³전라남도농업기술원

벼밤나방(*Sesamia inferens*)은 벼과 식물들을 기주식물로 하고, 국내에서는 벼해충으로 알려져 있는데, 벼에서의 피해 증상은 이화명나방에 의한 것과 유사하다. 국내에는 이 종의 발생 생태에 관해서 40여 년 전 한국식물보호학회지에 유일한 보고(Bae et al., 1969)가 있는 정도로 드물어, 발생이 많지 않은 벼의 이차 해충으로 추정된다. 그런데, 최근 가을과 겨울 사이 충청도와 전라도 몇 지역의 논에서 채집된 나방 유충들의 상당수가 벼밤나방인 것으로 밝혀져 최근 이 종의 밀도가 증가한 것으로 추정되었다. 이에 이 종의 발생 양상을 알고자 경기도와 충남, 전북, 전남, 경남의 몇 지역에서 성페로몬 트랩으로 성충 발생을 조사하였다. 성페로몬 미끼로는 (Z)-11-hexadecenyl acetate와 (Z)-11-hexadecen-1-ol을 3:1 비율로 조제한 것을 사용하였다. 남쪽 지방에서 발생이 더 빠른 것이 관찰되었는데, 전북에서는 4월말에, 충남에서는 5월 중순에 처음 발생이 관찰되었다. 1화기 성충은 대체적으로 5월과 6월 초 사이에 발생하는 것으로 추정되었고, 이후 2~3번 더 발생할 것으로 보였으나 세대 사이의 경계는 뚜렷하게 나타나지 않았다. 경기도 수원에서는 벼밤나방으로 추정되는 1마리만이 포획되어 실제 발생이 되는지 확실하지 않았다. 가을과 겨울 사이 채집된 유충은 경기도 수원으로 옮겨져 야외에서 사육되었는데, 겨울 중 모두 사망하였다. 또, 전북 군산의 한 벼 포장에서 가을과 겨울 시기가 지남에 따라 벼밤나방 밀도가 급격하게 감소하는 것으로 나타나, 벼밤나방은 저온에서 치사율이 매우 높을 것으로 추정되었다. 10월과 11월 사이 충남 서천과 전북 군산에서 채집된 유충을 25°C에서 항온 사육할 때, 0~2회의 탈피를 거쳐 9~18일 지나 번데기가 되었는데, 용화 전 기간은 시기가 지남에 따라 단축되었고, 용기간은 10~11일로 채집시기에 관계없이 일정하였다. 가온 사육에서 채집 유충의 15~40%가 우화에 성공하였다.

검색어: 벼밤나방, 발생, 성충, 월동유충, 벼

P007

Analysis of Transcriptome of Teratocyte in *Cotesia plutellae*

Wook Hyun Cha¹, Yonggyun Kim² and Dae-Weon Lee¹

¹Department of Biology, KyungSung University

²Department of Agricultural Biology, Andong National University

Cotesia plutellae has been known as a natural enemy against the Diamondback moth, *Plutella xylostella* via laying eggs into a larva. When the larva hatches from the egg, teratocytes also are released and expected to work as immune suppressor via secreting immune suppressive factors. In order to analyze the gene expression in teratocytes, total RNAs were isolated and genes expressed in the teratocyte were sequenced by Illumina HiSeq2000 RNASeq analysis. The information on RNA sequences was assembled by Trinity and contigs were annotated by Blast analysis. The levels of gene expression were calculated by FPKM. Approximately, 6.3 Gbs were obtained and 34,686 contigs were found and annotated. Forty two percent of contigs were homologous to previously reported genes and classified by gene ontologies: the highly abundant components are metabolic process, biological regulation and cellular process in biological function; binding, catalytic activity and transporter activity in molecular function; cell part, membrane part and organelle in cellular function, respectively. In addition, some teratocyte transcripts of *C. plutellae* are related to host regulation such as immunosuppression and nutrition: Ankyrin repeat proteins, Serpin, protease, lipase, chitinase and scavenger receptor.

Key words: *Cotesia plutellae*, teratocyte, transcriptome, RNASeq, immunosuppression, *Plutella xylostella*

A Replication Model for *Cotesia plutellae* Bracovirus

Rahul P. Hepat and Youngyun Kim

Department of Bioresource Sciences, Andong National University, Andong 760-749 Korea

Polydnviruses (PDVs) are a group of insect viruses and symbiotic to some endoparasitoid wasps classified in to Braconidae and Ichneumonidae. Though a lot of PDV genes are identified and analyzed in the host-parasitoid molecular interactions, PDV replication is still far from our understanding. PDVs are replicated in the wasp ovary during late pupal stage. A PDV, *Cotesia plutellae* bracovirus (CpBV), is symbiotic to *Cotesia plutellae*. The *C. Plutellae* ovary was analyzed in transcriptome by 454 pyrosequencing. The ovarian transcriptome provided several major DNA polymerases including Pol α , Pol δ , and Pol ϵ . All contigs matched to these polymerases were expressed in *C. plutellae*. Especially DP1 contig homologous to Pol α was highly expressed during late pupal and female adult stages. Its RNA interference significantly suppressed CpBV viral titre in the ovary. This study suggests a hint that CpBV replication uses a host DNA polymerase, in which Pol α may play a specific role in the viral replication in the ovary.

Key words: DNA pol 1 (DP1), *Cotesia plutellae*, bracovirus, *Plutella xylostella*

P009

Cost Efficient Sampling Method for Management of *Aphis Gossypii* (Hemiptera: Aphididae) in Greenhouse Cultivation of Cucumbers

Taek Jun Kang¹, Myoung Rae Cho¹, Joon Ho Lee², Kijong Cho³
and Jung-Joon Park⁴

¹National Institute of Horticultural and Herbal Science, RDA

²Entomology program, School of Agricultural Biotechnology, Seoul National University

³Division of Environmental Science and Ecological Engineering, Korea University

⁴Department of Applied Biology, Gyeongsang National University

The cotton aphid, *Aphis gossypii* Glover (Hemiptera: Aphididae), is one of the major insect pests of cucumber, *Cucumis sativus* L. The spatial distribution and occurrence of *Aphis gossypii* Glover on greenhouse cucumber, *Cucumis sativus* L., were studied to provide an efficient and reliable sampling plan for its control. A highly clumped pattern was observed among plants (TPL $b = 1.63$) within a greenhouse. To develop a sampling plan for visual enumeration, leaves within plants were selected by different percentages of leaves (eg., 3rd and 6th, 6th and 9th leaf, ...from the bottom of the plant) and then compared the accuracies and efficiencies by relative net precision (RNP). The results indicated that selecting leaves from the bottom of the plant by systemic sampling methods were relatively high as other sampling methods.

Key words: *Aphis gossypii*, *Cucumis sativus*, Spatial distribution, Sampling method

P010

시설국화에서 아메리카잎굴파리에 대한 피해 정도와 굴파리좀벌에 안전한 약제 선발

이영혜¹, 최용석¹, 전낙범², 김동찬², 유용만³

¹충청남도농업기술원 농업환경연구과, ²충청남도농업기술원 예산국화시험장,
³충남대학교 농업생명과학대학 응용생물학과

시설국화에 아메리카잎굴파리 성충 접종마리수를 달리하여 국화의 피해엽율과 피해굴수, 피해초장율을 조사하였고 국화에 등록된 약제를 대하여 굴파리좀벌에 안전한 약제를 선발하였다. 국화에 아메리카잎굴파리 4, 10, 20, 30마리를 접종하였을 경우 국화에 대한 피해엽률과 피해굴수는 아메리카잎굴파리의 밀도가 높을수록 피해수준이 높았다. 피해엽률은 12.5%, 13.7%, 21.2%, 25.4%였으며 피해굴수는 8.8%, 12.8%, 17.4%, 19%였다. 또한 전체 초장에서 피해엽이 보이는 높이까지의 피해초장율은 36.2%, 38.1%, 42.9%, 43.8% 였다. 아메리카잎굴파리의 접종밀도에 따른 생육 특성은 접종밀도별로 유의한 차이는 없었다.

굴파리좀벌에 대한 저독성 약제로 살균제에서는 디비이디시유제, 크레속심메틸액상수화제, 트리플루미졸수화제, 테트라코나졸유타제, 비티타놀-프로피네브수화제, 아족시스트로빈수화제, 테부코나졸수화제, 플루퀸코나졸수화제가 영향이 없는 것으로 나타났다. 또한 살충제에서는 이미다클로프리트드수화제, 아세타미프리트드액제, 티아클로프리트드액상수화제, 아크리나트린수화제는 약간 영향이 있는 것으로 나타났으며 살비제에서는 비페나제이트액상수화제, 아세퀴노실액상수화제, 에톡사졸액상수화제는 굴파리좀벌 성충에는 영향이 없는 것으로 나타났다. 성장조정제인 에테폰액제와 전착제인 카바액제에서도 굴파리좀벌의 치사율이 낮아서 영향이 없는 것으로 나타났다.

검색어: 국화, 아메리카잎굴파리, 굴파리좀벌, 약제선발

P011

고추 정식 전 진딧물류 미방제에 따른 포장에서의 피해정도

권오훈, 장길수, 원종건, 황지은, 전수경, 권태영

경북농업기술원 영양고추시험장

고추에서 발생하는 진딧물류는 육묘기부터 발생하여 생육 초·중기에 걸쳐 피해를 준다. 일부 재배농가에서는 육묘기에 발생한 진딧물류를 적기에 방제하지 않아 정식 후 포장에서 진딧물에 의한 피해가 나타나고 있다. 본 시험에서는 정식 전 고추 묘상에서 발생한 진딧물류 미방제 시 본포 정식 후 피해정도를 조사하기 위해 수행하였다. 공시품종은 'PR상록'으로 파종은 2월 14일, 고추재배지는 해발 250m에 위치한 영양지역의 논토양에서 실시하였고 재배방법은 2열 터널재배로 진딧물류의 밀도에 따라 묘상방제구와 미방제구 등 3처리를 두고 5월 8일에 고추를 정식하였다. 포장에서 진딧물류 방제는 6월 2일, 6월 13일, 6월 18일로 3회에 걸쳐 이미다클로프리드수화제와 티아메톡삼수화제를 교호, 살포하였다. 방제방법에 따른 진딧물류 밀도는 묘상에서 진딧물류 약제방제구는 6월 2일까지 진딧물의 발생이 없었으나, 무방제구는 정식 초기부터 진딧물 발생이 증가하여 6월 2일에 42.1마리/주로 발생밀도가 높게 나타났으며, 본포에서 3차례의 약제살포 후에도 진딧물의 밀도가 6월 하순까지 유지되었다. 6월 25일 처리별 생육을 보면, 묘상 방제구에서 무방제구에 비해 초장이 평균 16.3cm 컸으며, 분지수와 착과수도 각각 1.7개, 2.6개 많게 조사되었다. 바이러스 발병도(1~9)는 방제구의 평균값이 5를 나타내었으나 무방제구는 평균값이 8로써 높았으며, 고추의 수량은 방제구에 비해 무방제구가 진딧물류 피해정도에 따라 12.8~25.1% 감소하였다.

검색어: 고추, 진딧물류, 방제, 수량성

P012

Efficacy Study of Two MB Alternative Fumigants on Citrus Mealybug at Two Different Temperature Conditions

Bong-su Kim, Sun-ah Jung and Byung-ho Lee*

Dongbu ARI, Dongbu Farm Hannong Co., Ltd.

Though quarantine use of methyl bromide(MB) is currently permitted in Korea, there has been phasing out and considering ban in many countries due to their ozone depletion properties. Vapormate™, a new gas formulation of ethyl formate(EF) with carbon dioxide, and Vivakil™, a new gas formulation of phosphine(PH₃) with carbon dioxide, are MB alternative fumigants to methyl bromide(MB). For applying on import commodities, the efficacy of EF and PH₃ was evaluated for 2hr fumigation on egg, nymph and adult stage of citrus mealybug(CMB), *Planococcus citri*, at two different temperatures(8, 13°C). The CT(Concentration X Time) product of EF to be expect 99% mortality to egg, nymph and adult stage of CMB were 108.3, 22.4 32.4 gh/m³ at 8°C and 83.2, 25.1, 29.8 gh/m³ at 13°C, respectively. The CT product of PH₃ gas to be expect 99% mortality to nymph and adult stage of CMB were 6.50, 2.55 gh/m³ at 8°C and 3.72, 3.64 gh/m³ at 13°C, respectively. However, PH₃ gas applied at high CT(4.2 gh/m³) for 2hr fumigation was not enough to obtain CT to egg stage of CMB at both temperature conditions. These efficacy data based on CT will be useful to predict the CT model in scale-up fumigation at diverse practical conditions.

Key words: Citrus mealybug, ethyl formate, phosphine, fumigant, methyl bromide alternative

P013

Control Thresholds (CTs) of *Oides decempunctatus* (Coleoptera: Chrysomelidae) on Campbell Early in the Vineyard

Sun Kook Kim¹, Seok Ho Lee¹, Myung Kyu Song², Eu Yeon Hong¹,
Ki Yeol Lee² and Gil-Hah Kim³

¹Grape Research Institute, Chungbuk Provincial ARES, Okcheon

²Horticultural Research Division, Chungbuk Provincial ARES, Cheongwon

³Department of Plant Medicine, Chungbuk National University, Cheongju

This study was conducted to estimate the control thresholds (CTs) at different larval densities of *Oides decempunctatus* Billberg (Coleoptera: Chrysomelidae) of Campbell early in the vineyard and investigated life cycle. Each stage of *O. decempunctatus* was sampled 18 times from May to September in 2010~2012. The seasonal occurrence of *O. decempunctatus* showed the highest peak in mid-late June and mid-late August. Overwintered *O. decempunctatus*'s eggs were hatched from late May to early June. Larva period was from late May to mid July and adults appeared in mid July.

The percentage of leaf damage (Y) of Campbell early inoculated by different densities of *O. decempunctatus* (X, no. of larvae/fruiting mother branch) for six weeks was estimated by $Y = 0.498X + 2.041$ ($R^2 = 0.988$) during vegetation period. The decreasing rate of soluble solid (Y) after grape harvest of Campbell early damaged by different densities of *O. decempunctatus* (X) was estimated by $Y = -0.046X + 15.3$ ($R^2 = 0.8543$). Based of the relationships between the densities of *O. decempunctatus* larvae and the index of reducing soluble solid of Campbell early, the number of larvae (2nd to 3rd instar) which decreased less than 15°Bx loss of soluble solid was determined as the injury level of 7/fruiting mother branch.

Key words: Campbell early, *Oides decempunctatus*, Control thresholds

P014

Construction of Potent Insecticide Leads, Novel *Bacillus thuringiensis* cry1-type Genes

Song Eun Kim¹, Jae Young Choi¹, Xue Ying Tao¹, Qin Liu¹, Saes Byeol An¹,
Seok Hee Lee¹, Woo Jin Kim² and Yeon Ho Je¹

¹Department of Agricultural Biotechnology, Seoul National University

²Research Institute for Agriculture and Life Sciences, Seoul National University

Crystals of proteinaceous insecticidal proteins, Cry proteins, produced by *Bacillus thuringiensis* (Bt) have been generally used to control insect pests. In this study, through the 3D structure prediction and accompanying mutagenesis study for the Mod-Cry1Ac, 7 and 16 amino acid residues from domain I and II, respectively, responsible for its insecticidal activity against larvae of *Spodoptera exigua* and *Ostrinia furnacalis* were identified. To construct novel *cry* genes with enhanced insecticidal activity, we randomly mutated these 23 amino acid sequences by *in vitro* muti site-directed mutagenesis, resulting in totally 24 mutant *cry* genes. For further characterization, these mutant *cry* genes were expressed as a fusion protein with polyhedrin using baculovirus expression system. SDS-PAGE analysis of the recombinant polyhedra revealed that expressed Cry proteins was occluded into polyhedra and activated stably to 65 kDa by trypsin. When the insecticidal activities of these mutant Cry proteins against to larvae of *P. xylostella* and *S. exigua* were assayed, they showed higher or similar insecticidal activity compared to those of Cry1Ac and Cry1C. Especially, among them Mutant-N16 showed the highest insecticidal activity against to both of *P. xylostella* and *S. exigua*. Therefore, Mutant-N16 is considered to have the potential for the efficacious biological insecticide.

Key words: *Bacillus thuringiensis*, transgenic plants, *cry* genes, mutagenesis

P015

제주도 부지화 시설재배원에서 썩덩나무노린재 발생양상 및 친환경 약제 선발

김수빈, 김용근¹, 장용석¹, 최경산, 김동순¹

농촌진흥청 원예특작과학원 온난화대응농업연구센터
¹제주대학교 생명자원과학대학 곤충생태학실험실

썩덩나무노린재(*Halyomorpha halys* Stål)는 한국, 중국, 일본 등 동아시아 지역이 원산지로서, 콩, 사과, 감, 감귤과 같은 다양한 작물과 수목을 가해하는 광식성 해충이다. 최근 친환경 부지화(Shiranui: [*C. unshiu* × *C. sinenesis*] × *C. reticulata*) 시설재배원에서 썩덩나무노린재가 문제가 되어 이들의 발생양상을 조사하였고, 실내에서 친환경 자재별 살충효과를 시험하였다.

2012년 부지화 시설재배원에서 썩덩나무노린재 성충은 7월 중순과 10월 하순 2회의 발생최성기를 보였다. 썩덩나무노린재 약충과 성충은 모두 9월 이전에는 부지화의 신초에서만 발견되었지만 9월 이후에는 대부분 과실에서 발견되었고 과실피해도 유발하였다.

썩덩나무노린재 약충과 성충에 대한 친환경 자재별 살충효과를 조사하였다. 3~4령 약충과 성충을 대상으로 제충국, 님, 데리스 제제를 실내에서 분무 살포하여 7일 후 사충수를 조사하였다. 성충에 대한 방제가는 제충국이 46.8으로 가장 높았고, 님과 데리스가 각각 2.1, 8.5였다. 약충에 대한 친환경 자재별 방제가는 각각 12.7, 10.6, 4.4였다. 기계유유제의 살충효과는 썩덩나무노린재 1, 2, 4령 약충을 대상으로 100배 희석액을 분무살포하여 48시간 후 사충수를 조사하였다. 기계유유제의 방제가는 1령 약충에서 20.4, 2령과 4령에서 각각 10.6과 12.0이었다.

검색어: 썩덩나무노린재, *Halyomorpha halys*, 발생양상, 친환경자재, 부지화

P016

글로벌-GAP 규격에 적합한 농약의 MRL-위험평가체계

김용근, 장용석, 성영훈, 현해남, 김동순*

제주대학교 생명자원과학대학

Risk Assessment System of MRL (Maximum Residue Limit) for Pesticides with the Approval of Global-GAP Guideline

Yong Geun Kim, Yong Seok Jang, Young Hun Seong, Hae Nam Hyun and Dong-Soon Kim

College of Applied Life Science, Jeju National University

글로벌-GAP 수행 및 인증과정에서 농약잔류문제는 가장 중요하게 취급되고 있는 이슈 중 하나이다. 글로벌-GAP 작물분야(Crop Base) 지침에서 농약에 대한 MRL(농약잔류허용기준) 위험평가를 실시하도록 규정하고 있다. 즉 ‘CB8.6.3 생산물의 최종 판매시장(국가)에서 요구하는 MRL(농약잔류허용수준) 수준에 적합하도록 농가를 관리할 수 있는 농약 잔류위험평가(MRL-Risk Assessment) 절차를 갖추고 있어야 한다’와 ‘CB8.6.4 농약잔류위험평가의 결과에 따라 잔류분석이 필요하다’고 평가된 농가에 대한 농약잔류분석 성적서를 갖고 있어야 한다’라 할 수 있다. 농약잔류분석을 생략하는 경우는 ①잔류초과, 미고시 농약사용 등 위반건수가 없다는 것을 4년 이상 추적할 수 있는 경우, ②약제의 최소 또는 미사용한 경우, ③수확기 근접하여 약제를 사용하지 않은 경우, 즉 해당 약제의 안전사용기간 보다 훨씬 긴 안전사용기간을 준수한 경우, ④농약잔류위험평가가 인증기관 심사자, 전문가 등 제3자 또는 소비자에 의하여 실시되어 보증된 경우 등이다. 유럽으로 감귤 수출을 진행하면서 글로벌-GAP 규격에 준하여 농가의 실시한 방제내용에 대하여 MRL 위험평가를 실시하고, 잔류농약분석을 실시하였으며 이를 바탕으로 MRL 위험평가체계를 수립하였다.

*Corresponding Author: dongsoonkim@jejunu.ac.kr; 본 연구는 감귤수출연구사업단 연구비로 수행되었음.

검색어: 글로벌-GAP, 농약잔류허용수준, MRL, 식품안전, 관리점

P017

곤충병원성 선충인 *Steinernema carpocapsae*의 처리방법에 따른 생존기간과 나비목 해충의 방제 효과

구경분, 김준엽, 서삼열

(주)에코원 부설연구소

곤충병원성 선충은 해충 방제를 위해 세계적으로 많은 연구가 이루어지고 있으며, 최근 국내에서 곤충병원성 선충을 이용한 농림해충 방제에 활용되고 있다. 본 연구는 이러한 곤충병원성 선충 중에서 주로 십자화과 작물을 가해하는 나비목 해충의 방제에 이용되고 있는 *Steinernema carpocapsae*의 살포 횟수에 따른 토양의 환경조건에 적응하는 개체의 생존기간과 나비목 해충에 대한 병원력을 검정하여 보았다. 야외 토양조건을 고려하여 온도를 20 ~ 30℃까지 다양하게 처리하였으며 50% 이상의 습도를 유지하여 4주간 조사하였다. 토양은 야외에서 채집하여 적당량의 유기물과 혼합하여 멸균하였고, 20 units/10³ cm의 선충을 3일 간격으로 최대 3회까지 살포하였다. 그 결과 2회 이하 살포하였을 경우 30%이하의 낮은 생존률을 나타내었고, 3회 살포하였을 경우 50% 이상의 높은 생존률을 나타내었다. 살충력은 2회 이하 살포하였을 경우 약 2주간 높은 살충력이 지속되었으며, 3회 방제하였을 경우 4주까지 높은 병원력이 유지되었다. 또한 4주간 병원력이 유지된 처리구의 토양과 저온에서 보관중인 선충 그리고 Bt 생물농약을 배추좀나방과 담배거세미나방에 대해 처리하였을 때 모든 처리구의 살충률이 80% 이상의 살충률을 나타내었다. 이러한 결과는 곤충병원성 선충을 이용한 나비목 해충의 지속가능한 방제의 가능성을 제시하고 있다.

검색어: 곤충병원성 선충, 생존기간, 배추좀나방, 담배거세미나방, 지속가능한 방제

잡곡 재배지에서 성페로몬트랩에 의한 나방류의 발생양상

김현주¹, 배순도¹, 윤영남¹, Bishwo P Mainali¹, 오인석¹, 박정규²

¹농촌진흥청 국립식량과학원 기능성작물부 잡곡과

²국립경상대학교 대학원 응용생명과학부

2010년부터 2012년까지 밀양, 괴산, 원주의 잡곡포장에 성페로몬트랩을 설치하여 5월부터 10월까지 조명나방, 담배거세미나방 등 나방류 6종의 유인량을 조사하였다. 지역간 나방류의 발생량은 밀양에서 총 5,520마리로 원주 및 괴산보다 각각 11.7배 및 8.2배 많았다. 밀양에서 담배거세미나방의 발생비율은 72.1%로 다른 나방류 및 지역보다 월등히 높았으며, 그 다음은 파밤나방(12.9%)이었으나, 멸강나방은 0.4%로 매우 낮았다. 괴산에서 담배거세미나방의 발생비율(39.5%)이 가장 높았고, 그 다음은 담배나방(28.9%) 및 파밤나방(11.9%)의 순서이었으며, 멸강나방은 1.7%로 매우 낮았다. 원주에서 담배거세미나방의 발생비율(33.2%)이 가장 높았고, 그 다음은 담배나방(25.4%) 및 왕담배나방(15.9%)의 순서이었고, 멸강나방 발생비율은 0.7%로 매우 낮았다. 담배거세미나방의 발생최성기는 지역에 따라 차이가 있었으나, 대체로 9월 상순~9월 하순까지로 나타났고, 밀양에서 담배거세미나방은 10월 하순까지도 발생량이 매우 많았다. 파밤나방의 발생최성기는 지역에 따른 차이가 심하였는데, 밀양은 8월 하순~9월 중순, 괴산은 9월 중순~10월 상순, 원주는 9월 상순~9월 중순까지로 나타났다. 조명나방의 발생최성기는 지역에 따른 큰 차이 없이 6월 상순~6월 중순까지로 나타났다. 멸강나방의 발생최성기도 지역간 차이 없이 5월 중·하순이었으나, 다른 나방류에 비해 발생량은 매우 적었다. 왕담배나방의 발생최성기는 지역별 차이가 매우 심하였는데, 밀양은 9월 상순~9월 중순, 괴산은 8월 상순~8월 하순, 원주는 6월 상순~6월 중순까지로 나타났다. 담배나방의 발생최성기는 밀양에서 8월 상순~8월 하순, 괴산에서 7월 하순~8월 중순, 원주에서 8월 하순~9월 상순으로 지역에 따른 차이가 있었다. 이처럼 지역별 나방류 발생량과 발생최성기의 차이는 나방류의 생물적 특성, 지역별 기상, 재배작물의 면적, 작부양식 및 체계와 관련이 있는 것으로 여겨진다.

검색어: 잡곡, 페로몬, 트랩, 나방류, 발생소장

P019

천적과 농약을 동시 활용한 시설오이 주요해충 종합관리

최용석¹, 황인수¹, 이영혜¹, 원종희¹, 박덕기¹, 변영웅²

¹충청남도농업기술원 농업환경연구과

²국립농업과학원

시설오이에 발생하는 주요해충들에 대한 천적 활용시 방제 시기를 놓쳐 해충의 발생밀도를 천적이 억제하기 어려운 시기에 화학약제를 동시 활용하고 흰가루와 노균병의 발생으로 불가피하게 살균제를 살포하게 될 때 천적에 안전한 화학약제를 사용함으로써 화학약제의 최소화를 시도하였다.

시설오이에서 주로 발생하는 해충은 목화진딧물, 담배가루이, 꽃노랑총채벌레, 잎굴파리류로 가장 피해가 심하였다. 천적에 안전한 약제는 오이에서 주로 활용이 가능한 미끌애꽃노린재, 진디혹파리, 콜라마니진디벌, 잎굴파리고치벌로 이들에 대한 안전한 약제를 선발하여 동시에 활용하였다.

목화진딧물은 신초당 밀도가 극히 낮았으나 하엽에서의 밀도는 5월 중순 이후 하엽당 40마리까지 급격히 증가하였으나 고온기에 접어들면서 급격히 밀도가 낮아졌다. 담배가루이는 신초당 2마리 이하로 유지되었다. 꽃노랑총채벌레는 엽당 4마리 이하로 유지되었다.

검색어: 오이, 천적, 해충, 종합관리

헤어리벤티치가 심겨진 과원의 기생봉 발생현황

최용석¹, 이영혜¹, 황인수¹, 원종희¹, 최광렬²

¹충청남도농업기술원 농업환경연구과

²충남대학교 농생물학과

친환경농산물의 생산량이 늘고 green korea의 국가 정책과 화학비료 사용량의 감소와 더불어 녹비재배 면적이 증가하고 있으나 이에 대한 환경평가는 이루어지지 않고 있다.

따라서, 본 연구는 배 과원에 피복작물로 심겨진 헤어리벤티구와 일반잡초로 구성된 배 과원을 대상으로 5월부터 7월까지 채집된 곤충상을 조사하였다. 곤충상 조사는 주로 천적종류를 대상으로 하였으며 황색수반에 포르말린 1%액을 월 1회 3일간 설치하여 유살된 천적종류를 조사하였다.

2011년, 배의 헤어리벤티구에서는 총 132마리의 천적이 끈끈이트랩에 유살되었으며, 가장 많이 유살된 종은 광불이꽃등에로 62마리, 꼬마꽃등에 43마리였다. 사과와 감의 경우 초생 및 친환경방제구에서 56마리의 천적이 유살되었으며 가장 많이 유살된 종은 고치벌과에 24마리, 좀벌과에 10마리였다. 가장 낮은 천적이 유살된 구는 배 초생 및 화학방제구와 사과 초생 및 화학방제구로 30마리 이하였다. 2012년, 헤어리벤티치의 개화시기인 5월에 황색수반에 채집된 천적종수는 395마리로 가장 많았으며 개화가 끝난 시기인 7월에 황색수반에 채집된 천적종수는 116마리로 헤어리벤티치가 심겨지지 않은 과원보다 월등히 높았다.

검색어: 녹비, 헤어리벤티치, 천적

P021

Oviposition Preference and Larval Performance of *Helicoverpa assulta* in Host and Non-host Plants

**Hyun-Joo Lim, Taek Jun Kang, Hyeong Hwan Kim, Myoung Rae Cho,
Sung Wook Jeon and Seung-Joon Ahn**

National Horticultural and Herbal Science, Rural Development Administration

The oriental tobacco budworm, *Helicoverpa assulta*, is an oligophagous insect feeding on a few species of Solanaceae plants, including *Nicotina tabacum*. This study investigated the relationship between *H. assulta* and plants, focusing on oviposition preference and larval performance of the specialist in host and non-host plants. (1) In choice experiments, *N. tabacum* and *Phaseolus vulgaris* were put in a cage with 5 females and 10 males. Most of eggs (ca. 98%) were laid in *N. tabacum*, whereas few eggs in *P. vulgaris*. (2) In non-choice experiments, *N. tabacum*, *Datura stramonium*, or *P. vulgaris* was individually put in a cage with 3 females and 6 males, resulting that *N. tabacum* was the most preferred host, followed by *D. stramonium* and *P. vulgaris*. Oviposition was delayed about 2 days in *P. vulgaris* (a non-host plant) compared to the two host plants. (3) Larval performances were also compared with the three plants. Larval growth was better in *N. tabacum* followed by *D. stramonium* and *P. vulgaris*. High mortality (ca. 100%) of larvae was observed in *P. vulgaris*, suggesting toxic component(s) derived from the non-host plant might cause the death. The ovipositional avoidance in *P. vulgaris* is current being investigated to search for the oviposition deterrent, which could be useful for the environment-friendly pest management of *H. assulta*.

P022

The *Autographa californica* Multiple Nucleopolyhedrovirus ORF11 is Essential for BV Production and ODV Envelopment

Xue Ying Tao¹, Jae Young Choi², Woo Jin Kim², Qin Liu¹, Song Eun Kim¹,
Saes Byeol An¹, Seok Hee Lee¹, Soo Dong Woo³, Byung Rae Jin⁴
and Yeon Ho Je^{1,2}

¹Department of Agricultural Biotechnology, Seoul National University

²Research Institute for Agriculture and Life Sciences, Seoul National University

³College of Agriculture, Life and Environment Sciences, Chungbuk National University

⁴College of Natural Resources and Life Science, Dong-A University

ORF11 (*ac11*) of *Autographa californica* multiple nucleopolyhedrovirus (AcMNPV) is a highly conserved gene of unknown function. To determine the role of *ac11* in baculovirus life cycle, an *ac11*-knockout mutant AcMNPV, Ac11KO, was constructed. qPCR analysis revealed that *ac11* is an early gene in the life cycle. After transfection into *Spodoptera frugiperda* cells, Ac11KO produced a single cell infection phenotype indicating that no infectious budded viruses (BVs) were produced. The defection in BV production was confirmed by both viral titration and Western blot. However, viral DNA replication is unaffected. Electron microscopy showed that *ac11* is required for nucleocapsids envelopment to form ODV and their subsequent embedding into OB. This study therefore demonstrates that *ac11* is an early gene which is essential for the viral life cycle.

Key words: AcMNPV, *ac11*, BV production, nucleocapsids envelopment

P023

***Autographa californica* Multiple Nucleopolyhedrovirus ac78, a Core Gene that is Essential for BV Production and General Occlusion Body Formation**

**Xue Ying Tao¹, Jae Young Choi², Woo Jin Kim², Qin Liu¹, Song Eun Kim¹,
Saes Byeol An¹, Seok Hee Lee¹, Soo Dong Woo³, Byung Rae Jin⁴
and Yeon Ho Je^{1,2}**

¹Department of Agricultural Biotechnology, Seoul National University

²Research Institute for Agriculture and Life Sciences, Seoul National University

³College of Agriculture, Life and Environment Sciences, Chungbuk National University

⁴College of Natural Resources and Life Science, Dong-A University

ORF78 (*ac78*) of *Autographa californica* multiple nucleopolyhedrovirus (AcMNPV) is a baculovirus core gene of unknown function. To determine the role of *ac78* in baculovirus life cycle, an *ac78*-deleted mutant AcMNPV, Ac78KO, was constructed. Quantitative PCR analysis revealed that *ac78* is a late gene in the viral life cycle. After transfection into *Spodoptera frugiperda* cells, Ac78KO produced a single-cell infection phenotype indicating that no infectious budded viruses (BVs) were produced. The defection in BV production was also confirmed by both viral titration and Western blot. However, viral DNA replication is unaffected. Analysis of BV and occlusion derived virus (ODV) revealed that AC78 is associated with both forms of the virions and is a structural protein located to viral envelope. Electron microscopy showed that *ac78* also plays an important role in embedding of ODV into occlusion body. This study therefore demonstrates that AC78 is a late virion associated protein and is essential for the viral life cycle.

Key words: AcMNPV, *ac78*, BV production, ODV embedding

P024

시설과채류 재배지에서의 식물기생선충의 분포조사 및 살선충제를 이용한 밀도억제 효과

박상은, 김세희, 고나연, 김정곤, 신호섭, 권혜리, 서미자, 유용만, 윤영남

충남대학교 농업생명과학대학 응용생물학과

국내 시설과채류 재배지는 꾸준히 증가하는 추세를 보이고 있으며, 최근 과채류 재배지 규모가 대형화 되면서 동일한 장소에서 연작년수가 길어지고, 연중재배의 원인에 의해 토양 내 식물기생선충의 밀도가 증가하고 그에 따른 경제적 피해가 증가하여 문제가 되고 있다. 따라서 국내 과채류 재배지에서 분포하는 식물기생선충의 발생 정도를 알아보기 위해 2012년 4월부터 9월까지, 공주, 논산, 부여, 진주, 곡성 일대에서 오이, 딸기, 메론 재배지를 대상으로 식물기생선충의 발생현황을 조사하였다. 식물기생선충의 경우 전체 토양시료 34개 가운데서 29개에서 검출되었다. 이처럼 대부분의 토양시료에서 식물기생선충이 발행한 것을 확인하였고 토양 내 발생한 식물기생선충의 종으로는 *Meloidogyne* spp., *Pratylenchus* spp., *Helicotylenchus* spp., *Aphelenchoides* spp., *Ditylenchus* spp. 등의 발생을 확인하였다. 각 지역별 토양에 5가지 약제처리 전후의 평균밀도를 살펴본 결과, cadusafos 3%와 dazomet 98%의 경우 부여, 논산 지역의 토양에서 *Pratylenchus* spp.에 대해 100% 살선충효과를 보였으며, 진주 지역의 토양은 cadusafos 3%만이 *Pratylenchus* spp.에 대하여 100% 살충효과를 보였다. 곡성, 공주 지역의 토양에서도 모든 약제에 대해 식물기생선충의 평균밀도가 감소하는 것을 확인할 수 있었다.

검색어: 식물기생선충, *Meloidogyne* spp., *Pratylenchus* spp., *Helicotylenchus* spp.

P025

Binding and Synergizing Motif within Coleopteran Cadherin Enhances Cry3Bb Toxicity on Colorado Potato Beetle and Lesser mealworm

Youngjin Park¹ and Michael J Adang²

¹Department of Bioresource Sciences, Andong National University, Andong 760-749, Korea

²Department of Entomology, University of Georgia, Athens, GA 30602, USA

Cry3 toxins from *Bacillus thuringiensis* are used as biopesticides and the transgenic crops to control of leaf-feeding beetles. Cadherin in insect midgut epithelium is identified as receptor for Cry toxins in several insects and some domains of it synergizes Cry toxicity. Cadherin (DvCad1-CR8-10) fragment of *Diabrotica virgifera virgifera* enhanced Cry3Bb toxicity to Colorado potato beetle (CPB), *Leptinotarsa decemlineata*. Single cadherin repeat (CR) fragment of DvCad1-CR8-10, have a strong binding affinity to the active Cry3Bb toxin. The dissociation constant *Kd* value of CR8, CR9, and CR10 were 4.9 nM, 28.2 nM, and 4.6 nM, respectively. Interestingly, CR8 and CR10 enhanced Cry3Bb toxicity against CPB and Lesser mealworm (LMW), *Alphitobius diaperinus*, neonates in up to 2-folds. The DvCad1-CR10 peptide is further analyzed by in-frame deletion to determine the active site for Cry3Bb toxin. The active site is narrowed down to a 26 amino acid locating in the N-terminal region of DvCad1-CR10 that either synergized Cry3Bb toxicity on the CPB and LMW neonates in 3-folds or bound to the toxin with high affinity. The extent of Cry3Bb toxin enhancement by the active site in DvCad1-CR10 may have practical application for control of CPB and LMW.

Key words: *Bacillus thuringiensis*, cadherin, synergist

P026

Lethal Temperature for Alnus Ambrosia Beetle, *Xylosandrus germanus*, in Infested Wood Using Microwave Energy

Sang Jae Suh, Jiseo Kim and Yong Jung Kwon

School of Applied Biosciences, Kyungpook National University

Thermal death kinetics was examined to develop a heat treatment method to control the Alnus ambrosia beetle, *Xylosandrus germanus*, in wood packing materials for export goods. To determine the feasibility of microwave irradiation as an alternative treatment, we performed laboratory experiments on the blocks (200x200x250mm) of Douglas-fir artificially infested with live adults with subsequent 2.45GHz microwave energy irradiation. The 100% mortality of treated Alnus Ambrosia Beetle was achieved above 58°C of the measured wood temperature, regardless of irradiated time. All measurement points in the blocks reached 58°C within 84-312 seconds with microwave irradiation by wood weight. Likewise, the 100% mortality of beetles were observed by hot water treatment on 52°C. We need further experimental verification, but commercial microwave (2.45GHz) treatment is a feasible alternative to conventional heat treatment to control Alnus ambrosia beetle on the wood packing materials for export goods.

Key words: *Xylosandrus germanus*, lethal temperature, Microwave

P027

가뭄저항성벼(CaMsrb2)의 포장내의 해충 발생양상 평가분석

서상재, 김진서, 권용정

경북대학교 농업생명과학대학 응용생명과학부

2011-2012년 2년간 하계 경북대학교 농업생명과학대학 군위 GMO 실습격리포장에서 GM벼인 가뭄저항성벼(CaMsrb2) 'HV8'과 'HV23' 및 모본식물인 '일미'를 대상으로, 이앙 약 한달 후 생육기 초부터 수확 직전까지 2주 간격으로 매년 총 8회에 걸쳐 실시하여 발생양상을 비교 분석하였다. 조사기간 동안 가뭄저항성벼(CaMsrb2) 'HV8', 'HV23'과 '일미' 포장에서의 해충은 멸구류, 매미충류, 나방류, 진딧물류, 바구미류, 노린재류 등 주로 30여종의 해충이 발생하였다. 이중 흰등멸구의 발생이 69.3%로 가장 우점하였고, 애멸구 13.9%, 벼물바구미 5.4%, 나방류 2.7% 순이었다. 시기별 해충 평균발생 밀도는 모든 시기에서 가뭄저항성벼(CaMsrb2)들과 '일미'에서 차이가 없는 것으로 분석되었다.

검색어: GMO, 가뭄저항성벼, 해충발생, 비교분석

제주지역 감자에 발생하는 해충종류와 피해변화

송정흡, 양영택, 이신찬

제주특별자치도농업기술원 친환경연구과

제주지역 감자 주재배지역인 제주시 한경면과 서귀포시 대정읍, 안덕면 지역에서 2011~2012년 기간 동안 발생하는 해충의 종류와 피해를 조사하였다. 본 조사에서 감자에 발생한 해충은 총 7목 16과 30종이 조사되었다. 발생 해충 중 피해가 많았던 것은 왕담배나방과 도둑나방, 담배거세미나방으로 주로 가을철에 피해가 많았다. 감자뽕나방은 일부 발생주율이 80% 이상으로 높은 포장도 있었으나 일반적으로 피해는 크지 않았다. 조사 해충 중 1990년대와 비교하여 크게 달라진 것은 차면지응애와 도둑나방이었다. 차면지응애는 일반적으로 시설재배에서 발생하는 것으로 알려져 있었으나 노지재배에서도 조사기간 동안 지속적으로 피해를 확인할 수 있었다. 도둑나방이 감자에 피해를 주는 시기는 봄철(5월)과 가을철(10월 중 하순)에 돌발적으로 대발생하여 피해를 주고 있었다. 오이총채벌레는 1993년 제주에서 처음 발생이 확인된 후 1994년 가을철 감자에 대발생하여 폐작되기도 하였으나 본 조사에서는 방제를 해야 할 정도로 발생밀도가 높은 포장은 거의 없었다. 이번 조사에서 새롭게 피해가 확인된 총채벌레 종은 볼록총채벌레와 콩어리총채벌레, 파총채벌레였다. 파총채벌레와 볼록총채벌레는 주로 봄철에, 콩어리총채벌레는 가을철에 피해를 주고 있었다. 꽃노랑총채벌레와 대만총채벌레는 주로 개화기에 꽃에서 발견되었으며, 이들 총채벌레가 매개하는 토마토반점위조바이러스(TSWV)는 발견되지 않았다.

검색어: 감자, 해충종류, 피해, 총채벌레, 도둑나방, 차면지응애

P029

Molecular Characterization of *cry* Genes from a *Bacillus thuringiensis* Serovar *mogi* with Mosquitocidal Activity

Qin Liu¹, Jae Young Choi¹, Xue Ying Tao¹, Seok Hee Lee¹, Saes Byeol An¹,
Song Eun Kim¹, Woo Jin Kim² and Yeon Ho Je¹

¹Department of Agricultural Biotechnology, Seoul National University

²Research Institute for Agriculture and Life Sciences, Seoul National University

Plasmids are crucial for determining the pathogenicity and host range of organisms of the *Bacillus thuringiensis* strains. In this research, a novel serogroup of *B. thuringiensis* serovar *mogi* (H3a3b3d), which showed mosquitocidal activity against *Anopheles sinensis* and *Culex pipiens pallens*, was isolated from fallen leaves in Mungyeong city, Republic of Korea. In contrast to the complicated plasmid profiles of *B. thuringiensis* H3 serotype strains, the *B. thuringiensis* serovar *mogi* contained two megaplasmids (> 30 MDa) on which the toxin genes were occasionally located. Sequence analysis using 454-pyrosequencing revealed that there are 7 putative *cry* genes, *cry19Bb1*, *cry73Aa*, *cry40orf2*, *cry20Bb1*, *cry27Ab1*, *cry56Ba1* and *cry39orf2*, distributed on the two different megaplasmids, respectively. These *cry* genes were cloned to the *Escherichia coli*-*B. thuringiensis* shuttle vector, pHT1K under the control of its own promoter and p1KSD, which is a recombinant expression vector containing *cyt1Aa* promoter combined with the STAB-SD sequence, and then introduced into an acrySTALLIFEROUS *B. thuringiensis* CryB strain for further molecular characterization. To investigate the role of these genes in crystal production, the expression profiles of these toxin genes were analyzed by quantitative PCR (qPCR) from the wild type strain. These results clearly indicate that the *cry39orf2* was the dominant ingredient in the crystal. This novel 3a3b3d type strain, *B. thuringiensis* serovar *mogi*, could be used as a good resource for studying unknown mosquitocidal *cry* genes.

Key words: *Bacillus thuringiensis*, megaplasmid, *cry* gene, mosquitocidal activity

P030

공생균 배양액 추출물과 식물추출물 혼합제형의 살균 살충 복합작물보호제 개발

구경본, 이영진, 이형철

(주)에코원 부설연구소

국내 농업은 인구의 노령화와 농업인구 감소로 인한 노동력 절감 및 효율적인 작물보호제 살포가 오래전부터 대두되어왔다. 그리고 최근 7~8년간 친환경 작물보호제가 급격하게 증가 발전되었다. 그러나 친환경 작물보호제의 개발이 작물보호제(농약)대비 다양성이 부족하다. 이에 본 연구는 곤충병원성 공생균의 배양액 추출물과 살충살균 효과가 뛰어난 식물추출물을 혼합하여 살충 살균 효과에 복합적으로 작용하는 친환경 복합작물보호제를 개발하여 살포 농도별, 살포 횟수별 그리고 경시변화에 따른 살충효과를 확인해 보았다. 살포농도는 500배, 1000배, 2000배 농도로 살포하여 7일후의 방제가를 확인한 결과 500배농도 3회 살포 처리구에서 배추좀나방은 96.3%, 복숭아혹진물은 87.9%, 점박이응애는 86.8%의 살충효과를 보여 미소해충 및 나방류 해충에 85%이상의 살충효과를 보였다. 살균효과는 잣빛곰팡이와 역병에 대한 방제실험을 방울토마토와 고추포장에서 수행한 결과 500배 3회 처리구에서 잣빛곰팡이는 83.5%, 역병은 75.6%의 방제가를 보였다. 54°C 2주, 4주, 6주 경시변화 후의 살균살충율 조사결과 6주후에 91.4%의 살충율과 89.7%의 살균 감소효과를 보여 경시변화에서도 뛰어난 살균살충효과를 보였다. 이러한 결과는 곤충병원성선충 공생균 추출액과 식물추출물을 이용한 복합작물보호제 개발의 가능성을 제시하고 있다.

검색어: 공생균 배양액, 배추좀나방, 복숭아혹진물, 잣빛곰팡이, 복합작물보호제

P031

신규 토착천적인 *Chrysoperla nipponensis* (Okamoto)를 이용한 열대식물 *Trachycarpus fortunei* (Hook)를 가해하는 가루깍지벌레(*Pseudococcus comstocki* (Kuwana))의 방제

이준석¹, 함은혜¹, 진혜영², 안태현², 이봉우²

¹오상킨섹트 생물자원연구소, ²국립수목원

국립수목원 열대식물자원연구센터내에 보존, 관리되고 있는 열대식물인 *Trachycarpus fortunei* (Hook)을 가해하는 깍지벌레류를 채집하여 동정한 결과가 가루깍지벌레(*Pseudococcus comstocki* (Kuwana))로 확인되었으며 국내에 자생하는 포식성 토착 천적인 *Chrysoperla nipponensis* (Okamoto)를 이용하여 생물적방제 가능성을 확인하였다. 방제실험은 국립수목원내 열대식물자원연구센터 유리온실에서 진행하였으며 인공사육된 대상식물을 가해하는 가루깍지벌레의 사전밀도를 조사한 후 20개체의 *C. nipponensis*를 대상식물에 직접 방사한 후 7일 간격으로 가루깍지벌레의 밀도를 조사하였다. 조사결과 *C. nipponensis*의 방사 후 2주차 이후부터 가루깍지벌레의 밀도가 줄어들기 시작했으며 방사 후 4주차에 최초 방사 시점 대비 22.4% 수준으로, 6주차에 8.2%수준으로 해충의 밀도가 조절되는 것을 확인하였다. 최초 해충 발생시기 예측을 통해 방사시점을 조절할 경우 *C. nipponensis*를 이용한 가루깍지벌레의 방제가 가능함을 확인하였다.

검색어: *Chrysoperla nipponensis*, *Trachycarpus fortunei*, *Pseudococcus comstocki*, 토착천적, 생물적방제

P032

뚝은감 생육기 노린재류 발생 및 피해증상

임양숙¹, 송인규¹, 김세종¹, 김지완², 이기우¹, 조재욱¹

¹경상북도농업기술원 상주감시험장, ²그린아그로텍

경북 상주, 청도지역의 뚝은감 과원에서 감 생육기중 과실에 피해를 주는 노린재류에 대한 발생상황을 조사한 결과 뚝은감 과원에서 발생하는 노린재류는 톱다리개미허리노린재와 갈색날개노린재, 애사끼뿔노린재 등이 발생하였으며 발생이 가장 많은 종은 톱다리개미허리노린재였다. 발생소장조사에서 톱다리개미허리노린재는 5월부터 유살되어 7월중순부터는 밀도가 늘어나기 시작하여 9월상순에 발생이 가장 많았으며 산지와 인접한 과원에서는 10월 수확기까지 계속 발생되었다. 갈색날개노린재는 톱다리개미허리노린재보다 유살된 수가 적었으며 상주지역은 7월중순~9월하순, 청도지역은 8월상순~9월상순에 유살되었다. 노린재류에 의한 피해과 발생은 7월상순부터 유과를 흡즙하며 흡즙된 부위에서 즙액이 유출되고 그 후 낙과되었으며 7월하순부터는 피해과 수가 급격히 늘어났다. 8월 성과기에는 낙과되지 않고 조직이 함몰되고 스폰지화된 상태로 수확된다. 꽃감 제조시, 과피를 깎아 건조시키면 식흔이 흰색의 둥근반점이 남는 꽃감이 되어 상품성이 떨어져 꽃감 제조 농가의 수익에 지장을 초래하고 있다.

검색어: 뚝은감, 노린재, 발생소장, 피해증상

P033

글로벌-GAP 규격에 적합한 IPM 실천 전략 : 감귤 IPM 수행사례

장용석, 김용근, 성영훈, 현해남, 김동순*

제주대학교 생명자원과학대학

글로벌-GAP는 독일 Food Science 사에서 생물적, 화학적, 물리적 위험성으로부터 식품의 안전성을 제고하기 위하여 마련한 인증체계이다. 본 연구는 글로벌-GAP 관리점(control points) 중에서 IPM 실천을 보증할 수 있는 증빙자료를 제공하고자 수행하였다. IPM 매뉴얼은 글로벌-GAP에서 제시하는 PMEI 절차 (예방 Prevention - 조사 및 평가 Monitoring & Evaluation - 방제수행 Intervention)에 따라 농가에서 실천하도록 제작하였다. 기본적으로 글로벌-GAP 작물분야(Crop Base)의 관리점 'CB.7.2 생산자는 예방에 해당되는 1가지 이상의 재배적 실천사항을 제시할 수 있어야 한다(필수)', 'CB.7.3 생산자는 a) 해충 및 천적 발생시기와 정도에 대한 최소 1가지의 결정내역 및 b) 이 정보를 해충관리수단 동원에 활용한 내역을 제시해야 한다(필수)', 'CB.7.4 생산자는 해충이 작물에 경제적 손실을 유발하는 상황에서 특정 방제수단이 수행되었다는 증거를 제시해야 하며 가능하면 비화학적 방법이 고려되어야 한다(필수)'등을 기반으로 하였다. 본 감귤 IPM 매뉴얼은 2010년 33농가, 2011년 129농가, 2012년 2005농가에 적용하였으며, 글로벌-GAP 인증을 취득하는데 활용되었다.

*Corresponding Author: dongsoonkim@jejunu.ac.kr; 본 연구는 감귤수출연구사업단 연구비로 수행되었음.

검색어: 글로벌-GAP, IPM, 감귤, 식품안전, 관리점

P034

담배거세미나방 Chitinase의 RNA interference

전미진, 진나영, 오산나, 이유경, 서미자, 운영남, 유용만

충남대학교 농업생명과학대학 응용생물학과

RNA interference(RNAi)는 살아있는 세포에서 유전자의 표현력을 제어하는 방법이다. 키틴을 분해하는 Chitinase는 곤충의 탈피에 관여하여 오래된 큐티클의 소화 재흡수에 도움을 주는 효소이다. Chitinase를 이용하여 RNA interference 효과를 보기 위해 담배거세미나방으로부터 RNA를 추출하였다. RNA 추출은 담배거세미나방의 번데기, 번데기 직전의 유충, 5령 유충, 5령 유충의 외피로부터 각각 실시하였다. RNA 추출물을 주형으로 cDNA를 합성하였고, 시퀀스 분석 결과 담배거세미나방의 Chitinase의 크기는 약 610bp였다. 추후 담배거세미나방 Chitinase의 dsRNA 합성과 생물검정을 통해 RNAi 효과를 확인하고자 한다.

검색어: RNAi, *Spodoptera litura*, Chitinase

P035

파밤나방 성충 유인 LED 유아등 파장 선발 및 파밤나방 발생억제 효과

김주¹, 정성수¹, 권영립¹, 김주희¹, 심창기²

¹전라북도농업기술원 기후변화대응과

²국립농업과학원 유기농업과

파장이 다른 LED광원을 사용하여 파장별 파밤나방 성충의 유인효과와 유충 발생억제효과를 조사하기 위하여 2011년 6월에 비트를 정식하고, 방충망을 하우스 측면과 출입문에 설치하고, 자색(405nm), 청색(465nm), 녹색(517nm), 황색(590nm), 적색(625nm)의 LED램프가 장착된 유아등을 설치 가동하면서, 7월 13일 파밤나방 성충을 처리당 50마리를 접종하고 파밤나방 성충의 유인률을 조사하였다. 파장대별 유인률은 자색 파장은 85.4%, 청색 36.7%, 녹색 19.6%, 황색 19.1%, 적색 8.7%를 나타내어 자색파장에서 가장 높은 유인률을 나타내었다.

또한 LED 유아등 파장대별 비트 생육과 수량, 파밤나방 유충에 의한 피해엽률을 7월 31일에 조사한 결과, 초장, 엽수, 뿌리 무게 등 생육은 처리간에 큰 차이가 없었으나 피해엽률은 무처리 66.9%, 자색 12.3%, 청색 27.4%, 녹색 32.2%, 황색 28.4%, 적색 57.8%를 나타내어 자색 파장 유아등이 설치된 처리에서 유충에 의한 피해도 적었다. 이러한 결과는 LED 유아등에 의해 파밤나방 성충이 유인 포살되어 산란수가 감소하고, 유충에 발생 또한 줄어들었기 때문으로 생각되었다. 수량은 상품률에 영향을 받아, 무처리는 754kg이었고, 자색은 10a당 1,653kg 으로 가장 많았다.

검색어: 파밤나방, 유인률, LED파장, 방제효과

P036

해충 예찰용 LED 유아등 파장 선발

김주¹, 정성수¹, 권영립¹, 김주희¹, 박홍현²

¹전라북도농업기술원 기후변화대응과

²국립농업과학원 작물보호과

해충 예찰용 LED 유아등 개발을 위하여 파장대가 다른 LED 램프가 장착된 유아등을 제작하고, 조도와 곤충유인 효과를 조사하였다. 파장대별 조도는 365nm 0.3lux, 405nm 0.3lux, 525nm 131.1lux, 590nm 69.1lux, 625nm 16.4lux를 나타내어 조도는 525nm가 가장 높았고, 365nm, 405nm가 낮은 경향을 보였다.

LED파장대별 벼와 두류 해충의 유인상황을 조사한 결과 365nm 5종 166.5마리, 405nm가 8종 95.8마리로 유인수가 많은 경향이었고, 625nm가 가장 적은 유인수를 나타내었다. 시설채소의 해충유인에 있어서도 365nm, 405nm가 종류와 유인수가 가장 많았고 625nm가 가장 적었다. 이러한 경향은 조도와 해충 유인과는 관계가 없는 것으로 생각되었다. 목별로는 딱정벌레목, 노린재목, 집게벌레목, 나비목 곤충은 365nm와 405nm에서 유인이 잘되었고, 파리목은 525nm, 벌목은 625nm에서 유인이 잘되는 경향을 보였다. 전체적으로 365nm와 405nm가 곤충유인이 잘되는 경향이였다. 그러나 LED램프가격이 365nm가 405nm에 비해 5배가량 높은 가격이어서 해충 예찰용으로는 405nm가 적합하였다.

검색어: 해충예찰, 유인률, LED파장

P037

호박과실파리 번데기의 실내 방제 시험

전성욱, 강택준, 조명래, 김형환, 안승준, 양창열

국립원예특작과학원 원예환경과

호박과실파리(*Bactrocera depressa*)는 우리나라, 일본, 대만에서 발생하는 해충으로 우리나라는 해발 300~399m의 산간지대에서 피해가 보고되고 있다. 최근 강원도를 비롯한 산간지역의 호박 재배의 증가로 호박과실파리의 피해는 매년 증가하고 있는 추세다. 주요 피해 특징으로는 교미한 성충 암컷이 박과류(단호박 및 멧돌호박)의 어린 과육에 산란을 하고 부화한 유충이 과육의 내부를 가해한다. 아직까지 호박과실파리에 관한 생활사 및 방제에 관한 연구가 미흡한 실정으로 호박과실파리의 방제용 토양살충제 선발을 위해 토양 깊이에 따른 번데기 용화 수와 실내 약제선발 시험을 실시한 결과 번데기는 지하 8cm 이하의 토양에서 모두 발견되었으며 2~3cm 깊이에 가장 많은 수가 존재하였다. 실내 토양 살충제 시험은 7종의 약제 중 2종에서 90%이상의 방제 효과를 보였다.

검색어: 호박과실파리, 방제, 토양 살충 시험

사탕무씨스트선충의 기주범위 검정

조명래¹, 김형환¹, 강택준¹, 안승준¹, 양창열¹, 전성욱¹, 박병용²,
이재국², 김성일³

¹국립원예특작과학원 원예특작환경과

²국립농업과학원 작물보호과

³강원도농업기술원 인삼약초시험장

강원도 태백지역 배추에서 발생한 검역대상해충인 사탕무씨스트선충(*Heterodera schachtii*)에 대해 배추, 무 등의 배추과작물과 고랭지에서 대체작물 및 녹비작물로 이용가능한 작물에 대해 기주범위 검정을 실시하였다. 국내에서 시판되고 있는 배추품종은 모두 사탕무씨스트선충에 대해 높은 감수성을 가진 것으로 나타났으며 배추과에 속하는 무, 시금치, 케일, 브로콜리, 겨자, 청경채, 갓 등도 감수성으로 조사되었다. 국화과에 속하는 곰취, 참취, 곤드레, 수리취, 삼주, 땅파리 등은 강한 저항성 작물로 나타났다. 고추, 감자, 메밀, 옥수수 등은 강한 저항성으로 고랭지 대체작물로 이용 가능한 것으로 나타났다. 녹비작물 중에서는 크림슨클로버, 비심클로버, 서브클로버, 레드클로버는 저항성이었으나 화이트클로버는 감수성이었다. 페리니얼그라스, 네마장황, 헤어리베치, 수단그라스, 디아칸도라, 들묵새, 하우스솔고, 귀리 등은 비기주로 나타났으나 녹비작물 중 베치1호, 자운영, 세스바니아는 감수성이었다.

검색어: 사탕무씨스트선충, 기주, 저항성, 감수성

P039

Spatial Distribution of Larva and Assumption of the Oviposition Site of *Ascotis selenaria* in Citrus Orchards in Jeju, Korea

Kyung San Choi and Dong-Soon Kim¹

Agricultural Research Center for Climate Change, National Institute of Horticultural & herbal science, Rural Development Administration, 690-150, Korea

¹Majors in Plant Resource Sciences & Environment, Cheju National University, Jeju 690-756, Korea

Ascotis selenaria is one of most important pest of geometridae moths in citrus orchards causing citrus fruit damages in jeju, Korea.

Oviposition site had not been found on citrus tree, but was witnessed at the net adjacent of vinyl covering a green house in 2007. And then, *A. selenaria* larva highly clumped on the citrus(Shiranui : [*C. unshiu* × *C. sinensis*] × *C. reticulata*) tree near the oviposition site and the ID(Index of Dispersion) value was 6.81. However, dispersion of *A. selenaria* larva was not clearly clumped in field citrus(*C. unshiu*) during 2008 and 2010. The value of GI(Green's index) was 0.0179, 0.0208, and 0.0064, respectively. Those were so low that *A. selenaria* larva were distributed almost randomly in field citrus orchard. Consequently, it was assumed that *A. selenaria* female oviposited on a tree like *Cryptomeria japonica* surrounding a citrus orchard in field and hatched larva moved to citrus tree by drifting with winds.

Key words: *Ascotis selenaria*, Spatial distribution, Oviposition site, Citrus

P040

재배 유망 열대과수 아보카도, 구아바, 패션프룻의 주요 해충 및 피해 증상

최경산, 좌재호, 임한철, 정봉남, 김동순¹

농촌진흥청 국립원예특작과학원 온난화대응농업연구센터
¹제주대학교 생명자원과학대학 식물자원환경전공

현재 제주도에 열대 과수작물 6종이 35.5 ha 면적에서 재배되고 있는 것으로 파악되고 있다. 망고(Mango, *Mangifera indica*)와 용과(Dragon fruit, *Hylocereus undatus*)를 제외하면 구아바(*Guava, Psidium guajava*), 아떼모야(*Atemoya, Annona cherimola* × *A. squamosa*), 아보카도(*Avocado, Persea americana*) 순으로 많이 재배되고 있다.

아보카도, 구아바, 패션프룻에 발생하는 해충 종류와 피해 증상은 재배농가와 온난화대응농업연구소 시험포장에서 2011년부터 2012년까지 2년동안 조사하였다. 아보카도 발생 해충은 총 13종이 조사되었다. 나방류 해충의 발생과 피해가 많았는데, 특히 차잎말이나방(*Homona magnanima*)과 줄고운가지나방(*Ectropis excellens*)은 잎과 과실에 큰 피해를 주었다. 구아바 발생 해충은 총 9종으로 이중 볼록총채벌레(*Scirtothrips dosalis*), 차애모무늬잎말이나방(*Adoxophyes honmai*), 목화진딧물(*Aphis gossypii*), 복숭아혹진딧물(*Myzus persicae*)이 다량발생하여 잎에 피해를 주었다. 패션프룻에는 6종의 해충이 발생하였지만, 달팽이류 해충을 제외하면 대부분 육안상 피해증상이 나타나지 않았다. 2009년에 패션프룻에 꽃노랑총채벌레(*Frankliniella occidentalis*)는 다량발생하여 큰 피해를 주었는데 조사기간 중에는 전혀 발생하지 않았다.

검색어: 아보카도, 구아바, 패션프룻, 해충, 피해

P041

사과가해 주요 노린재류의 기주선호도

최경희, 이선영, 도운수, 임병선, 이순원

국립원예특작과학원 사과시험장

다양한 작물이 혼재된 환경에서 사과를 가해하는 주요 노린재류를 조사하였다. 사과 수분수용으로 이용되고 있는 것을 비롯하여 90여 꽃사과 품종에 대한 노린재류의 품종별 선호도 및 노린재류 다발생사과원의 피해원인을 분석하였다. 사과를 가해하는 주요 노린재의 기주식물은 꽃사과를 비롯하여 유채, 강낭콩, 복숭아, 배, 옥수수, 다래 등으로 다양하였다. 특히 씩덩나무노린재와 갈색날개노린재가 알락수염노린재, 풀색노린재, 톱다리개미허리노린재에 비하여 꽃사과와 복숭아 과일을 선호하였으며, 5월부터 9월까지 가해를 하였다. 수분수용 꽃사과 90여 품종 중에서 ‘퍼플 레몬’, ‘프로페스 스프렌저’, ‘매주나무’, ‘산동빈과’, ‘호파에이’, ‘SKK14’, ‘아담스 크랩’, ‘센티넬’, ‘제주아그배나무’, ‘호북해당’ 등의 과실을 선호하였으며, 대체로 중대과종에 비하여 크기가 작은 소과종의 과실을 더 선호하였다. 노린재류에 의한 과실피해가 심한 사과원은 대체로 사과원 주변에 콩밭이 인접해 있거나, 콩이나 고추 등을 혼작한 경우 또는 수분수용 꽃사과가 재식되어 있는 경우 등 이었다. 특히 꽃사과 품종과 재식거리가 가까운 ‘후지’ 품종일수록 노린재에 의한 과실피해가 많았다. 콩밭과 사과나무의 재식거리 역시 가까울수록 피해과율이 높았다.

검색어: 사과, 노린재, 꽃사과, 씩덩나무노린재, 갈색날개노린재

P042

Rearing Honeybee (*Apis cerana*) Queens Using Wax Cups and Royal Jelly

**Yong-Soo Choi, Man-Young Lee, In-Pyo Hong, Sun-ok Woo, Ha-Sik Sim,
Gyu-Ho Byuon, Ratna Thapa and Myeong-Lyeol Lee**

Department of Agricultural Biology, National Academy of Agricultural Science, R.D.A. Suwon
441-100, Korea

We compared the grafting success in total of 107 rearing *Apis cerana* queens cells, to which we grafted 540 larvae. The wax for cups we prepared from *A. mellifera* and *A. cerana* wax. The *A. cerana* wax cups were found that artificial queen cell cups with the internal diameter of 8.0 mm at the mouth and 8.0 mm depth were highly preferred by the bees for rearing of queens from the grafted larvae. From the 210 grafted larvae into *A. mellifera* wax bees accepted 30 queens cells, only (16.67 %) ; *A. cerana* wax bees accepted 59 queens cells (33 %) ; plastic cup bees accepted 18 queens cells, only (10 %). In the preference test the grafting success in the *A. cerana* wax cups were better than in the *A. mellifera* wax and plastic cup. The results show better acceptance of larvae grafted into the pure *A. cerana* wax cups for rearing *A. cerana* queen. A new method for rearing honey bees, *A. cerana*, in vivo was developed and the effects of royal jelly from *A. mellifera*. We used royal jelly diluted 50:50 with sterile water (The royal jelly is kept frozen until used). A small amount of royal jelly is placed at the center of each cell cup. Young *A. cerana* larvae were transferred into the queen cups containing $\pm 10 \mu\text{g}$ of the Royal jelly from *A. mellifera* and *A. cerana*. The average rates of acceptance were affected significantly due to the royal jelly source in the queen cell cups. It is so workable first to produce pure *A. cerana* wax for making the queen cups before a beekeeper starts with grafting.

Key words: *Apis cerana*, royal jelly, Queen, Wax cup, grafting

P043

전자빔 조사가 감자뿔나방의 발육과 생식에 미치는 영향

최광순, 이인희, 김현경, 구현나, 김길하*

충북대학교 농업생명환경대학 식물학과

감자뿔나방은 전 세계 열대와 아열대 지역에서 감자에 가장 문제시 되는 해충이다. 감자 수출입 검역 시 주로 메틸브로마이드를 사용하여 훈증하고 있으나 메틸브로마이드의 사용이 규제됨에 따라 대체요법이 시급한 실정이다. 국외에서는 방사선조사를 포함한 전자빔 조사가 의료, 반도체 산업, 식품 제조업뿐만 아니라 농산물 검역에 널리 사용되고 있다. 따라서 본 연구는 전자빔 선량(50, 100, 150, 200, 300, 400 Gy)에 따른 감자뿔나방의 발육정도와 생식활성에 미치는 영향을 조사하여 추후 전자빔사용에 대한 가이드라인을 제시하고자 본 연구를 수행하였다. 먼저 감자뿔나방 알에 조사했을 때 부화율은 조사선량이 높아질수록 억제되었으며 200 Gy 에서 100% 억제되었다. 3령 유충에 조사했을 때 100 Gy에서 우화가 완전히 억제되었고 5령 유충에 조사했을 때는 200 Gy에서 우화가 완전히 억제되었다. 번데기에 조사했을 때는 400 Gy에서조차 우화가 되었으나 300 Gy 조사에서 우화된 성충은 산란하지 못하였다. 성충에 조사했을 때 성충수명에는 영향이 없었지만 100 Gy 이상의 조사선량에서 산란수와 부화율이 감소되었다. 전자빔 조사가 DNA 손상에 미치는 영향을 알아보기 위해 comet assay를 수행한 결과 전자빔 조사선량이 높아질수록 DNA 손상이 증가했다.

검색어: 전자빔, 감자뿔나방, Comet assay, DNA 손상

몇가지 작물에 대한 담배가루이의 후각반응

황인수¹, 최용석¹, 이영혜¹, 원종희¹, 박덕기¹, 최광렬²

¹충청남도농업기술원 농업환경연구과

²충남대학교 농생물학과

토마토를 흡즙하여 피해를 주는 직접적인 피해보다 배설물에 의한 그을음 증상과, 특히 TYLCV를 매개하여 경제적으로 큰 피해를 입히는 담배가루이를 친환경적인 방제방법을 고안하고 천적의 방제효과를 극대화 할 수 있는 방법으로 담배가루이 성충을 유인할 수 있는 트랩식물을 선발코자 본 실험을 수행하였다. 담배가루이가 가장 문제시 되고 있는 가지, 피망, 오이, 국화를 1차 대상으로 담배가루이의 유인효과를 Y-tube Olfactometer를 이용하여 조사하였다.

가지와 피망에서는 가지를 선호하였고, 가지와 오이에서도 가지를 다소 선호하는 양상을 보였다. 가지와 국화에서는 큰 차이를 보이지 않았으나 가지를 다소 선호하는 양상을 보였다. 오이와 국화에서는 국화를 선호하였고 국화와 피망에서는 피망을 선호하였다. 4가지 작물에 대한 4-Choice Olfatometer test에서도 가지와 피망을 선호하는 양상을 보였으며 밀폐된 실험실에서 No-choice test를 실시한 결과에서는 가지와 오이를 선호하였다. 가지와 오이를 대상으로 토마토와의 Y-tube olfacto-test에서는 가지와 오이보다 토마토를 더 선호하여 트랩식물로서의 활용 가치가 없음을 확인하였다.

검색어: 담배가루이, 후각반응, Olfactometer, 토마토

P045

노지 재배 오미자(*Schisandra chinensis* Baill)에서 재배양식과 해충 방제 방법에 따른 볼록총채벌레(*Scirtothrips dorsalis* Hood)의 경시적 밀도 변동

함은혜¹, 최영철², 이준석³, 박종균¹

¹경북대학교 생태과학과

²국립농업과학원 곤충산업과

³오상킨섹트 생물자원연구소

노지 재배 오미자(*Schisandra chinensis* Baill)포장에서 재배양식(초생재배, 부직포 멀칭 재배, 혼합 재배)의 차이에 따른 친환경관리구와 관행관리구의 볼록총채벌레(*Scirtothrips dorsalis* Hood)의 계절별 발생 정도의 차이를 조사하였다. 초생재배지의 경우, 친환경 관리 구와 관행 관리 구 모두에서 6월 상순과 7월 상순에 두 번의 발생피크를 보였다. 볼록총채벌레가 월동 후 오미자나무 주위의 식물체에서 서식하다가, 5월초부터 오미자에 발생하는 것으로 보여진다. 6월초의 경우에는 기존 관행 관리 구에 비해 친환경 관리 구에서의 볼록총채벌레 발생밀도가 50% 수준인 30마리 정도로 전체적으로 낮은 것을 확인할 수 있었다. 부직포 멀칭 재배지의 경우, 친환경 관리 구와 관행 관리 구 모두에서 5월부터 볼록총채벌레가 발생하여 증가하기 시작하여 7월 중순부터 급격히 증가하였고, 두 관리구 사이에는 뚜렷한 밀도 차이가 보이지 않았다. 혼합재배지의 경우, 친환경관리구에서의 해충발생밀도는 관행관리구의 37.5~50% 수준이었다. 이상의 결과를 조합해보면 주변 잡초에 의한 볼록총채벌레의 밀도 분산효과와 천적의 서식처 역할로 사실상 초생재배는 50% 이상의 병해충 방제효과를 갖는다고 볼 수 있다.

검색어: 오미자, 볼록총채벌레, 초생재배, 부직포 멀칭 재배, 혼합재배

P046

볼록총채벌레의 월동 가능 온도 조건 구명

황록연, 현재욱

농촌진흥청 국립원예특작과학원 감귤시험장

제주도의 감귤과원에서 점차 문제가 되고 있는 볼록총채벌레의 월동 가능 온도 조건을 구명하기 위하여 비가림 시설내의 키위과원 1곳, 노지 녹차원 1곳, 노지온주밀감 과원 1곳 총 3곳의 식물잔재물을 채취하여 일정 온도조건에 처리 후 35×45×8cm의 검은 종묘상자에 넣고 같은 크기의 밀판을 자른 종묘상자를 뒤집어 위에 덮은 후 끈끈이트랩이 부착된 미세한 크기의 구멍이 난 필름을 덮었다. 그리고 온도 25℃, 습도 60%의 생육실에 보관하면서 2~5일 간격으로 성충이 더 이상 나오지 않는 시기까지 조사하였다. 2012년 12월 26일 3개의 과원(키위, 녹차, 감귤)에서 식물잔재물을 채취 후 -4±2℃에 1, 2, 5, 24, 48, 72시간 처리하고 25℃의 생육실에서 발생량을 조사한 결과 모든 처리구의 발생량은 무처리와 비교하여 유의한 차이가 없는 것으로 나타났다. 2013년 1월 8일 동일 과원에서 식물잔재물을 채취 후 -8±2℃에 1, 2, 5, 24, 48, 72시간 처리하고 25℃의 생육실에서 발생량 조사를 실시한 결과 72시간 처리구의 볼록총채벌레가 발생밀도가 키위과원의 식물잔재물에서 0.6마리/kg, 녹차과원에서의 식물잔재물에서는 0.6마리/kg, 감귤원에서의 발생밀도는 0마리/kg으로 매우 낮게 나타났다. 2013년 2월 21일의 경우 볼록총채벌레 발생밀도가 상대적으로 높은 키위와 녹차원의 식물잔재물만을 채취하여 -12±2℃에 24, 48, 72시간으로 처리하였다. 무처리의 경우 총 발생량이 91마리였으며, 24시간 처리구의 경우 40마리였으며, 48시간 처리의 경우 3마리로 매우 낮게 나타났고, 72시간 처리의 경우 발생하지 않았다.

검색어: 볼록총채벌레, 월동, 감귤, 온도

P047

Fungal Transformation Conditions and Efficiency in *Beauveria bassiana* ERL1170

Se Jin Lee, Jeong Seon Yu, Hee Won Yang, Jong Cheol Kim and Jae Su Kim*

Department of Agricultural Biology, Chonbuk National University

Entomopathogenic fungus, *Beauveria bassiana* can be used in integrated crop management and pharmaceutical applications. Recently some efforts have been given to the fungus to improve its biological performances, but low fungal transformation efficiency is one of the limitations. In this work, *B. bassiana* ERL1170 isolate was used for fungal transformation by restriction enzyme-mediated integration, where pBARKS1-Bbs-cecropinA was linearized using *Hind*III. The fungal transformation comprised two steps, preparation of competent blastospores and integration of the plasmid into the cells. To prepare competent blastospores, 2-d cultured blastospores were individually treated with 0.1, 0.2, 0.4 and 0.8 M lithium acetate (LiAc). Secondly in the integration step, concentration of LiAc and calcium chloride (CaCl₂), and time period of heat shock were investigated as follows: LiAc, 1, 2 and 4 M; CaCl₂, 50, 100 and 200 mM; and heat shock at 42°C, 20, 40 and 60 min. Consequently, combination of 0.2 M LiAc in preparing competent blastospores and 2 M LiAc and 200 mM CaCl₂ in the second step showed the highest transformation efficiency. This work would be helpful in the fungal transformation of *B. bassiana*.

Key words: *Beauveria bassiana*, fungal transformation, restriction enzyme-mediated integration, blastospores

P048

Generation of Dysfunctional *Beauveria bassiana* ERL1170 Transformant in Conidiogenesis

Se Jin Lee¹, Jeong Seon Yu¹, Hee Won Yang¹, Jae Young Choi²,
Yeon Ho Je² and Jae Su Kim^{1*}

¹Department of Agricultural Biology, Chonbuk National University

²Department of Agricultural Biotechnology, Seoul National University

Beauveria bassiana isolates have been used in integrated pest management, but little consideration has been given to the studies on fungal gene expressions and their functions. In this work, to determine the functions of genes, *B. bassiana* ERL1170 was transformed by restriction enzyme-mediated integration method, where pABeG with *bar* gene was used as a transformation vector. Among seven hundred of transformants, morphologically different ERL1170-pABeG-#160 transformant, particularly dysfunctional in conidiogenesis. The transformant had yellow hyphal growth on fourth strength Sabouraud dextrose agar (SDA/4) and produced very small amount of conidia ($<1.0 \times 10^5$ conidia/cm² agar) in 7 days, whereas wild type had white mycelial growth and significantly greater conidia (3.6×10^6 conidia/cm² agar). Additionally under microscopic observation, hyphae of #160 seemed like indian club, compared to the straight forms of wild type hyphae. The next work is figure out possible genes contributing the conidiogenesis of *B. bassiana*.

Key words: *Beauveria bassiana*, fungal gene expressions, restriction enzyme-mediated integration, conidia

P049

Production of *Tenebrio molitor* as Animal Feed Additive: How to Control Possible Entomopathogenic Fungi

Jong Cheol Kim¹, Se Jin Lee¹, Seung Ho Yun¹, Sang Sick Lee¹, Chae Hoon Im¹,
Jae Young Choi², Yeon Ho Je², Nam Jung Kim³ and Jae Su Kim^{1*}

¹Department of Agricultural Biology, Chonbuk National University

²Department of Agricultural Biotechnology, Seoul National University

³National Academy of Agricultural Sciences, Rural Development Administration

Mealworms, *Tenebrio molitor* (L.) is used as an important animal feed additive for growth promotion and health management, but potentially exposes to fungal infection. In this work, virulence of two species of entomopathogenic fungi against the insect, and the relationship between abiotic features and virulence were investigated. Secondly our consideration was also given to the effect of chemical fungicides on conidial germination for risk control. Between *Beauveria bassiana* (*Bb*) and *Metarhizium roberstii* (*Mr*) (previously *M. anisopliae*), *Bb* isolates had much higher virulence (~100% mortality in 3~4 days after the treatment), rather than *Mr* isolates in laboratory assays. Next, fungus-treated mealworms were kept at wheat bran at 20, 25, 30 and 35°C with 3, 6, 9 times of water spray to the feeds for set-up of different humidity conditions. Inoculation of fungi to mealworms was conducted by fungal spray and feeding methods, which resulted in higher virulence in feeding method. In the feeding method, all temperature treatments except 35°C showed high virulence against mealworms, but any significant relationship between virulence and humidity was not observed. In the chemical fungicide screening, fluazinam (CAS No. 79622-59-6) and mancozeb (8018-01-7) significantly inhibited the germination of *Bb* and *Mr* conidia. This work suggest that contamination of wheat bran with fungal pathogens, particularly *B. bassiana* may induce mycosis of mealworms, but introduction of effective fungicides possibly reduce fungal infection.

Key words: Mealworms, *Tenebrio molitor*, *Beauveria bassiana*, *Metarhizium anisopliae*, fungal infection

P050

Improvement of Pear Pest Forecasting Management System to Increase Pass Ratio of Korean Exporting Pears

**Jeong Sun Park¹, Ah Rha Wang¹, Sang Hyun Lee², Kwang Yeol Yang¹,
Wol Soo Kim² and Iksoo Kim¹**

¹College of Agriculture & Life Sciences, Chonnam National University

²Korean Pear Research Organization, Chonnam National University

We previously reported Pear Pest Forecasting Management System (PPFMS) for the Improvement of pass ratio of Korean exporting pears. It is consisted of regular field forecasting by pear farmers, meteorological data obtained by automatic weather station (AWS), an internet web page (<http://pearpest.jnu.ac.kr/>) as information collecting and providing ground, and information providing service. Currently, we are expanding this system to the area, Cheonan and Ansong, where pear orchards are organized into exportation-specific group. Further, the information obtained from field forecasting and AWS were up-loaded to under-constructing upgraded webpage (<http://www.kpear.kr>), with several pest/disease-related information. We hope this pest forecasting management system increases the pass ratio of Korean exporting pears throughout establishment of farmer-oriented forecasting, inspiring farmers' effort for the prevention and forecasting of diseases and pests occurring at pear orchards.

Key words: Korean exporting pears, pear disease and pest, pest forecasting management system, automatic weather station

P051

Molecular Characterization of Aminopeptidase N Genes from *Spodoptera exigua* with Susceptibility to a *Bacillus thuringiensis*

**Na Young Jin, Mi Jin Jeon, You Kyoung Lee, San Na Oh, Mi Ja Seo,
Young Nam Youn and Yong Man Yu**

Department of Applied Biology, College of Agricultural Biology & Life Science, Chungnam
National University, Daejeon, 305-764, Korea

Bacillus thuringiensis (Bt) is a gram-positive bacterium that produces parasporal crystal proteins known as endotoxins or Cry proteins. The Cry protoxins are then cleaved by insect midgut proteinases to form active Bt toxins. The activated Cry protein then binds to specific receptors at the midgut epithelium. Cadherin-like and aminopeptidase N (APN) proteins are involved in Bt toxin binding by interacting sequentially with different toxin structures. Aminopeptidase N (APNs) from several insect species have been shown to be putative receptors for these toxins.

We have characterized four different midgut APNs(APN1, APN2, APN3, APN4) cDNAs from *S. exigua*. Forward primers and reverse primers for confirmation of four different midgut APNs were designed based on their sequences cloned from the cDNA libraries. Quantitative RT-PCR procedures includes 42°C for 20min (cDNA synthesis), 99°C for 5min, and 35 cycles (94°C for 1min, and 60°C for 50 s) for collection. Four aminopeptidase N isoforms were confirmed with qRT-PCR. Sequence analysis was performed by BlastX search the National Center for Biotechnology Information(NCBI) nucleotide.

Furthermore, double-stranded RNAs(dsRNAs) were synthesized. DsRNAs were determined for bioassay.

Key words: Aminopeptidase N, *Spodoptera exigua*, *Bacillus thuringiensis*, RNAi, Quantitative RT-PCR

P052

고설재배 딸기에서 아큐레이퍼응애를 이용한 작은뿌리파리의 생물적 방제

김형환¹, 조명래¹, 전홍용², 강택준¹, 안승준¹, 양창열¹, 전성욱¹, 송진선¹

¹국립원예특작과학원 원예특작환경과, ²국립원예특작과학원 시설원예시험장

작은뿌리파리는 유기물이 풍부하고 응달지며 습기와 이끼가 많은 것을 선호하는데 딸기의 고설재배는 이러한 모든 것을 충족시키는 최적의 발생조건을 갖추고 있다. 작은뿌리파리는 유충이 주로 잔뿌리를 자르거나, 뿌리골무를 통하여 뿌리속으로 침입하여 지제부의 줄기에 까지 이동하여 잘록병과 유사한 형태의 피해를 주며 토양내 *Fusarium*과 *Pythium* 병원균을 먹거나, 몸체에 묻혀서 작물체내로 전반하여 피해를 가중시킨다.

본 연구는 경남 합천과 전북 남원의 고설재배 딸기농가에서 토양서식 포식성 천적인 아큐레이퍼응애를 이용하여 작은뿌리파리의 생물적 방제효과를 조사하였다. 시험은 2012년 3월 중순부터 2013년 3월 중순까지 수행되었다. 아큐레이퍼응애의 방제효과는 황색 끈끈이트랩을 5m 간격으로 10개를 설치하고 주기적으로 트랩을 교체하면서 유인된 작은뿌리파리의 성충 밀도를 조사하여 대조구와 비교하였다.

방제효과는 합천과 남원 모두 작은뿌리파리가 발생하는 초기, 즉 끈끈이트랩 당 작은뿌리파리 성충이 50마리 이하로 유인되었을 때 아큐레이퍼응애를 m² 당 30.3마리의 밀도로 7~20일 간격으로 3회 방사하여 대조구와 비교한 결과 80% 이상의 밀도 감소효과와 함께 작은뿌리파리 유충으로 인한 고사 피해도 줄일 수 있었다.

검색어: 딸기, 작은뿌리파리, 아큐레이퍼응애, 생물적 방제

P053

나방류 해충에 우수한 살충활성을 나타내는 *Bacillus thuringiensis* CAB530과 CAB564의 비교

이유경, 진나영, 오산나, 전미진, 서미자, 윤영남, 유용만

충남대학교 농업과학대학 응용생물학과

Bacillus thuringiensis(이하 *B.t*)는 곤충병원성세균으로 친환경농업에서 주요 작물보호 농자재로 사용되는 생물농약 중 하나이다. *B.t*는 그람양성의 호기성이며, spore와 crystal를 형성하고 포자 형성기에는 균체 내에 δ -내독소라는 독소단백질을 생성한다. 딱정벌레목인 청동풍뎡이의 사체로부터 분리된 CAB530균주와 영동 토양에서 분리된 CAB564균주는 나비목 해충에 살충활성을 나타내는 것을 확인하였다. 위의 균주와 기존에 연구된 KB098, KB099, KB100을 비교하기 위해 실내에서 누대 사육한 담배거세미나방(*Spodoptera litura*), 배추좀나방(*Plutella xylostella*), 파밤나방(*Spodoptera exigua*), 파리목(*Diptera*) 해충에 대해 생물검정을 수행하였다. 단백질 패턴 분석과 담배거세미나방(*S. litura*), 파밤나방(*S. exigua*) 중장액을 처리하였을 때 분해억제정도를 보기위한 SDS-PAGE를 수행하였다. SDS-PAGE의 단백질 패턴 분석 결과로 plasmid DNA 전기영동을 하여 패턴의 차이를 분석하였다. CAB530균주와 CAB564균주의 내독소 유전자의 Cry형 유전자를 동정하기 위하여 PCR을 수행할 계획이다.

검색어: *Bacillus thuringiensis*, 담배거세미나방, 파밤나방, 배추좀나방

P054

RCP 기후변화 시나리오에 따른 먹노린재(*Scotinophara lurida* Burmeister) (Hemiptera: Pentatomidae) 발생 동태의 변화

이효석, 이준호

서울대학교 농생명공학부 곤충학전공

IPCC에서는 2013~2014년 발간 예정인 제5차 기후변화 평가보고서에 대표농도 경로(Representative Concentration Pathway, RCP)를 표준 온실가스 시나리오로 선정하였다. 이에 따라 국립기상연구소는 RCP 시나리오와 함께 지역적인 기후특성을 반영하여 한반도 기후변화 시나리오를 생산하여 제공하고 있다. 본 연구는 한반도 기후변화 시나리오를 활용하여 기후변화에 따른 먹노린재(*Scotinophara lurida*) 발생 동태의 변화를 예측하기 위해서 수행하였다. 먹노린재는 1990년대 충청도 지방에 다량 발생하여 문제가 되기 시작했으며, 흡즙으로 인하여 반점미가 발생하는 등 심각한 피해를 유발하는 해충이다. 먹노린재의 발생 동태의 변화를 분석하기 위해서 온도 발육 실험을 통해 밝혀진 먹노린재의 개체군 동태 모델을 오픈소스 프로그램인 R을 활용하여 작성하였다. 2001~2010, 2051~2060, 2091~2100년의 각 10년 동안 전국 평균 기온으로 작성된 월동 성충의 유입 모델을 통해 분석한 결과 월동 성충의 유입시기가 각각의 기간 동안 10~15일 빨라지는 것으로 나타났다. 또한 개체군 동태 모델을 통해 약충 및 성충의 발생 동태를 분석한 결과 각 영기별 발생 최성기도 16~21일 빨라지는 것으로 나타났다.

검색어: 기후변화, RCP 시나리오, 먹노린재, *Scotinophara lurida*, 개체군 동태모델, R-project

P055

옥수수 신품종 육성에서 조명나방 저항성 검정

정진교¹, 서보윤², 박종호², 최준열¹, 최낙중¹, 신동범¹

¹국립식량과학원, ²국립농업과학원

옥수수에 가장 큰 피해를 입히는 해충인 조명나방(*Ostrinia furnacalis*)의 대량 사육법이 정착된 이래, 약 10여 년간에 걸쳐 국내 옥수수 육종가들에 의해 육성되는 계통들에 대해 조명나방 저항성 검정이 이뤄졌다. 이에 조명나방 저항성 검정법의 표준화를 위해 그동안의 방법과 결과를 정리하였다. 조명나방은 25°C, 15:9(명:암) 시간, 60% 상대습도 환경조건에서 사육되었는데, 유충은 반합성 인공사료를 먹이로 하여 집단으로 사육되었다. 옥수수에의 접종은 유산지에 산란시킨 알에서 갓부화한 유충을 corncob(옥수수 속대) 가루에 섞어 바주카(bazooka) 방법을 이용하여 옥수수 6~8엽기에 말린 잎 중앙에 접종하였다. 포장에서는 식물체당 약 200마리, 온실에서는 약 160마리가 접종되었고, 이후 옥수수 줄기가 형성되고 잎이 전개된 후에 잎의 피해 정도가 육안으로 판정되었다. 판정기준은 잎의 피해 정도에 따라 1부터 9 사이에, 숫자가 클수록 피해가 심한 것으로 정의하여, 고도저항성, 저항성, 중간저항성, 감수성으로 최종 판단하였다. 2000년부터 2012년까지 전체 243계통이 계통에 따라 1~10년 동안 검정되었는데, 계통별로 10개 내외의 개체수가 검정되었다. 검정은 야외 포장에서 조명나방 유충을 접종한 구와 접종하지 않은 구, 온실에서 유충을 접종한 구의 3가지 종류가 수행되었다. 검정 햇수가 5년 이상이 된 대조품종들을 대상으로 검정구별로 검정값의 변이계수를 비교하였을 때 포장 미접종구, 포장 접종구, 온실 접종구의 순서로 변이계수 값이 작아져, 온실에서 접종하여 검정하는 것이 계통 내 개체 간 검정 결과 차이가 가장 적었는데, 온실에서 피해 정도가 가장 컸다. 최종 판정값은 포장과 온실에서 접종된 것의 평균값으로 하였는데, 사일리지용 옥수수 계통 중 2계통이 각각 1번씩 고도저항성으로 판정 받았다. 본 온실 검정법을 이용하여 Bt독소 유전자가 함유된 형질전환 옥수수 계통을 검정하였을 때 피해 정도 값은 약 2의 고도저항성 값으로 나타났다.

검색어: 옥수수, 해충저항성, 조명나방, 잎 피해, 검정

Report of an Exotic Aphid pest *Aphis punicae* (Hemiptera: Aphididae) Recently Introduced into Korea

Yerim Lee¹, Hyojoong Kim² and Seunghwan Lee¹

¹Insect Biosystematic Laboratory, Research Institute for Agricultural and Life Sciences, Seoul National University

²Animal Phylogeny and Systematics Lab., Department of Biology, Kunsan National University

The exotic aphid pest, pomegranate aphid, *Aphis punicae* Parsserini, 1863 (Hemiptera: Aphididae), is newly recognized in the Korean peninsula. This species is originally distributed throughout the Mediterranean regions, the Middle East, Ethiopia, India, Pakistan, Indonesia, and Turkey. In the major producers of pomegranate such as India and the Mediterranean regions, this species is regarded as one of the most serious insect pests inflicting injury on pomegranate, *Punica granatum* Linnaeus. By sucking plant sap and excreting honeydew, aphids cause various plant diseases and virus infections which are more likely to occur as population size increases. *Aphis punicae* infests together commonly with *Aphis gossypii* Glover, and rarely with *Aphis craccivora* Koch and *Aphis spiraecola* Patch on *P. granatum* in Korea. In this study, we first compared two closely related species, *A. gossypii* and *A. punicae*, based on morphometric analysis to confirm their morphological relationships. Second molecular identification using mitochondrial COI barcode region was performed for the aphid samples collected from *P. granatum*.

Key words: Aphididae, *Aphis*, *Aphis punicae*, insect pest, *Punica granatum*, Korea

P057

New Record of Genus *Micromyzodium* (Hemiptera: Aphididae) from Korea

Yerim Lee¹, Hyojoong Kim² and Seunghwan Lee¹

¹Insect Biosystematic Laboratory, Research Institute for Agricultural and Life Sciences,
Seoul National University

²Animal Phylogeny and Systematics Lab., Department of Biology, Kunsan National University

The aphid genus *Micromyzodium* David, 1958 is newly recognized in the Korean peninsula. This genus is characterized by very long dorsal abdominal hairs, almost 3-4 times as long as basal diameter of antennal segment III. Colonies of two *Micromyzodium* species; *Micromyzodium kuwakuse* Uye 1924 and *Micromyzodium nipponicum* Moritsu 1949 were collected on *Fatoua villosa* Nakai (Urticales: Moraceae) and *Perilla frutescens* Britton (Lamiales: Lamiaceae), respectively. In this study, we redescribed, illustrated, and measured for apterous viviparous females of the two species.

Key words: Macrosiphini, *Micromyzodium*, *Fatoua villosa*, *Perilla frutescens*, Korea

P058

Seeds of Leguminous Plants, Acacia and Mung Bean as Food Sources of Bean Bug, *Riptortus pedestris* (Hemiptera: Alydidae)

Eunmok Kim and Un Taek Lim

Department of Bioresource Sciences, Andong National University

The bean bug, *Riptortus pedestris* (F.) (Hemiptera: Alydidae) is one of the most important polyphagous pests in soybean in Korea and Japan. With the review of previous studies on the suitability of different diets, we additionally tested two leguminous plants as food sources of *R. pedestris* by assessing development and reproduction of the bugs. The tested diets include seeds of acacia, two mung bean varieties (var. Eoul and Dahyeon), and soybean (var. Daewon). *Riptortus pedestris* fed on mung bean var. Eoul showed higher nymphal mortality than those fed on mung bean var. Dahyeon, acacia, and soybean. On acacia, development time and preoviposition period of *R. pedestris* was shortest among the tested diets. Also, five day fecundity the highest in bugs fed on acacia seeds. These results showed that acacia seed can be a good quality diet for *R. pedestris*, and both acacia and mung bean could be a suitable host resources for *R. pedestris* during the period when soybean, a major host crop, is unavailable.

Key words: diet suitability, acacia, mung bean, development, reproduction

P059

Expression of Bumblebee Serine Protease in *Beauveria bassiana* ERL1170 for Enhanced Fungal Virulence

Jae Su Kim¹, Jae Young Choi², Byung Rae Jin³, Sejin Lee¹ and Yeon Ho Je^{2,4*}

¹Department of Agricultural Biology, Chonbuk National University

²Department of Agricultural Biotechnology, Seoul National University

³Department of Applied Biology, Dong-A University

⁴Research Institute for Agriculture and Life Sciences, Seoul National University

Insect-killing fungi have high potential for controlling agriculturally harmful pests. However, their pathogenicity is slow and this is one reason for their poor acceptance as a fungal insecticide. The expression of bumblebee, *Bombus ignitus*, venom serine protease (VSP) by *Beauveria bassiana* ERL1170 induced melanization of yellow spotted longicorn beetles, *Psacotheta hilaris* as an over-reactive immune response, and caused substantially earlier mortality in beet armyworm, *Spodoptera exigua* larvae when compared to the wild type. No fungal outgrowth or sporulation was observed on the melanized insects, thus suggesting a self-restriction of the dispersal of the genetically modified fungus in the environment. The research is the first use of a multi-functional bumblebee VSP to significantly increase the speed of fungal pathogenicity, while minimizing the dispersal of the fungal transformant in the environment.

Key words: bumblebee, serine protease, *Beauveria bassiana*, *Spodoptera exigua*, fibrinolytic activity

P060

Effects of Culture Condition on Conidia Production of Sweetpotato Whitefly Pathogenic Fungus *Isaria javanica*

Yoon Jeong Nam, Jeong Jun Kim, Gayoung Jeong, Ji Hee Han
and Sang Yeob Lee

Agricultural Microbiology Division, National Academy of Agricultural Science,
RDA, Suwon, Korea

Sweetpotato whitefly (*Bemisia tabaci*), especially Q biotype, has been recognized one of the most destructive insect pests worldwide because of increased resistance to some insecticide groups requiring alternative strategies for its control. We studied the conidia production of entomopathogenic fungus *Isaria javanica* Pf04, which had been reported high virulence isolate against Q biotype of *B. tabaci*, using grain. Brown rice was most suitable for conidia mass production of the isolate of *I. javanica*. Conidia was produced high at 25 ~ 27.5°C. The isolate produced more spores when conidia suspension directly inoculated onto media than two-phase fermentation. When concentration of inoculum was high spore production was high, but increasing rate of conidia production was highest at low inoculum concentration (1×10^5 conidia/ml) as 6,700 times increase compared with 20 times increase at high inoculum concentration (1×10^8 conidia/ml). These results indicated that the isolate can produce more conidia with cheap agricultural product and can develop as a microbial pesticide to control sweetpotato whitefly.

Key words: *Bemisia tabaci*, entomopathogenic fungi, mass production, sweetpotato whitefly

P061

The Influence of Relative Humidity, Temperature, Insect Developmental Stages on the Susceptibility of Sweetpotato Whitefly to Conidia of *Isaria javanica*

Hong Zhu^{1,2}, Jeong Jun Kim¹, Ji Hee Han¹ and Sang Yeob Lee¹

¹Agricultural Microbiology Division, National Academy of Agricultural Science, RDA, Suwon, Korea, ²Key Laboratory of Microbial Control, Anhui Agricultural University, Hefei 230036, People's Republic of China

Bemisia tabaci, sweetpotato whitefly, has been recognized one of the most destructive insect pests worldwide because of increased resistance to some insecticide groups requiring alternative strategies for its control. We conducted a study of the influence of relative humidity, temperature and different developmental stages on the susceptibility of sweetpotato whitefly to conidia of *Isaria javanica* isolate, which had been reported high virulence against Q biotype of *B. tabaci*. The mortality of tobacco whitefly was low at low constant relative humidities, but was high when kept high humidity for first 24 hours and transferred to low humidity. The *Isaria* isolate had wide range of temperature (15°C to 35°C) to control sweetpotato whitefly. The isolate has virulence to the egg and all developmental stages of nymph of *B. tabaci*. These results indicated that the isolate had good control effects at various environmental conditions and is an excellent candidate to develop a microbial pesticide to control sweetpotato whitefly.

Key words: *Bemisia tabaci*, entomopathogenic fungi, relative humidity, sweetpotato whitefly, temperature

P062

딸기에 등록된 살충제의 꿀벌에 대한 독성평가

안기수¹, 김기현¹, 남상영¹, 김인재¹, 오만균², 김길하²

¹충청북도농업기술원 마늘연구소, ²충북대학교

딸기에 등록된 52종 살충제의 꿀벌 성충에 대한 분무독성검정, 엽상잔류독성 평가를 수행하였다. 분무 급성독성검정은 국제 생물적 방제기구 (IOBC)의 기준에 따라 30% 이하의 독성을 해 없음으로 분류한 결과, 딸기에 등록된 32종(flonicamid, lufenuron, novaluron, acetamiprid 3종, thiacloprid, milbemectin, acequinocyl, beauveria bassiana TBI-1, chlorfenapyr 2종, chlorfluazuron, cyenopyrafen, cyfumetofen, etoxazole, fenpyroximate, flubendiamide, flufenoxuron, hexythiazox, metaflumizone, methoxyfenozide 2종, paecilomyces fumosoroseus DBB-2032, pyridalyl, spiromesifen, tebufenpyrad, teflubenzuron, acetamiprid+methoxyfenozide, acrinathrin+spiromesifen, bifenazate+spiromesifen, Cyenopyrafen+flufenoxuron) 이 독성이 낮아 꿀벌에 안전하고, 20종이 독성이 높은 것으로 나타났다. 분무독성검정에서 90% 이상의 높은 독성을 보인 약제를 대상으로 엽상잔류독성을 검정하였다. 약제처리 1일후에 emamectin benzoate EC, indoxacarb SC를 제외한 모든 약제에서 100%의 사충율을 보였다. Emamectin benzoate는 약제처리 3일, idoxacarb SC는 약제처리 7일, abamectin는 약제처리 14일에 독성을 보이지 않았다. Indoxacarb WP, thiamethoxam WG, abamectin+ chlorantraniliprole SC, acetamiprid+etofenprox WP, acetamiprid+indoxacarb WP, bifenthrin+clothianidin SC, bifenthrin+imidacloprid WP, bifenazate+pyridaben SC, chlorfenapyr+clothianidin SC는 31일까지 90%이상의 높은 독성을 보여 잔류독성이 매우 긴 것으로 나타났다.

검색어: 딸기, 꿀벌, 살충제, 독성평가

P063

외래해충 미국선녀벌레 [*Metcalfa pruinosa* (Say)] (노린재목: 선녀벌레과)의 분포확산

이관석, 이설매, 이원훈

국립농업과학원 작물보호과

미국선녀벌레 [*Metcalfa pruinosa* (Say, 1830)]는 2009년 서울, 경기(수원), 경남(김해)에서 처음으로 발견된 선녀벌레과(Flatidae) 외래해충이다. 이 해충은 원산지인 북미지역에서는 피해가 미미하였으나 1979년 이탈리아를 시작으로 2000년대 중반까지 유럽지역에서 꾸준히 분포가 확대되면서 농작물 및 산림해충으로서 널리 알려지게 되었다. 과수, 채소 등 농작물 피해는 약충과 성충의 흡즙과 분비물(밀납)에 의한 직접적인 피해 이외에도 잎, 줄기에 서식하는 약충 집단의 감로 분비에 따른 그을음에 의한 피해가 매우 위협적이다. 우리나라에서 미국선녀벌레에 의한 농작물 피해는 아직 초기단계로서 이 해충의 주요한 증식처인 산림 인근에 위치하는 사과, 배, 감 등 과수원에서 부분적으로 관찰되고 있다. 이 해충의 분포확산은 알이나 약, 성충이 부착된 식물의 인위적인 이동, 약충의 도약 또는 성충의 비행을 통한 자연확산, 그리고 성충이 차량에 부착하여 원거리 이동에 의한 것으로 추정되고 있다. 지난 2년간(2010-2012) 중부지역을 중심으로 미국선녀벌레의 분포확산을 추적한 결과, 2010년도에는 인천(남구), 경기(과천, 안성, 용인, 이천, 파주), 충북(단양, 음성, 진천, 청원, 충주), 충남(공주, 태안)에서, 2011년도에는 인천(중구), 충북(괴산), 충남(금산, 예산), 전북(익산)에서, 그리고 2012년도에는 경기(여주), 강원(원주), 충남(천안), 부산(해운대)에서 추가 발생하여 누적 분포지역은 2012년 현재 6개도 31개시군이었다. 주요한 확산경로로 추정되는 고속도로 휴게소 및 진출로의 발생지점과 주요한 기주식물을 제시하고자 한다.

검색어: 미국선녀벌레, 분포, 확산, 기주

P064

월동시기 화성지역 시설포도원에서의 포도녹응애 (*Calepitrimerus vitis*) (Acari: Eriophyidae) 발생 소장

이선경, 정종국, 남화연, 손병인, 이효석, 이준호

서울대학교 농생명공학부 곤충학전공

포도녹응애는(*Calepitrimerus vitis* (Nalepa) (Acari: Eriophyidae)) 포도를 재배하는 미국의 북서부, 유럽, 남아프리카 등에서 잎 말림 현상 및 잎과 가지의 생육지연을 유발하여 문제시되는 해충으로 알려져 있다. 국내에서는 2011년 경기도 화성시에서 처음으로 발생이 보고되었으나, 발생 소장 및 분포에 대한 정밀한 조사는 이루어진 바 없다. 따라서 본 연구에서는 경기도 화성시 서신면 2지역(Site1, Site2)과 송산면 1지역(Site3)에 위치한 시설 포도원에서 포도녹응애의 월동 여부 및 분포 조사를 실시하였다. 농가의 면적을 5구획으로 나누고, 각 구획에서 6개의 가지를 무작위로 채집하였다. 가지에서 겨울눈을 절단한 후 실체현미경을 통해 월동 여부를 확인하였으며, 개체수 계수를 위해 ‘washing and sieving’ 방법을 이용하였다. 그 결과 Site1, Site2 두 농가에서 포도녹응애가 발견되었으며, 겨울눈의 껍질 밑에 무리 지어 있는 것을 관찰하였다. ‘washing and sieving’ 분석 결과 Site1 포도원에서 평균 7871 ± 635 (No. of individuals/6 winter buds) 개체로 다른 발생 농가에 비해 상대적으로 높은 밀도를 나타내었다. 또한 주지로부터 눈의 거리와 포도녹응애의 밀도는 비례하는 경향성을 보였다($y=1311.3x + 3659.3, R^2=0.6931$). 이 해충은 이른 봄에 활동을 시작하여 생육 초기에 피해를 입히는 것으로 알려져 있으므로, 월동시기 발생소장 조사를 통해 포도녹응애의 봄철 초기 발생을 예측하고 피해를 방지하는데 있어 유용한 정보를 제공할 수 있을 것으로 생각된다.

검색어: 포도녹응애, 시설포도원, 월동, 발생소장

P065

아메리카잎굴파리의 구애노래 분석 및 주파수에 따른 행동 조사

이상계*, 지창우, 박홍현, 박창규, 김광호, 고현관

국립농업과학원 작물보호과

최근 들어 음파를 이용한 작물의 해충 방제에 음파를 이용한 방제 연구가 시도되고 있다. 수컷의 구애노래를 이용하여 암컷을 포집하는 사운드 트랩(sound trap) 등에 관한 연구는 곤충의 소리를 이용하여 해충 방제에 활용하는 대표적인 방법으로 알려져 있다. 본 연구에서는 아메리카잎굴파리의 날개소리와 구애노래를 분석하고 이를 방제에 활용하기 위해 주요 주파수에 대한 반응 행동을 조사하였다. 녹음된 아메리카잎굴파리의 군집 및 구애노래 소리의 주요 주파수는 400 Hz 대역으로 조사되었다. 이에 따라 400 Hz를 포함한 20 ~ 1,000 Hz 대역의 순음에 대한 아메리카잎굴파리의 행동을 조사하였다. 반응 행동을 관찰하기 위해 수컷 아메리카잎굴파리 4마리의 2차원 궤적 추적을 실행하였다. 기록된 궤적은 x 축 궤적의 평균값을 비교하여 소리에 대한 유인효과를 조사하였고, 궤적의 정보 엔트로피를 이용하여 활동성 차이를 분석하였다. x 축 평균값은 소리에 대한 차이가 없어, 소리에 대한 아메리카잎굴파리의 유인효과는 관찰하지 못 하였다. 하지만 활동성을 비교 조사한 결과, 20 Hz의 저주파 음에 대해서는 활동성이 감소한 결과를 관찰하였다.

검색어: 아메리카잎굴파리, 구애노래, 행동 반응, 음파

P066

마(*Dioscorea* spp.) 재배지 뿌리혹선충 피해 및 선충감염 씨마의 온탕침지 효과

이재국, 박병용

국립농업과학원 작물보호과,

마(Yams, *Dioscorea* spp.) 주산단지인 안동, 진주에서 식물기생선충을 조사한 결과 고구마뿌리혹선충이 우점종이었으며 마연작 및 마와 우영 윤작재배지에서 뿌리혹선충이 90%이상 포장에서 검출되었으며 발생 밀도도 높아 피해가 심하였다(61~1,532마리/토양 100g). 토양내 뿌리혹선충은 토양깊이 10-40cm내에 87% 분포하였고 정식 5개월후인 9월에 최고 밀도를 보였으며 선충밀도와 마의 수량과 품질은 상관관계를 보였다.

뿌리혹선충이 감염되어 있는 씨마 (영여자씨마, 절편씨마)를 소독하지 않고 사용하면 토양에서 선충 전염원으로 전파되고 재증식되어 피해를 주어 마의 수량과 품질에 영향을 주었다. 뿌리혹선충 감염된 씨마를 온탕침지(50℃, 30분)법으로 소독한 결과 방제 효과가 가장 양호하였다.

마재배지의 뿌리혹선충 피해 경감을 위해 뿌리혹선충이 감염된 포장에서 영여자 씨마 재배 금지 및 훈증제로 방제후 영여자 씨마를 재배하며, 선충이 감염된 씨마는 온탕침지(50℃, 30분)로 소독한후 재배하여야 피해를 줄일 것이다.

검색어: 마(*Yams, Dioscorea* spp.), 뿌리혹선충, 온탕침지

P067

Arthropod Community Structure in Apple Orchard under Different Farming Practices

**Jae Seong Im¹, Seung Tae Kim², Sue Yeon Lee², Jong Kook Jung¹
and Joon-Ho Lee^{1,2}**

¹Entomology program, Department of Agricultural Biotechnology, Seoul National University

²Research Institute for Agriculture and Life Sciences, Seoul National University

In apple orchards under different farming practices (organic and conventional), arthropod community structure was investigated. Arthropods were collected with pitfall traps, band traps, yellow sticky traps and pheromone traps from May to December, 2012 in Danyang-gun, Chungcheongbuk-do, Korea. Biodiversity was analyzed with species richness and Shannon diversity index (H'). Sampled arthropods were identified 37 families in 14 orders from 21,618 individuals in organic orchard-1 and 33 families in 10 orders from 11,318 individuals in organic orchard-2 and 35 families in 13 orders from 27,711 individuals in conventional orchard. Species richness was relatively highest in organic orchard-1, intermediate in conventional orchard and lowest in organic orchard-2.

In ecologically functional group, abundance of pests was higher in conventional orchard than in organic orchards due to the high occurrence of *Phyllonorycte ringoniella* (Gracillariidae) and *Lyonetia prunifoliella* (Lyonetiidae). Organic orchards showed higher abundance, species richness and species diversity of epigeic predators and those of parasitoids above ground than conventional orchard. Abundance of detritivores, mainly collembola, were higher in organic orchard than in conventional orchard.

Key words: Arthropod, community, biodiversity, farming practices, apple orchard

화랑곡나방 성페로몬트랩의 개선

조봉균, 박재범, 유연수

(주)캐치스 기업부설연구소

화랑곡나방(*Plodia interpunctella*)은 세계적으로 분포하며, 각종 곡류를 비롯하여 2차 가공식품에 이르기까지 많은 종류에서 발생한다. 또한 식품의 유통과정 중 유충이 포장재를 먹어 파괴하고 침입하여 소비자가 개봉시 발견되어 문제가 발생되기도 한다. 또한 가정과 식품공장에서의 발생빈도는 거릿쌀도둑거저리(*Tribolium castaneum*)와 함께 가장 높으며, 화랑곡나방의 방제를 위한 발생의 예찰에는 이미 규명된 성페로몬인 (9Z,12E)-9,12-tetra decadien-1-yl acetate 을 이용한 다양한 모니터링용 트랩이 사용되고 있다.

본 연구소는 지난 2010년부터 국내외 여러 업체의 화랑곡나방 성페로몬트랩을 비교, 분석하는 등 성능 개선시험을 수행하였다. 화랑곡나방을 유인하는 기능을 가진 LURE(성페로몬 방출기)의 소재로 고분자수지 4종(ACRYFT, HDEVA, polyurethane foam, LDPE)과 타사제품 2종에 대한 성페로몬의 잔류량(설치 40일 경과 후)을 조사한 결과, 영국 A제품이 14.3%, 일본 F제품이 4.4%, LDPE(Low Density Polyethylene)는 21.3%로 영국, 일본 그리고 고분자수지 4종 중 LDPE가 가장 느린 성페로몬 방출속도를 보였다. 또한 원거리 포획력 실험결과(설치 40일 경과 후 포획량), 영국 A제품이 6.1개체, 일본 F제품이 3.4개체, LDPE는 8.3개체로 나타나 원거리 포획력에서 LDPE가 우수한 것으로 확인되었다.

또한 화랑곡나방의 포획 역할을 하는 끈끈이 트랩의 점착지속력을 개선하기 위해 주원료인 Rubber, Poly butene, Resin(C-5), Wax를 각각 다른 5가지의 혼합 비율로 제조하고 그에 대한 점착지속력을 KS T 1028:2009(점착테이프 및 점착시트의 시험방법: 구슬이동측정법, 당겨벗김법)에 의해 비교 실험한 결과, 평균구슬이동시간(설치 40일 경과 후)은 영국 A제품이 26.50sec, 일본 F제품이 18.82sec, 조성물 3이 37.83sec으로 나타났다. 또한 당겨벗김법 실험결과(40일 경과 후), 영국 A제품이 7.11N, 일본 F제품이 4.11N, 조성물 3이 8.96N으로 나타나 영국 A, 일본 F제품과 직접 제조된 5가지 조성물 중 조성물 3이 점착지속력이 가장 우수하였다.

본 연구는 중소기업청의 지원(과제번호: S2069116)에 의하여 수행되었다.

검색어: 화랑곡나방, 성페로몬, 방출기, 끈끈이트랩

P069

Screening of High Virulence Isolates of Entomopathogenic Fungi for the Microbial Control of *Spodoptera exigua*

Ji Hee Han, Jeong Jun Kim, Sang Yeob Lee and Hyeong Gyeong Kim

Agricultural Microbiology Division, National Academy of Agricultural Science(NAAS), RDA,
Suwon 441-707, Korea

Beet armyworm, *Spodoptera exigua* are difficult to control using chemical insecticides because of the development of insecticide resistance. For eco-friendly beetle armyworm managements, various control agents are required. Entomopathogenic fungus is one of promise control agents as an alternative to chemical control agent. We conducted bioassays with entomopathogenic fungi to select high virulence isolate to larva of beetle armyworm. The bioassay was used 150 entomopathogenic fungal isolates which were isolated from soil samples of nine provinces by insect-bait method using *Galleria mellonella* and *Tenebrio molitor*. . Three isolates, *Metarhizium* spp. FT83, FT89 and FT90 had high virulence as 84.6%, 100% and 100%, respectively, against *S. exigua*. The median lethal time(LT₅₀) of conidia of three isolates was 5.01, 2.99 and 2.92days respectively.

검색어: entomopathogenic fungi, *Metarhizium* spp.

프루텔고치벌 유래 폴리드나바이러스 cystatin 유전자의 발현과 기주 곤충 생리교란 기능

김영태, 김용균

안동대학교 생명자원과학과

프루텔고치벌(*Cotesia plutellae*)은 내부기생충으로 배추좀나방(*Plutella xylostella*)의 어린 유충을 기생시켜 치사에 이르게 한다. 이 고치벌에 공생하는 폴리드나바이러스인 *C. plutellae* bracovirus (CpBV)는 156개의 유전자를 갖고 피기생 기주의 생리를 교란하게 된다. 본 연구는 이 바이러스가 갖는 유전자들 가운데 cystatin에 대해서 유전자 염기서열 분석 및 발현 패턴과 생리적 기능을 탐구했다. CpBV는 3개의 cystatin을 갖으며, 이를 각각 CpBV-CST1, CpBV-CST2, CpBV-CST3로 명명하였다. 이들 ORF의 염기서열을 바탕으로 추정된 아미노산 서열은 다른 폴리드나바이러스 cystatin과 높은 상동성을 보였다. 이들 유전자들의 발현을 분석한 결과 CpBV-CST1과 CpBV-CST3는 기생된 기주에서 발현되나, CpBV-CST2는 발현되지 않아 pseudogene으로 판명되었다. CpBV-CST3는 피기생체에 특이적인 반면, CpBV-CST1은 비기생 기주에서도 발현되었으며, 이 배추좀나방 유래 cystatin PCR 결과물(Px-CST1)을 염기서열 분석한 결과 CpBV-CST1의 ORF 서열과 100% 일치하였다. Px-CST1은 배추좀나방 전체 발육 기간 중에 발현되나, 조직적으로 보면, 중장과 표피에서 주로 발현하였다. 반면에 피기생 기주에서 이 유전자가 혈구 조직에서도 추가로 발현되는 현상을 나타냈다. 이는 CpBV-CST1이 혈구에 특이적으로 발현을 보이는 것으로 해석되었다. CpBV-CST3는 기생 전체 기간 발현되었고, 지방체, 혈구, 소화관 및 표피에서 발현되었다. CpBV-CST1을 진핵생명체 발현벡터에 클로닝하여 transient expression을 유도한 결과 처리된 유충의 면역이 크게 둔화되고, 발육이 지연되는 생리적 교란을 유발하였다. 본 연구 결과는 바이러스 유래 cystatin 유전자가 배추좀나방의 곤충생리인자로 작용한다는 것을 제시하고 있다.

P071

Developmental Rate of *Halymorpha halys* (Hemiptera: Pentatomidae) Fed on Different Food Sources

**Bishwo P Mainali, Soon-Do Bae, Hyun-Ju Kim, Young-Nam Yoon
and In-Seok Oh**

Department of Functional Crop, NICS, RDA, Miryang

The brown marmorated stink bug *Halymorpha halys* Stål (Hemiptera: Pentatomidae), is native to Korea, Japan, and China. *H. halys* is one of the major polyphagous pentatomids with a wide host range encompassing ornamental shrubs, trees, and cultivated crops such as millet, sesame, soybean, apple, yuzu, pear, cherry, and peach and inflicting losses of several crops in Korea. However, study on dietary importance of these hosts on the development rate of *H. halys* is sparse. We evaluated fruits of apple and orange with or without soybean plus peanuts as food sources to investigate development rate, mortality and fecundity of the stink bug. Not apple but orange only diet could support development up to adult stage but with higher mortality. First instars were found to molt into second instars without feeding. The longest time *H. halys* took to develop was in its fifth instar. Overall shortest developmental period (39.82) days was recorded on those fed on orange+soybean and peanut whereas those fed on orange only diet had longest development period (78.92 days). Generational mortality of those fed on diets consisting of soybean and peanuts ranged from 43 to 53%. Those only fed on water could not develop into third instars. *H. halys* could not develop into fourth instar in apple only diet. However, on orange only diet 20% *H. halys* could emerge as adults. Fecundity was measured for the first day of oviposition per female. Fecundity was recorded highest (28 eggs) on orange+soybean and peanut diets. The results suggest that *H. halys* require leguminous seeds in order to develop fully and lay fertile eggs.

Key words: Diet, mortality, fecundity, stink bug, host range, nutrition

P072

Development of Fumigation Treatment to Vegetables (Welsh onion, Carrot, and Lettuce) as an Alternative to Methyl bromide

Jung-hoon Park¹, Young-mi Moon¹, Myeongseop Kim¹ and Byung-Ho Lee²

¹Animal, Plant and Fisheries Quarantine and Inspection Agency (QIA)

²Dongbu ARI, Dongbu Farm Hannong Co. Ltd.

Methyl bromide (MB) has been banned by Montreal Protocol due to ozone depletion in developed countries since 2005 but uses for quarantine & pre-shipment (QPS) remains exemption. Current MB alternatives such as phosphine gas, ethyl formate has been showing their potential in terms of their no phytotoxic damages to target perishable commodities post fumigation as well as their efficacy at low temperature.

We evaluated phosphine (PH₃) gas as MB alternatives welsh onion, carrot, and lettuce fumigation. on sensitivity test, larvae of *Aphis gossypii* were most tolerant to PH₃ among the all stage of *A. gossypii*, *Tetranychus urticae* and *Plutella xylostella*. The LC₉₉ and LCT₉₉ value of mixture gas for adult of *A. gossypii* was 1.79 mg/L (24hr, 5°C) and 33.56 mg h/L(5°C), respectively.

On confirmation trials scheduled in 28m³ container for 24hr at 5°C, all stages of *T. urticae* was completely controlled in 2g/m³ of phosphine gas, but *A. gossypii* and *M. persicae* were not completely controled. No phytotoxic damage was observed in vegetables.

Key words: Phosphine(PH₃) gas, Quarantine, Welsh onion, Carrot, Lettuce, *Aphis gossypii*, *Tetranychus urticae*, *Myzus persicae*, *Liriomyza huidobrensis*

P073

벼 줄기속 가해 벼밤나방 유사 유충과 벼밤나방 성페로몬 트랩 포획 성충의 mtCOI 부분영역과 ITS2 영역 비교

서보윤¹, 정진교², 최준열², 백채훈², 배순도², 김도익³, 이관석¹, 박영미⁴,
최낙중², 조점래¹, 김주⁵, 박창규¹

¹국립농업과학원, ²국립식량과학원, ³전라남도 농업기술원
⁴농립축산검역본부, ⁵전라북도 농업기술원

서해안 지역 논에서 벼 줄기속을 가해하고 있는 벼밤나방 유사 유충과 논 주변에 설치한 벼밤나방 성페로몬 트랩에 포획된 벼밤나방 유사 성충으로부터 게놈 DNA를 추출하고 미토콘드리아 시토크롬옥시다제I(mtCOI) 부분영역을 비교하였다. mtCOI 염기서열로부터 추론된 아미노산 서열의 경우 한 위치에서 국내 채집 나방 모두가 GenBank 데이터베이스에 등록되어 있는 중국산 벼밤나방 일부와 다른 아미노산(Gly vs. Ser) 변이가 관찰되었다. 그리고 동일 지역 채집 나방에서도 일부 추론된 아미노산에서 변이가 있었다. 이러한 결과가 벼밤나방 종내변이 때문인지 다른 종이 섞여서 나타난 종간변이 때문인지는 앞으로 명확한 규명이 필요할 것으로 보인다. 한편 종동정을 위한 참고자료로서 핵내 리보솜 RNA 유전자의 ITS2(rRNA internal transcribed spacer 2) 전체영역을 해독하고 비교하였다. 최근 우리나라에 발생하여 피해를 주고 있는 벼 줄기속 가해 나방의 종류를 밝히고 분포 지역과 생리·생태, 약제저항성 등에 관한 연구가 필요할 것으로 보인다.

검색어: 벼밤나방, mtCOI, ITS2, 염기서열 변이, 아미노산 변이

P074

주사전자현미경을 이용한 미국선녀벌레(*Metcalfa pruinosa* Say) 구기와 더듬이의 미세구조

서보윤, 박창규, 이상계, 이관석, 이준성, 김광호, 박홍현

국립농업과학원 작물보호과

미국선녀벌레는 노린재목 선녀벌레과(Flatidae)의 외래유입 흡즙성 해충으로 2012년 31개 시군구로 분포가 도로변을 중심으로 확산 추세에 있다. 미국선녀벌레는 아카시나무 등에서 알로 월동을 하고 년 1회 발생을 하는데 5-6월에 부화된 약충이 10월까지 기주식물을 흡즙하여 직접 피해를 주며 왁스물질과 감로를 분비하기 때문에 외관상 혐오감과 잎과 과일에 그을음병을 유발하여 상품가치를 저하시켜 농가에 피해를 준다. 우리나라에서는 단감, 포도, 배, 사과 등 과수작물과 콩, 옥수수 등 식량작물에 피해가 우려되고 있다. 따라서 국립농업과학원에서는 외래 돌발해충인 미국선녀벌레에 대한 피해를 최소화하기 위해 기초적 생리·생태적 정보를 바탕으로 한 친환경해충관리기술을 개발하고 있다. 본 연구에서는 해부현미경과 주사전자현미경을 이용하여 미국선녀벌레 약충과 성충의 구기와 구침, 더듬이의 감각기 분포와 형태를 관찰하고 다른 흡즙성 해충과 비교하였다. 구기의 미세구조 정보를 바탕으로 미국선녀벌레의 섭식행동에 대한 연구가 앞으로 진행될 예정이다.

검색어: 미국선녀벌레, 주사전자현미경, 구기, 구침, 감각기

P075

기주를 달리한 애멸구 약충의 생존율 비교

김광호*, 이상계, 박창규, 이관석, 서보윤, 박홍현

*국립농업과학원 작물보호과

최근 지구온난화의 영향으로 수도포장에서는 줄무늬잎마름병(RSV)를 매개하는 애멸구가 가장 중요한 해충으로 등장하고 있다. 매년 국내에서 월동한 애멸구와 본답초기 중국에서 비래해온 애멸구의 개체군들이 서로 섞여 2001(김포), 2004(부산), 2008(서천, 당진, 홍성, 해남)년의 경우 대규모 포장에서 줄무늬잎마름병이 대 발생하여 벼 재배 농가에 큰 피해를 야기하고 있는 실정이다.

애멸구에 대한 정확한 월동처 파악과 비래원산지 추정은 이들을 보다 효과적으로 방제하는 데 큰 단서가 될 수 있다. 이에 본 연구에서는 보리(서둔찰보리)와 밀(금강밀)을 사용하여 알에서 갓 부화한 애멸구를 실내에서 개체 사육하였다. 17.5°C, 20°C, ..., 32.5°C 7개 온도에서 약충의 발육단계별 생존율을 조사한 결과, 금강밀의 경우 대부분의 온도에서 애멸구 약충은 성충으로 우화하지 못하고 전멸하였으며, 보리의 경우에도 생존율이 35%이하로 극히 낮아, 현재 애멸구를 실내사육하기 위해 사용하는 추청벼(생존율 97%, 25°C)에 비하여 큰 차이를 보였으며, 이는 과거 보리밭이나 밀밭이 월동 애멸구의 주요 증식처라는 보고와는 다른 결과임을 시사하였다.

검색어: 애멸구, 줄무늬잎마름병, 서둔찰보리, 금강밀, 개체사육

P076

PCR을 통한 주요 멸구류 동정 종 특이 프라이머 선발

박창규, 민수정, 김광호, 박홍현, 서보윤, 이상계

국립농업과학원 작물보호과

벼멸구(*Nilaparvata lugens*), 흰등멸구(*Sogatella furcifera*), 애멸구(*Laodelphax striatellus*)는 우리나라 벼 재배에서 가장 중요한 멸구류 해충이다. 야외 포장에서 3종 멸구의 어린 약충은 전문가들도 육안으로 구분이 어려운 실정이며, 매년 비래량을 조사하기 위해 유아등을 통해 채집되는 벼멸구 성충의 경우 기타멸구들과 상당히 유사한 형태를 가지고 있기 때문에 육안으로 구분이 쉽지 않다. 따라서 벼멸구 비래량에 대한 정확한 자료 수집과 효율적인 방제 전략 수립을 위해서는 육안 이외의 보조적인 방법으로 벼멸구, 흰등멸구, 애멸구와 기타멸구류를 정확하게 동정해 내는 과정이 필요하다. 본 연구는 3대 멸구류의 종 특이적 프라이머 선발을 위해 수행되었고 동정 시간 및 비용 절감을 위해 Direct PCR 방법을 선택하였다. 예상 종 특이 프라이머들은 COI, COII, microsatellite 유전자에 기반하여 총 23개를 제작 검토하였다. 실험 결과, 벼멸구는 BPH_5를 사용하여 340bp 근처에서, 흰등멸구는 WBPH_03와 WBPH_04를 사용하여 각각 160bp와 170bp 근처에서, 애멸구는 WBPH_656을 사용하여 510bp 근처에서 band 형성을 확인하였다. 첫 번째 혼합 프라이머 세트(BPH_5+WBPH_03+WBPH_656)와 두 번째 혼합 프라이머 세트(BPH_5+WBPH_04+WBPH_656) 모두 벼멸구, 흰등멸구, 애멸구 DNA에 대해 band 형성 및 구분이 가능하였고, 기타멸구(북방멸구, 일본멸구, 들판멸구, 벼멸구붙이, 겨풀멸구)에서는 어떠한 band 형성도 발견할 수 없었다. 다만 첫 번째 프라이머 세트와는 달리 두 번째 혼합 프라이머 세트는 3종 모두 200bp에서 공통적인 band를 나타내었고, 이는 PCR시 정상적인 증폭 유무를 확인하는 척도가 될수 있을 것으로 판단되어 두 번째 혼합 프라이머 세트가 멸구류 3종 동정에 보다 유용하리라 생각된다.

검색어: 벼멸구, 흰등멸구, 애멸구, PCR

P077

갈고리뱀잠자리붙이의 생물학적 특성에 미치는 온도의 영향

김정환¹, 조점래¹, 이미숙¹, 강은진¹, 변영웅², 김황용¹, 최만영³

¹농촌진흥청 국립농업과학원, ²농촌진흥청 기획조정관실,
³농촌진흥청 국립식량과학원

갈고리뱀잠자리붙이(*Micromus angulatus* (Stephens))의 생물학적 특성을 조사하기 위하여, 온도 15, 20, 25 및 30°C, 습도 70%±10%, 광주기 16:8(L:D)에서 수행된 결과는 다음과 같다. 알부터 번데기까지의 발육영점온도는 9.6°C, 유효적산온도는 270.3일도였다. 처리온도 4조건에서 알 기간은 각각 15.0, 7.3, 4.4, 3.3일, 부화율은 각각 73.7, 82.1, 83.0, 79.3%, 유충 기간은 각각 15.4, 8.8, 5.5, 4.2일, 번데기 기간은 각각 22.7, 11.0, 6.9, 6.0일이었고, 우화율은 각각 72.0, 77.2, 89.8, 78.6%였다. 암컷 성충의 수명은 각각 140.7, 62.4, 34.9, 26.6일, 산란 기간은 각각 106.0, 52.9, 28.7, 18.3일이었고, 총 산란수는 각각 434.0, 666.0, 515.2, 194.5개이며, 하루 최대 산란수는 각각 16.1, 30.2, 54.8, 31.0개였다. 갈고리뱀잠자리붙이 1령, 2령, 3령 유충과 성충의 싸리수염진딧물 하루 포식량은 25°C에서 각각 18.9, 47.2, 57.7, 91.0마리였다. 갈고리뱀잠자리붙이는 발육영점온도가 낮고 진딧물 포식량이 많아 저온시기에 진딧물 포식성 천적으로 유용하게 사용될 수 있을 것이다.

검색어: 천적, 갈고리뱀잠자리붙이, 발육, 산란, 포식

P078

Recent Planthoppers Scouting Information in Asian Countries through the AMIVS System

**Hong-Hyun Park¹, Gwon-Seok Lee¹, Hong-Soo Choi¹, Young-Woong Byeon²
and Hyun-Gwan Goh¹**

¹National Academy of Agricultural Science, RDA, Korea

²Knowledge & Information Officer, RDA, Korea

Rice planthoppers (RPH) such as brown planthoppers (BPH), small brown planthoppers (SBPH), and white-backed planthoppers (WBPH) have been serious constraints to the rice production in Asian countries. It is important to manage their outbreak through the international cooperative network between concerned countries. RDA initiated a regional AFACI (Asian Food and Agriculture Cooperation Initiative) project for this purpose. And to facilitate information exchange of planthopper scouting data and technical knowledge between AFACI member countries, the internet-based AMIVS (www.amivs.org) Platform was being operated since 2011. In this system, scouting data includes daily light trap, aerial net data and weekly field collection data on BPH, WBPH, and SBPH and virus occurrence in scouting fields. Analysis results of the 2012 light trap and field collection data showed that each country or region has unique seasonal dynamics and dominance pattern of planthoppers according to the cropping pattern and environment. The high BPH density was mainly observed in Thailand and Vietnam. In other countries, BPH density was rather low. Now, more and more scouting sites and data from member countries are entered in this system regularly, and we could expect that more substantial scouting information could be produced and shared in near future.

Key words: AMIVS system, Planthoppers, Scouting Information

P079

Degree-day Model and Phenology of *Grapholita molesta* (Tortricidae: Lepidoptera) in Pear Orchards

**JeongJoon Ahn¹, Lalit Prasad Sah,² Hyangmi Kim,³ Soonwon Lee³
and Chuleui Jung²**

¹Crop Protection Division National Academy of Agricultural Science Rural Development Administration

²Plant medicine major, School of bioresource sciences, Andong National University

³Korea Fruit pest forecasting research center

Grapholita molesta is one of economically important pests in pear orchards and has four to five generations per year depending on food resources, geographic location, and temperature. The overwintering larvae of *G. molesta* pupate early in the spring and new adults start to flight for several reasons such as mating, seeking resources and oviposition. The study was conducted to develop the full seasonal phenology model of *G. molesta* and to investigate the phenology of *G. molesta* adult in pear orchards. Data collection was carried out in five pear-growing location (Anseong, Icheon, Sangju, Ulju and Naju). Three commercial orchards of each location was selected for collecting data in 2011 and 2012. The flight phenology of *G. molesta* was investigated by the commercial pheromone monitoring trap (GreenAgroTech) once per week. The phenology of *G. molesta* per generation was predicted by the relationships between degree-day accumulation above the low temperature threshold and cumulative proportion of accumulated moth caught per generation. The phenology of *G. molesta* per generation was calculated by Weibull 2-parameter function. Although the latitude of Sangju was higher than that of Naju, the first flight of *G. molesta* adult from two orchards was similar. The average number of *G. molesta* adult caught in every pear orchards was increased from 2011 to 2012. The occurrence of *G. molesta* adult was explained well by degree-day model using Weibull 2-parameter function.

Key words: *Grapholita molesta*, degree-day model, pear orchard, phenology, pheromone trap

The Phenology and degree-day Model of *Grapholita molesta* (Tortricidae: Lepidoptera) in Apple Orchards

JeongJoon Ahn¹, Lalit Prasad Sah,² Hyangmi Kim,³ Soonwon Lee³ and Chuleui Jung²

¹Crop Protection Division National Academy of Agricultural Science Rural Development Administration

²Plant medicine major, School of bioresource sciences, Andong National University

³Korea Fruit pest forecasting research center

The study was conducted to investigate the phenology of *G. molesta* adult, and to develop and validate the degree-day model of *G. molesta* in apple orchards. It was known that *G. molesta* is a multi-voltine insect depending on temperature and geographic location. *G. molesta* damage to many economically important fruit trees such as apple and pear. Data collection was carried out in five apple-growing location (Chungju, Bonghwa, Andong, Uiseong, and Geochang) and at least three commercial orchards of each location was selected for collecting data in 2011 and 2012. The commercial pheromone monitoring trap (GreenAgroTech) was used to investigate the flight phenology of *G. molesta*. The relationships between degree-day accumulated above the low temperature threshold and cumulative proportion of accumulated *G. molesta* caught per generation were used to predict the phenology of *G. molesta*. The phenology of *G. molesta* per generation was analyzed by Weibull 2-parameter function. The generation of *G. molesta* was depending on local environmental conditions, specially temperature. The first flight of *G. molesta* adult in Chungju was later than other places. The average number of *G. molesta* caught in Uiseong was significantly decreased from 2011 to 2012. The occurrence of *G. molesta* adult was explained well by degree-day model using Weibull 2 parameter function. The developed model system could be applied to manage *G. molesta* population in apple orchards.

Key words: *Grapholita molesta*, apple orchard, degree-day model, phenology, pheromone trap

P081

갈색거저리 유충 동시 수확을 위한 산란격리틀 이동시기 및 성충의 온도별 특성

김선곤, 구희연, 오형근, 김정은, 김도익, 김종선

전남농업기술원 연구개발국

갈색거저리(*Tenebrio molitor* L.)는 저장곡물을 가해하는 해충으로 알려져 있으나 최근에는 가축, 애완동물, 파충류 등의 먹이로 사용되고 있다. 대부분의 딱정벌레목 유충은 3~5령을 경과하지만 갈색거저리 유충은 10령 이상을 경과하며, 성충은 우화 5일 후부터 산란을 시작하여 30일 이상 지속하여 낳기 때문에 동일 영기의 유충을 수확하기 어렵다. 산업화를 위한 균일한 유충 수확과 노동력 절감을 위하여 산란성충의 이동시기를 1, 3, 5, 7, 10일 간격으로 산란격리틀을 이동하여 영기비율 및 총 생체중량을 조사하였다. 유충의 수확시기인 100일 후에 12~13령 비율은 99.9, 99.7, 68.5, 46.9, 39.4% 이었으며, 총 생체중량은 이동시기별로 5,000마리씩 5반복으로 조사한 결과 평균 508.0, 501.7, 402.8, 248.2, 208.6g 이었고, 통계분석 결과 1일, 3일로 이동하였을 때 가장 높은 유의성을 보였다. 갈색거저리 유충 동시 수확과 노동력 절감을 위하여 성충 산란격리틀을 3일 간격으로 이동시키고 100일 경과 후 수확하는 것이 가장 효율적일 것으로 판단되었다. 성충의 온도별 특성을 15°C부터 30°C 까지 조사한 결과 15°C에서는 발육이 이루어지지 않았으며, 성충기간은 암컷이 수컷보다 10~40일 가량 오래 생존하였다. 생존일수와 산란기간은 25°C에서 68.3일, 32.8일로 가장 길었으며, 산란수 역시 180.7개로 많았다. 암수 비율별 산란수는 4:1 에서 474.5±20.1 개로 난 수량 확보에 가장 좋은 비율로 판단되었다.

검색어: 갈색거저리, 산란격리틀, 영기비율, 산란수

P082

회화나무이(*Cyamophila willieti* : Psyllidae) 생태에 관한 연구

권건형, 지은미, 정윤미, 박근호, 권영대

경기도산림환경연구소

회화나무이는 가로수인 회화나무에 최근 들어 발생하는 주요 해충의 하나로서 본 연구소에서는 차후의 방제시범을 목적으로 기초생태 연구를 수행하였다.

회화나무이는 1년에 월동성충과 신성충 1세대가 발생하는 것으로 추정된다. 월동성충은 갈색형으로 4월 초순부터 5월 하순까지 발생하였으며, 우화최성기는 5월 초순이었다. 신성충은 연두색형으로, 5월 중순부터 10월 하순까지 발생하였으며, 5월 하순이 우화최성기였다. 난은 길이 $0.31\pm 0.02\text{mm}$, 폭 $0.14\pm 0.01\text{mm}$ 로, 촛불 모양으로 둥글고 끝에는 갈고리형 돌기가 있다. 약충은 5령기를 거치는 것으로 조사되었으며, 1령충은 두폭 $0.19\pm 0.01\text{mm}$, 체장 $0.37\pm 0.05\text{mm}$, 2령충은 두폭 $0.26\pm 0.01\text{mm}$, 체장 $0.53\pm 0.01\text{mm}$, 3령충은 두폭 $0.37\pm 0.01\text{mm}$, 체장 $0.76\pm 0.03\text{mm}$, 4령충은 두폭 $0.42\pm 0.02\text{mm}$, 체장 $0.78\pm 0.03\text{mm}$, 5령충은 두폭 $0.58\pm 0.02\text{mm}$, 체장 $1.90\pm 0.03\text{mm}$ 이다.

향후 회화나무이의 정확한 연 발생 세대수와 월동처 구명 등이 진행될 계획이다.

검색어: 회화나무이, 나무이과, 매미목

종이기록물 보관 시 해충에 대한 살충효과 분석

나자현¹, 천용식¹, 여상현², 류문일^{2,3}

¹고려대학교 생명자원연구소, ²(주)하이포스 R&C, ³고려대학교 생명과학대학

종이기록물 보관 시 해충에 의한 직, 간접적인 피해예방 및 소독약제, 소독처리 방법에 따른 살충효과를 분석하고자 하였다. 공시충으로 화랑곡나방 유충, 거짓쌀도둑거저리 성충 및 유충, 어리쌀바구미 성충, 곡식수시령이 유충 등을 사용, 실험 묶음책 내부에 이들 공시충을 투입하고 상, 중, 하, 노출조건으로 위치시켜 부산국가기록원 원내 소독지침에 따라 처리한 결과, 화랑곡나방 유충과 거짓쌀도둑거저리 성충은 상, 중, 하, 노출 모든 처리위치에서 100%의 치사율을 보였으며, 거짓쌀도둑거저리 유충은 70~85%의 치사율로 상, 중, 하 처리위치 간 차이가 없었으며 ($df=2, F=0.76, P>0.05$), 어리쌀바구미 성충은 노출 처리구에서 가장 높은 70%, 나머지 처리위치에서는 32~52%의 치사율로 처리위치 간 치사율의 차이는 보이지 않았다 ($df=2, F=2.19, P>0.05$). 또한, 실험 묶음책을 세워서 거치시킨 후 소독처리를 한 경우, 묶음책 내부에서 곡식수시령이 유충은 치사수가 1마리, 어리쌀바구미 성충은 8.5마리, 거짓쌀도둑거저리 유충은 18마리, 특히 화랑곡나방 유충과 거짓쌀도둑거저리 성충에서는 20마리로 매우 높게 나타났다. 실험곤충을 묶음책 내부가 아닌 외부에 노출시켜 처리한 경우 곡식수시령이 유충의 치사수 1마리를 제외한 모든 실험곤충에서 치사수가 20마리로 높게 나타났다.

이러한 결과는 기록물 보존 시 해충의 서식위치, 소독처리 방식, 해충의 종류에 따라서 살충효과가 크게 달라질 수 있음을 보여주는 것이다.

이 발표는 행정안전부 국가기록원 재원으로 2012년 기록보존기술 연구개발사업의 지원을 받아 수행된 연구임.

검색어: 종이기록물소독, 화랑곡나방, 어리쌀바구미, 거짓쌀도둑거저리, 곡식수시령이

Pollinating Characteristics of *Apis mellifera* and *Bombus terrestris* on Mango Flower in Vinyl-House Condition

**In Gyun Park¹, Mi Ae Kim¹, Hyung Joo Yoon¹, Kyeong Yong Lee¹,
Kyeong San Choi² and Yoon Mi Kim¹**

¹Division of Applied Entomology, National Academy of Agricultural Science

²Agricultural Research Center for Climate Change, National Institute of Horticultural & Herbal Science

To substitute for bluebottle fly, *Chrysomya megacephala* which is being used for pollinator in mango fruit, and improve the pollinating effect of mango fruit which is also being increased as high value added crop recently in Jeju island of Korea, 2 kinds of pollinator were used in analyzing and surveying of foraging activities on mango fruit in Seogwipo province. This study was conducted using 3 species of pollinator, *Apis mellifera*, *Bombus terrestris* and *Chrysomya megacephala* with 3 treatment in vinyl-house condition respectively. Species of mango fruit, Irwin, was used in this experiment. A number of foraging activity of *Apis mellifera* and *Bombus terrestris* in hive showed highest 11 AM, and showed normal foraging activity in high temperature condition (28°C). Pollinating ratio of *Bombus terrestris* was shown 100% and over 95% in case of *Apis mellifera*. This ratio suggests that the 2 species of insects is effective as pollinator on mango fruit compared with bluebottle fly. Daily pollinating activity of *Apis mellifera* and *Bombus terrestris* was shown peak in 11 AM, but showed even activity from 9 AM to 3 PM in case of *Chrysomya megacephala*. The pollinating characteristics of 3 species depends on illuminance but temperature, especially in case of *Bombus terrestris* was more affected by change of illuminance. Visiting time of *Bombus terrestris* and *Apis mellifera* on this flower was shown 2.8 and 3.4 seconds respectively. But *Chrysomya megacephala* showed longer 10 times with 32.5 seconds than other insects. This results suppose that *Chrysomya megacephala* showed as resting behavior for almost time on the flower not foraging activity to pollinate.

Key words: *Bombus terrestris*, *Apis mellifera*, *Chrysomya megacephala*, Mango, Foraging activity

P085

스트레스음파가 아메리카동애등에(*Hermetia illucens*)의 발육에 미치는 영향

박지영¹, 이상훈², 이한용³, 김용균^{1*}

¹안동대학교 자연과학대학 생명자원과학과, ²(주) 그린테코, ³한국생산기술연구원

잡식성인 아메리카동애등에(*Hermetia illucens*)는 최근 음식물 쓰레기를 처리하는 환경 정화용 곤충으로 알려져 있을 뿐만 아니라 항생물질을 분비하여 여러 방면에 산업적으로 이용될 가능성이 보이고 있다. 또한 대량적으로 사육이 가능하여 전 사육과정을 자동화하는 기반에서 생산화가 진행되고 있는데 이때 가동되는 기계에서 소음이 발생하게 된다. 곤충에게 소리는 주로 짹짹기나 보호를 위해 사용되기 때문에 이러한 소음은 곤충에게 스트레스로 작용될 수 있다. 위 실험은 동애등에 발육에 미치는 음파의 영향 평가는 최적의 발육 조건인 25°C와 광조건 8:16 h (L:D)에 실시되었다. 분석된 음파는 95 dB 조건에서 상이한 주파수를 종령 유충에 처리하였다. 주파수가 증가함에 따라 용화율과 우화율이 현격하게 낮아졌다. 다음으로 동일한 주파수(5000 Hz)에서 소리세기를 다양하게 처리한 경우 85 dB 이상의 음파가 동애등에의 발육을 억제하는 것으로 나타났다. 실제로 동애등에 사육시설에서 성장한 유충을 분석한 결과 대조구와 큰 차이 없이 용화와 우화를 할 것으로 나타났다. 본 연구는 또한 동애등에 발육에 영향을 주는 음파 조건(5000 Hz, 95 dB)이 일부 면역 유전자의 발현을 현격하게 증가시키는 것으로 나타났다. 이상의 결과는 85 dB 이상의 음파 처리가 동애등에의 발육에 영향을 주는 것으로 나타났다.

검색어: 아메리카동애등에(*Hermetia illucens*), 음파, 발육, 면역 유전자

P086

Development of Target-specific and High Efficacy Microbial Insecticides

Seonghyeon Eom¹, Moonsu Kang², Kyunghyung Yang², Hyunghwan Kim³,
Youngjin Park¹ and Yonggyun Kim¹

¹Department of Bioresource Sciences, Andong,

²YA Korea, INC.,

³National Horticultural Research Institute, RDA

An entomopathogenic bacterium, *Xenorhabdus nematophila* (Xn), is symbiotic to a nematode, *Steinernema carpocapsae*, and exhibits high pathogenicity to lepidoptera insects. Its metabolites released into the bacterial culture broth and also virulent in oral especially when they are treated with *Bacillus thuringiensis* (Bt). This study devised a high efficacy microbial insecticide by combining Xn culture broth and Bt. Bt *kurstaki* (Btk) exhibited relatively higher pathogenicity to *Plutella xylostella* than *Spodoptera exigua* larvae. By contrast, Bt *aizawai* (Bta) showed a reverse pathogenicity pattern. Phase I type of Xn (XnK1) was isolated from *S. carpocapsae* Pochun and exhibited high pathogenicity than phase II bacteria. Three bacterial mixtures of Bta+XnK1, Btk+XnK1, and Bta+Btk+XnK1 were prepared and analyzed in their target insects. Bta+XnK1 showed higher pathogenicity than those of Bta alone or Btk+XnK1 in *P. xylostella*. Btk+XnK1 showed higher pathogenicity than those of Btk alone or Bta+XnK1 in *S. exigua*. Bta+Btk+XnK1 showed high pathogenicity against both *P. xylostella* and *S. exigua*.

Key words: *Xenorhabdus nematophila*, *Bacillus thuringiensis*, Bt *kurstaki*, Bt *aizawai*

Local Distribution and Floral Preferences of Bumblebee Queens in Korea

Hyung Joo Yoon*, Kyeong Yong Lee, Mi Ae Kim and In Gyun Park

Department of Agricultural Biology, National Academy of Agricultural Science, Suwon 441-100

Bumblebees are important pollinators of crops and wildflowers in northern temperate regions. The number of bumblebee species has declined in recent decades, particularly, in developing regions. Here, we investigated the distribution and floral preferences of founder bumblebee queens that were collected between 2000 and 2012 in Korea with the intention of gathering information useful in the conservation of native bumblebee populations. A total of 13,130 overwintered bumblebee queens were collected at 63 locations from 8 provinces; the collected bumblebees consisted of five species of native bumblebees (*Bombus ardens*, *B. ignitus*, *B. hypocrita spporoensis*, *B. ussurensis* and *B. consobrinus wittenburgi*) and one species of exotic bumblebee (*B. terrestris*). The dominant species were *Bombus ardens* Smith and *Bombus ignitus* Smith, which accounted for 7,462 (56.8%) and 3,725 (28.4%) of the collected bumblebees, respectively. As a proportional distribution of the founder bumblebee queens that were collected, *B. ignitus* was the most common (9.8%-78.5%), followed by *B. ardens* (9.8%-66.1%), *B. hypocrita spporoensis* (0.9%-31.4%), *B. ussurensis* (0.8%-22.2%), *B. consobrinus wittenburgi* (0.1%-3.8%) and *B. terrestris* (0.0%-1.1%). The bumblebee queens foraged from 7 families of plants and 18 plant species. *B. ignitus* bumblebees were primarily collected from *Prunus serrulata* Matsumura and *Corydalis speciosa* Max, and *B. ardens* bumblebees were primarily collected from *Rhododendron mucronulatum* Turcz and *Prunus yedoensis*.

Key words: Bumblebee, Dominant species, Distribution, Floral preference

P088

양파 육종을 위한 교배순화용 화분매개곤충의 선발 및 이용

이경용, 윤형주, 박인균, 김미애, 이을태¹, 황보인식²

국립농업과학원 곤충산업과
¹국립식량과학원, 바이오에너지작물센터
²해남군농업기술센터 연구개발과

최근 유전자원 유출문제, 해외채종지 인건비 상승 등으로 채종용 양파의 국내 채종비율이 증가하고 있다. 채종용 양파의 수분을 위해 파리류를 사용하고 있으나, 개화시 적기공급, 하우스내 고온환경에서 수분률 저하, 악취 및 위생곤충 생산 등의 문제가 발생하고 있다. 따라서, 파리류를 대체할 양파종자 생산에 적합한 수분곤충을 선발하기 위해, 양파의 교배순화용상자($\varnothing=0.6\text{m}$, $h=0.8\text{m}$)내에서 연두금파리를 비롯한 서양뒤영벌, 머리빨가위벌, 꿀벌 등 4종의 곤충에 대하여 화분매개효과를 조사하였다. 화구수정률은 꿀벌과 서양뒤영벌이 연두금파리와 머리빨가위벌에 비해 10%이상 높은 결과를 보였다. 소화수정률은 연두금파리보다 꿀벌이 22%, 서양뒤영벌이 13% 더 높았고, 화구당 종자수는 연두금파리 대비 꿀벌 35%, 뒤영벌 30% 더 많았다. 이러한 결과로 볼 때, 교배순화를 위한 채종용 양파의 수분을 위하여 꿀벌과 서양뒤영벌을 이용하는 것이 파리류를 대체할 수 있다고 판단된다. 또한, 채종용 양파의 교배순화를 위해 꿀벌과 서양뒤영벌의 적정한 마리수는 꿀벌은 15마리 이상, 서양뒤영벌은 10~15마리였다.

검색어: 화분매개곤충, 양파, 육종, 꿀벌, 뒤영벌

P089

식물 추출 2차대사 물질적용 포장소재에서의 화랑곡나방(*Plodia interpunctella* H.) 기피효과

천용식¹, 나자현¹, 여상현², 류문일^{2,3}

¹고려대학교 생명자원연구소, ²(주)하이포스 R&C, ³고려대학교 생명과학대학

화랑곡나방은 국외 뿐만 아니라 국내 식품제조, 가공회사 제품(스넥, 면, 제과 등)들의 곤충이물관련 클레임 중 60% 이상을 차지하는 주요 해충 중으로, 식품제조, 가공회사는 제품으로의 해충의 접근을 억제하여 경제적 손실을 최소화하고자 많은 노력을 하고 있다. 기피효과 실험은 식품공전 상에 등재된 한약재 배합물에서 추출한 기피물질 고형분을 각 농도 0, 10, 20, 30, 40%로 처리하여 제조한 식품 포장소재(PE 필름)에 화랑곡나방 4령 유충을 투입한 후 기피효과를 조사한 결과, 0% 처리에서는 상단면 9.8, 하단면 10.2마리로 차이가 없었으나(df=8, t=-0.17, P>0.05), 10% 처리의 경우 처리면(상단면) 4.6마리, 무처리(하단면) 15.4마리로 통계적으로 유의한 차이를 보였으며(df=8, t=4.77, P<0.05), 20% 처리에서는 처리면 4.4, 무처리면 15.6마리, 30% 처리에서는 처리면과 무처리면에서 각각 4와 16마리, 40% 처리의 경우 처리면 6.4, 무처리면 13.6 마리로 0%를 제외한 모든 기피물질 처리농도에서 통계적 유의한 차이를 보였다(20%: df=8, t=11.68, P<0.05, 30%: df=8, t=7.75, P<0.05, 40%: df=8, t=4.21, P<0.05).

식품포장 소재에 기피물질을 처리하였을 경우 제품으로의 화랑곡나방 유충의 접근을 억제 할 수 있는 것으로 추정되었으며, 적절한 처리 농도에 대해서는 더 많은 연구가 필요한 것으로 판단되었다.

본 연구는 농림수산식품부의 지원(과제번호: 311038-03-2-HD130)에 의하여 수행되었다.

검색어: 2차대사물질, 한약재추출물, 방충포장재, 저장해충, 화랑곡나방

P090

Detection of a Microsporidian, *Nosema apis*, Via Quantitative Real-time PCR

Na Rae Choi¹, Chuleui Jung² and Dae-Weon Lee¹

¹Department of Biology, Kyungshung University, Busan608-736, Korea

²Department of Plant medicine, Andong National University, Andong 760-749, Korea

Bombus terrestris has played an important role in the pollination in agricultural fields for the alternatives in colony collapsing in the honeybee. Recently, some pathogens or parasites such as viruses, bacteria, mites have been discovered in *B. terrestris*, which affects its life span and fecundity. In order to detect a microsporidian, *Nosema apis*. in the field population, we collected honeybees and isolated genomic DNA. PCR primers specific for 16S ribosomal RNA (16S rRNA) were synthesized and applied to gene amplification for cloning and quantitative real-time PCR (qRT-PCR). The amplified gene was cloned and sequenced to confirm the 16S rRNA gene. qRT-PCR analysis showed the detection limit of 16S rRNA of *Nosema apis* was approximately 0.5 ng/μl genomic DNA. This result suggests that detection via qRT-PCR can be applied for the diagnosis of pathogen infection.

Key words: *Bombus terrestris*, quantitative real-time PCR, *Nosema apis*, cloning

P091

스트레스에 의한 서양종꿀벌(*Apis mellifera*)과 동양종꿀벌(*Apis cerana*)의 항산화 단백질 발현 분석

이순규¹, 최용수², 구현나¹, 김길하^{1*}

¹충북대학교 식물외학과

²농촌진흥청 잠사양봉소재과

서양종꿀벌(*Apis mellifera*)과 동양종꿀벌(*Apis cerana*)에서 온도 스트레스(4°C, 37°C)에 의한 Cu-Zn superoxide dismutase (SOD1)과 thioredoxin reductase (TrxR) 유전자발현 정도를 비교하였다. 그 결과 두 종 모두 처리 후 5시간까지 SOD1과 TrxR의 발현이 급격히 증가하다 차츰 감소하는 경향을 보였다. 스트레스 성 물질(MV, H₂O₂) 주입에서는 H₂O₂보다 MV에 의해 현저히 SOD1과 TrxR의 발현이 증가하였다. 온도스트레스와 물질주입 스트레스 조건하에서 SOD1과 TrxR의 효소활성을 측정된 결과, 발현시간보다 좀 더 늦은 시간대에서 최대 활성을 보였다. 그리고 서양종꿀벌과 동양종꿀벌의 SOD1과 TrxR의 단백질 발현 특성을 구명하기 위하여 *E. coli* expression system을 이용하였다. 그 결과 SOD1은 약 16 kDa 정도, TrxR은 약 60 kDa 정도의 위치에서 밴드가 관찰되었으며 항체를 이용한 Western blot 결과에서도 동일한 위치에서 밴드를 detection 하였다.

검색어: *Apis mellifera*, *Apis cerana*, 스트레스, Cu-Zn superoxide dismutase, Thioredoxin reductase

P092

멸종위기식물인 백부자 *Aconitum coreanum* (Lev.) Lev.의 화분매개 곤충

한경식, 전정일, 이재선¹

신구대학교 원예디자인과, ¹신구대학교식물원

백부자 *Aconitum coreanum* (Lev.) Lev.는 환경부 지정 멸종위기식물 2급에 해당하는 식물로 서식지와 서식지 이외 지역에서 종 보전이 필요한 식물이다. 종 보전을 위한 기초 조사로 백부자의 화분 매개곤충과 매개방법에 대해 자생지인 강원도 영월에서 개화된 백부자의 꽃을 방문하는 곤충들을 조사하였다. 낮 시간대에 방문하는 곤충으로는 벌목 꿀벌과의 우수리뒤영벌 *Bombus ussurensis* Radoszkowski을 확인할 수 있었고, 밤 시간대에 꽃을 방문한 곤충으로는 나비목 밤나방과의 담배거세미나방 *Spodoptera litura* (Fabricius)를 확인하였다. 이 중 총체에서 백부자의 화분을 가지고 있어 매개곤충으로 확인된 곤충은 우수리뒤영벌이었다. 백부자는 꽃잎 모양의 꽃받침 조각은 5개로 투구 모양을 이루고 2개의 꽃잎은 뒤쪽 꽃받침 속으로 들어가 밀선이 되며 꽃 내부 안쪽 상부에는 헛밀선이 있다. 이러한 꽃의 구조 때문에 우수리뒤영벌에 의한 화분 매개는 다음과 같은 방식으로 이루어졌다. 1) 우수리뒤영벌은 꿀을 빨아먹을 목적으로 꽃에 접근하여 바로 선 상태로 꽃 내부로 들어간다. 2) 꽃 내부에서 간 뒤 입을 위쪽의 헛밀선에 접근시키기 위해 몸을 뒤집어 거꾸로 매달리게 된다. 3) 아래쪽에 위치한 수술로부터 화분이 우수리뒤영벌의 가슴 등판과 날개기부에 묻혀 지게 된다. 4) 이후에 암술이 성숙한 꽃을 방문하였을 때, 같은 방법으로 몸이 뒤집어진 벌의 몸에서 화분을 암술에 묻게 하여 수정시키게 된다. 이와 같은 방법을 달성하기 위해서는 화분매개 곤충의 몸 크기가 위쪽의 헛밀선과 아래의 수술사이 거리와 적절하게 일치하여야 하기에, 우수리뒤영벌이 백부자의 주 화분매개곤충으로 상호선택이 이루어질 가능성이 높은 것으로 판단된다.

검색어: 백부자, 우수리뒤영벌, 화분매개, 멸종위기식물

P093

Complete Mitochondrial Genome of the Dwarf Honey Bee, *Apis florea* (Hymenoptera: Apidae)

Ah Rha Wang^{1†}, Min Jee Kim^{1†}, Jeong Sun Park¹, Yong Soo Choi²,
Ratna Thapa² and Iksoo Kim¹

¹College of Agriculture & Life Sciences, Chonnam National University

²Department of Agricultural Biology, National Academy of Agricultural Science

In the present study, the 17,694-bp long complete mitochondrial genome (mitogenome) of the dwarf honey bee, *Apis florea* (Hymenoptera: Apidae), is described with an emphasis on the noteworthy triplicated tRNA^{Ser}(AGN) region and an extraordinary long A+T-rich region with repeat regions. The gene arrangement of *A. florea* mitogenome is identical to that of *A. mellifera*, but has triplicated tRNA^{Ser}(AGN), each of which contains the precedent 44 bp-long and following another 64 bp-long repeats plus one complete first repeat abutting to tRNA^{Met}. A total of 1,610-bp long two repeat regions in 1,987 bp-long A+T-rich region is composed of nearly identical 141 ~ 219-bp long five tandem repeats and 50 ~ 52-bp long 12 tandem repeats that are encompassed by three non-repeat sequences. One of the common interpretations for such repeat sequence is slipped-strand mispairing and unequal crossing-over events during DNA replication.

Key words: Mitochondrial genome, *Apis florea*, A+T-rich region, tandem repeat sequences

[†]These authors contributed equally to this presentation.

P094

Comparison of Endogenous Cellulase Genes from Four Termite Species with Different Habitats

Kyungjae Andrew Yoon¹, Young Ho Kim² and Si Hyeock Lee^{1,2}

¹Department of Agricultural Biology, Seoul National University

²Research Institute for Agriculture and Life science, Seoul National University

To search for a variety of cellulase genes from termites with different habitats consuming different foods, we collected three species (*Neotermes* spp., *Odontotermes* spp., *Macrotermes* spp.) from the wood and one species (*Nasutitermes* spp.) from the cow dung. Total RNA was isolated both from alimentary track tissues containing paunch and from other tissues, and used for the suppression subtractive hybridization (SSH). The resulting EST libraries were sequenced and searched by BLAST to identify cellulase genes. A total of 16 cellulase genes were found from the wood-dwelling termites whereas 4 cellulase genes from the cow dung-dwelling termites. Endo-beta-1,4-glucanase and beta-glucosidase were identified as the most abundant cellulase from the wood-dwelling termites and cow dung-dwelling termites, respectively. This finding suggests that cellulase profiles are significantly different depending on the termite's habitat and food. In addition, we analyzed phylogenetic relationships among the cellulase genes along with other cellulase genes reported to date. All cellulase genes appeared to be originated from endosymbionts without any hint of horizontal gene transfer. Functional expression of endo-beta-1,4-glucanase using a baculovirus expression system is in progress to characterize its enzymatic properties.

Key words: Cellulase, Termite, SSH, EST library, Mass sequencing

P095

Population Genetic Structure of the Bumblebee, *Bombus ignitus* (Hymenoptera: Apidae), based on Mitochondrial COI Gene and Nuclear Ribosomal ITS2 Sequences

Hyung Keun Oh¹, Hyung Joo Yoon², Joo Young Lee¹, Jeong Sun Park¹
and Iksoo Kim¹

¹College of Agriculture & Life Sciences, Chonnam National University

²Department of Agricultural Biology, National Academy of Agricultural Science

The bumblebee, *Bombus ignitus* (Hymenoptera: Apidae), is a valuable natural resource that is widely utilized for greenhouse pollination in South Korea. Understanding the magnitude of genetic diversity and geographic relationships is of fundamental importance for long term preservation and utilization. As a first step, we sequenced a partial COI gene of mitochondrial DNA (mtDNA) corresponding to the “DNA barcode” region and the complete internal transcribed spacer 2 (ITS2) of nuclear ribosomal DNA from 88 individuals collected in nine South Korean localities. The complete ITS2 sequences were longest among known insects, ranging in size from 2,034 bp ~ 2,052 bp, harboring two duplicated 112-bp long repeats. The 658-bp long mtDNA sequences provided only six haplotypes with a maximum sequence divergence of 0.61% (4 bp), whereas the ITS sequences provided 84 sequence types with a maximum sequence divergence of 1.02% (21 sites). The combination of the current COI data with those of published data suggest that the *B. ignitus* in South Korea and China are genetically a large group, but those in Japan can be roughly separated into another group. Overall, a very high per generation migration ratio, a very low level of genetic fixation, and no discernable hierarchical population were found to exist among the South Korean populations of *B. ignitus*, which suggests panmixia. This finding is consistent with our understanding of the dispersal capability of the species.

Key words: COI gene, ITS2, *Bombus ignitus*, Apidae, geographic variation

파밤나방 5령 유충의 생리적 발육영점온도

최봉기, 박영진, 김용균

안동대학교 생명자원과학과

휴면 기작을 보유하지 않은 파밤나방(*Spodoptera exigua*)은 남방계 곤충으로 이들의 장거리 이동 능력은 온난화 기후변화에 편승하여 북쪽으로 서식지를 넓히고 있다. 국내에서는 시설재배지를 중심으로 월동이 가능한 것으로 보이나, 어느 발육태에서 어느 온도 조건에서 월동이 가능한지는 밝혀지지 않고 있다. 본 연구는 저온 조건에서 파밤나방 유충 발육에 관한 생리적 분석을 진행했다. 상이한 온도조건에서 파밤나방의 유충 영기별 발육속도는 상이하어, 1, 5령은 2, 3령에 비해 발육속도가 상대적으로 느렸다. 그러나 4령의 경우는 낮은 온도에서는 1, 5령과 같이 느린 반면, 높은 온도에서는 2, 3령과 같이 빠른 발육 속도를 보여 중간형태의 발육 패턴을 나타냈다. 상이한 온도 조건에서 발육시켜 갓 탈피한 4령에 대해서 다양한 기능군(성장, 스트레스 및 면역)의 유전자 발현을 qRT-PCR로 분석한 결과 온도에 비례하여 발현량을 증가시키는 유전자, 오히려 감소하는 유전자 및 온도와 무관하게 발현하는 유전자들로 분류될 수 있었다. 흥미로운 사실은 파밤나방 5령충의 경우 15°C 조건에서 장기간(2개월 이상) 용화를 진행하지 않고 동일 영기를 보이고 있다. 더욱이 15°C 조건에서 48시간 처리 후 상이한 유충 영기들에 대해서 이들 유전자들의 발현량을 비교한 결과, 온도에 비례하여 발현량을 증가시키는 유전자들(cecropin, glycan recognition protein)에서 5령 유충은 3, 4령에 비해 낮은 발현량을 나타내는 것으로 분석되었다. 본 연구 결과들은 15°C 온도 조건이 파밤나방 5령충의 발육을 정지시키는 생리적 발육영점온도로 추정하게 한다.

P097

Molecular Cloning of the Antimicrobial Peptide Cecropin from *Antheraea yamamai*

**Seong-Ryul Kim, Kwang-Ho Choi, Jae-Sam Hwang, Seok-Woo Kang
and Tae-Won Goo**

Department of Agricultural Biology, National Academy of Agricultural Science, RDA

The antimicrobial peptide cecropin was isolated from the larval hemolymph of immune-challenged japanese oak silkworm, *Antheraea yamamai*. The full-length cDNA of *A. yamamai* cecropin (Ay-cecA) was cloned by a combination of RT-PCR and 3' RACE based on N-terminal sequence obtained by Edman degradation. The cloned cDNA consists of 419 nucleotides encoding a 64 amino acid precursor containing a 37-residue mature peptide. Like many insect cecropins, Ay-cecA also harbored a glycine residue for C-terminal amidation at the C-end. To understand this peptide better, we successfully expressed bioactive recombinant Ay-cecA in *E. coli* BL21(DE3) by fusing with ketosteroid isomerase (KSI) to avoid the cell death during induction. The fusion CecA-KSI protein was expressed as inclusion body at high level. Recombinant Ay-cecA was easily released by cleavage of the fusion protein with cyanogen bromide (CNBr), and purified by FPLC chromatography. The purified recombinant Ay-cecA showed considerably antibacterial activity against Gram-negative bacteria, *E. coli* ML 35, *Klebsiella pneumonia* and *Pseudomonas aeruginosa*. The time-kill assay showed that Ay-CecA displayed a time-dependent bactericidal activity, as was also seen after treatment with melittin. our results proved that Ay-cecA can be developed into novel antibacterial agent.

Key words: *Antheraea yamamai*, cecropin, antimicrobial peptide, RT-PCR, cloning, bactericidal activity

P098

Insects Associated with Fungal Propagation in Pine Decay Wood

Hyun Lee, Nu-ri Lee and Young Woon Lim

School of Biological Sciences, Seoul National University

A wide variety of decay fungi inhabit and decompose pine tree, *Pinus densiflora*. There are 54 species of pine associated decay fungi that have been recorded in Korea. In order to investigate how fungal propagation is mediated by insect interaction, we collected decay fungi and insects dwelling inside *P. densiflora* in any part of their life cycles. Majority of the insects living in pine trees were larvae which created gallery as they feed on wood and fungal hyphae. Most of the galleries were infected with fungal hyphae identified as decay fungi: *Trichaptum abietinum*, *Hyphodontia aspera*, and *Cryptoporus volvatus*. As some larvae were difficult to identify morphologically, we performed Cox1 gene sequence analysis. Such process revealed that insect species we collected included many Carabidae. *T. abietinum*, *H. aspera*, and *C. volvatus* were associated with 7 genera (8 species), 2 genera (2 species), and 5 genera (5 species) of entomic specimens respectively.

Key words: Carabidae, decay fungi, fungal propagation, interaction, *Pinus densiflora*

P099

Effects of Temperature on Flight Behavior in Cabbage Butterfly, *Pieris rapae*

Seong-Hyun Kim¹, Namjung Kim¹, Seong-Jin Hong¹, Yong-Bo Lee¹
and Hae-Chul Park¹

¹Department of Agricultural Biology, National Academy of Agricultural Science

The flight behavior of *Pieris rapae* were compared to understand how temperature affects flight behavior. The effects of temperature on insect thermal performance curves are generally poorly understood but significant for understanding responses to insect gardening. Temperature is a physical factor as well as a stimulus for insects behavior. In *Pieris rapae*, we examine the physiological effects of temperature-dependence of flight behavior. At test temperature increased, flight speed typically increased. The maximum flight speed of *P. rapae* at given temperatures show a straight line relationship between 20, 25 and 30°C. Therefore, the effects of test temperature were significant for flight behavior.

Key words: *Pieris rapae*, flight behavior, temperature

Effects of Water Temperature to Behavior Periodicity on Freshwater Snail *Pomacea Canaliculata* (Caenogastropoda: Ampullariidae)

Mi-Jung Bae¹, Tae-Soo Chon² and Young-Seuk Park¹

¹Department of Biology, Kyung Hee University

²Department of Biological Sciences, Pusan National University

Pomacea canaliculata (golden apple snail) as an invasive species in Asia has become a serious agricultural pest, especially in young rice, and makes significant environmental changes resulting from the depletion of macrophytes in natural wetlands. Even though various environmental factors influence to growth rate, reproduction, survival and behavior in apple snail, water temperature is one of the overwhelming effect on freshwater snails in general. In this sense, the objective of this study was to examine the changes of individual behavior in the apple snail according to the temperature changes. The snails were acclimated at 25°C, and 9 behavior categories were examined in each temperature regime (25°C to 30°C, 25°C to 20°C, and 25°C to 15°C) for three days. Autocorrelation function (ACF) was applied to characterize the presence or absence of periodic behaviors in apple snails. The snails' behavior in the treatment of elevated temperature were irregularly fluctuated or decayed in most behavior categories. On the other hands, in decreasing temperature from 25°C to 15°C, the snails were nonstationary, especially in clinging behavior. The snails showed periodicity and some of them were decayed in clinging behavior in temperature changing from 25°C to 20°C.

Key words: *Pomacea canaliculata*, *temperature*, *autocorrelation*, *periodicity*, *movement behavior*

P101

한국 목조 문화재의 흰개미 탐지 및 피해 조사방법

조창욱, 김영희, 김수지, 이정민, 홍진영

국립문화재연구소 보존과학연구실

국내에 주요 목조문화재를 가해하여 보고되어있는 흰개미는 일본흰개미 (*Reticulitermes speratus kyushuensis* Morimoto)로써 현재 지구온난화로 인한 기후 변화로 대한민국 전역에 분포하고 있으며 목조문화재 및 목조건축물에 상당히 많은 피해를 주고 있고 그 피해 정도 또한 심해지는 추세이다. 국립문화재연구소에서 전수조사를 통하여 전국의 주요 국가지정 목조문화재를 대상으로 전수조사를 실시한다. 전수조사를 통하여 피해를 입은 정도 및 흰개미 서식 유무를 확인하여 그에 따른 조치를 취하여 피해예방 및 방제를 위한 노력중이다.

흰개미의 서식 및 피해 여부의 판단은 직접 조사대상을 관찰하고 고무망치 등으로 두드려 속이 비었는지 확인해보는 육안관찰과 삼성 에버랜드 탐지견센터에서 협조를 받아 흰개미 탐지견의 후각을 이용한 흰개미 페로몬 탐지를 하여 과거 흰개미 서식이나 현재 서식하는 흰개미를 찾아내는 탐지 방법과 호주 Termatrac사의 흰개미탐지기(T3i)를 이용하여 흰개미의 서식을 좀 더 정밀하게 조사하였다. 조사대상은 2012년 7~9월 동안 경북안동 지역에 있는 목조 문화재를 대상으로 실시하였다.

검색어: 흰개미, 흰개미탐지견, 흰개미탐지기, 목조문화재

P102

아메리카동애등에(*Hermetia illucens*) 분변토의 비료 효과에 대한 강낭콩(*Phaseolus vulgaris* L.)의 성장해석

최영철¹, 박관호¹, 최한수², 문성경², 이용구³

¹농업과학기술원 곤충산업과, ²(주)에코이엔지, ³잠실여자고등학교

본 연구는 인공 사육 시설에서 부산물로 발생된 아메리카동애등에 분변토의 식물 성장 촉진 효과를 알아보기 위하여 분변토를 서로 다른 농도로 혼합한 토양에서 강낭콩(*Phaseolus vulgaris* L.)을 재배하여 식물성장해석법(Plant Growth Analysis)을 이용하여 평가하였다.

분변토 처리는 엽면적 성장은 6일째부터, 총건중량의 성장은 9일째부터 촉진되었으며, 분변토를 25% 혼합했을 때보다는 50%로 혼합했을 때 효과는 더 큰 것으로 나타났다.

각 처리구 간의 순동화율(NAR)의 변화는 상대성장률(RGR)의 변화와 정상관관계를 보였으며(Correlation: $r=0.89$ $P<0.01$), 상대성장률(RGR)과 엽면적비(LAR) 사이에는 약한 정상관관계(Correlation: $r=0.09$ $p=0.66$)가 나타났다.

따라서 상대성장률(RGR)에 영향을 미치는 두 가지 요소 중, 구조적인 면에서 관계되는 엽면적비(LAR) 값에는 관계가 없으며, 기능적인 측면을 나타내는 순동화율(NAR)의 변화에 영향이 있는 것으로 나타났다.

그러므로 아메리카동애등에 분변토 처리는 식물의 성장에 구조적인 측면에서 영향을 주어 성장을 촉진 하는 것으로 나타났다.

검색어: 아메리카동애등에, 분변토, 식물성장해석, 비료, *Hermetia illucens*, Black Soldier Fly

P103

아메리카동애등에(*Hermetia illucens*)와 동애등에(*Ptecticus tenebrifer*) 미토콘드리아 CO1 유전자의 haplotype 비교

최영철¹, 박관호¹, 최한수², 문성경², 정길상³

¹농업과학기술원 곤충산업과, ²(주)에코이엔지, ³이화여자대학교 에코과학부

아메리카동애등에 (*Hermetia illucens*)와 동애등에 (*Ptecticus tenebrifer*)는 파리목 동애등에과 (Family Stratiomyidae)에 속하는 곤충이다. 두종의 유충은 유기물의 분해에 탁월한 능력을 가지고 있어서 환경 곤충으로 많은 주목을 받고 있다.

이 두 종의 미토콘드리아 CO1 유전자의 haplotype의 다양성을 비교한 결과 도입종인 아메리카동애등에의 haplotype은 10개로 매우 낮은 반면, 동애등에의 haplotype은 약 30개로 매우 높았다.

이러한 이유는 아메리카동애등에는 미국 원산으로 1990년대 말에 한국에서 도입되었으며, 도입 과정 중 유전적 병목현상 (genetic bottleneck)을 겪은 것으로 생각된다.

반면 동애등에는 국내 토착종으로서 국내 생태조건에 적응하여 진화한 결과로 외국에서 유입된 종 보다 매우 다양한 haplotype을 가지고 있는 것으로 생각된다.

검색어: *Hermetia illucens*, *Ptecticus tenebrifer*, CO1 haplotype, genetic bottleneck, invasive species

P104

아메리카동애등에(*Hermetia illucens*) 대량 사육시설 보급에 대한 생태계 위해성 평가

최영철¹, 박관호¹, 최한수², 문성경², 조광인²

¹농업과학기술원 곤충산업과, ²(주)에코이엔지

아메리카동애등에(*Hermetia illucens*)는 대표적인 환경정화곤충으로, 본 연구는 대량 사육 시설 보급으로 인하여 발생할 가능성이 있는 생태계 위해성에 대한 영향 예측 및 저감방안 수립에 대한 다양한 연구를 수행하였다.

아메리카동애등에는 우리나라 전역에 분포하고 있었으며, 국내 토착종인 동애등에 (*Ptecticus tenebriifer*)와 생태적지위(Ecological Niche)의 중첩도가 매우 높은 종이며, 기타 파리류와 야생상태에서 산란지 및 서식지를 경쟁하는 관계로 조사되었다.

구기(mouth part)는 흡취형(sponge type)으로 수분을 쉽게 섭취하기 구조이며, 소화기관은 퇴화되어 병원균을 매개할 가능성이 매우 낮다.

부산물로 발생하는 분변토는 다량의 질산성질소가 포함되어 있어 방치할 경우 하천에 유입되어 하천생태계에 영향을 줄 것으로 예측되었지만 식물의 성장을 촉진 시키는 것으로 분석되었다.

생태적 지위가 중첩되는 종이 많으며, 야생상태에서 거미류 및 조류 등의 천적이 존재하며, 인간에게는 피해를 주기 않는 것으로 조사되었다.

대량 사육시 부산물로 발생하는 번데기 및 분변토는 다양한 용도로 대량 소비가 가능하기 때문에 대량 사육이 생태계에 큰 위해를 주는 요소는 없는 것으로 조사되었다.

검색어: 아메리카동애등에, 생태계 위해성, *Hermetia illucens*

P105

The Effect on Growth Performance of Chicken Meat in Broiler Chicks by Dietary Supplementation of Black Soldier Fly Larvae, *Hermetia illucens*(Diptera: Stratmyidae)

Young-Cheol Choi¹, Kwan-Ho Park¹, Sung-Hee Nam¹, Byoung-Gui Jang²,
Ji-Hyuk Kim², Dong-Wook Kim² and Dong-Jo Yu²

¹National Academy of Agricultural Science, RDA

²National Institute of Animal Science, RDA

This experiment was conducted to investigate the effect of dietary supplementation of the Black Soldier Fly(BSF) larvae on growth performance, carcass rate, and fatty acid profile of chicken meat in broiler chicks. Four hundred eighty 1-d-old broilers(Ross 308) were distributed into 3 treatments with 4 pens at 30 birds per replicate. Treatments were corn-soybean meal based broiler diet (control) and the basal diet replaced with BSF at the level of 3 and 6% respectively. Viability was not different significantly. Body weight gain was higher in control than other treatments. Feed intake was not statistically different of treatments. Feed conversion ratio was lower in ontrol than other treatments. Relative weight of breast meat was significantly increased in all treated groups than in control. But, another relative weights of chicken meat cuts (thigh, wing, neck, back) were not significantly different among the groups. In conclusion, it could be suggested that dietary supplementation of Black Soldier Fly larvae could beneficially improved the performance on broiler.

Key words: Black Soldier Fly(BSF), *Hermetia illucens*, Organic wastes

Taxonomy of the Genus *Pristomerus* (Ichneumonidae: Cremastinae) with Descriptions of Three New Species from Korea

Jin-Kyung Choi¹, Jong-Chul Jeong², Jin-Yeol Cha³ and Jong-Wook Lee¹

¹Department of Life Sciences, Yeungnam University

²National Park Research Institute, Korea National Park

³Korea National Park Service

The genus *Pristomerus* Curtis, 1836 is one of among 36 genera belonging to the subfamily Cremastinae. This genus is a large genus with 100 worldwide species distributed (Yu et al., 2012). Also, from this genus have been reported 15 species in Eastern Palearctic, eight species from China, seven species from Japan and three species from Korea.

Subfamily Cremastinae is known as koinobiont endoparasitoids of solitary larval-pupa mostly Lepidoptera and Coleoptera (Fitton & Gauld 1980). Spectrum of host species of *Pristomerus* include various small Lepidoptera living in tunnels, leaf rolls, buds and other hidden areas (Rousse et al., 2011).

Genus *Pristomerus* can be easily distinguished from other genera by the following characters: hind femur with ventral tooth; deep gastrocoelus on tergite II. Three species from this genus, *Pristomerus chinensis* Ashmead, 1906, *P. erythrothoracis* Uchida, 1933, and *P. vulnerator* (Panzer, 1799), have been reported from Korea previously.

In this study we report three newly recorded species, *Pristomerus rufiabdomenalis* Uchida, 1928, *P. parilis* Kusigemati, 1984, *P. kendarensis* Kusigemati, 1984, and described three new species. Here we provide the descriptions and photographs of six species of genus *Pristomerus*, and species key.

Key words: new species, *Pristomerus rufiabdomenalis*, *P. parilis*, *P. kendarensis*, taxonomy

First Record of Subfamily Lycorininae (Hymenoptera: Ichneumonidae) from Korea

Jin-Kyung Choi¹, Jong-Chul Jeong², Jin-Yeol Cha³ and Jong-Wook Lee¹

¹Department of Life Sciences, Yeungnam University

²National Park Research Institute, Korea National Park

³Korea National Park Service

The subfamily Lycorininae Cushman & Rohwer, 1920 is a small group with a single genus, *Lycorina*. This subfamily can be easily distinguished from other ichneumonids subfamilies by the following characters: impressed triangular pattern on the metasomal tergites, tergite 2-4 with convex central triangular area; hypopygium of female large and triangular in lateral view, centrally membranous and with small median apical notch. Genus *Lycorina* is a cosmopolitan genus with 30 described species (Yu et al., 2012). Also, from this genus have been reported five species in Eastern Palaearctic region, six species from China, two species from Japan and one species for the first time from Korea.

The focal host range appears to be weakly concealed larva of micro-lepidopteran species. Some species have been reared from Crambidae in leaf-rolls or webs (Doerksen & Neunzig, 1974; Finlayson, 1976) and Tortricidae (Chao, 1980; Shaw, 2004).

In this study we report one newly recorded to Korea species, *Lycorina triangulifera* Holmgren, 1859 and provide the diagnosis and photographs.

Key words: Ichneumonidae, *Lycorina triangulifera*, Lycorininae, newly recorded species

P108

Projection of Distribution and Abundance of Korean ants based on Climate Warming

Tae-Sung Kwon, Cheol Min Lee and Jung-Hwa Chon

Division of Forest Ecology, Korea Forest Research Institute, 57 Hoegi-ro, Dongdaemun-gu, Seoul 130-712, Republic of Korea

Distributions of ants are mainly dependent on temperature. Hence, global warming would lead to shifts of distribution and abundance in ants. We surveyed ants at 366 forest sampling sites in South Korea using pitfall traps to predict change of ant abundance. Abundances of ant species were projected on the projected temperature based on A1B climate scenario. Common species (> 10 % occurrence) were analyzed on the relationship between abundance and temperature, and 16 species of the common species were selected for projection of abundance owing to future climate warming. Abundance of the selected species were projected on 900 m² grid cells in 2011 and 2060 using GIS tool. In the projection, 11 species are predicted to decrease in 2060, whereas 5 species are predicted to increase. *Myrmica kotokui*, a most dominant highland species is expected to decrease up to 2.5% of current abundance in 2060, whereas *Pachycondyla chinensis* is expected to increase up to 264%. This abrupt change of ants would lead to cascade effects on other organisms such as insects, plants, mushrooms, and birds, which would disturb various functions and services of forest ecosystems.

Key words: Ant, distribution, abundance, climate change, global warming

군사훈련장에서의 북방계 초지성 나비의 번성

이철민¹, 권태성¹, 김성수²

¹국립산림과학원 산림생태연구과, ²동아시아환경생물연구소

한국은 분단된 현실로 인하여 휴전선 접경지역에는 많은 군사훈련장이 있다. 이들 군사훈련장은 남한에서는 가장 기온이 낮고, 초지가 발달되어 있기 때문에, 최근 기후변화와 식생변화로 인해 밀도가 급격히 감소하고 있는 북방계 초지성 나비에게는 좋은 서식처가 될 것이다. 이러한 가설을 검증하기 위해서 군사훈련장과 그 주변의 산지의 나비를 2008년부터 2011년 4월부터 10월까지 매월 일회씩 선조사 방법으로 조사하였다. 조사결과 총 97종 2,339개체의 나비가 관찰되었다. 군사훈련장(82종 1,956개체)이 산지(62종 383개체)보다 종수와 개체수 모두 높았다. 우점종을 비교한 결과, 군사훈련장은 노랑나비, 암떡부전나비, 애물결나비였지만, 산지는 줄흰나비, 줄꼬마팔랑나비, 떡그늘나비로 종구성이 전혀 달랐다. 군사훈련장에서는 국내에 다른 지역에서 보기 힘든 북방계 초지종인 북방기생나비, 산은점선표범나비, 담색어리표범나비, 개마별박이세줄나비 등을 많이 관찰할 수 있었다. 따라서, 휴전선 접경지역의 군사훈련장은 북방계 초지성 나비가 서식할 수 있는 환경 조건을 제공하는 것으로 판단된다.

검색어: 군사훈련장, 나비군집, 북방계 초지종, 한국

P110

Community Structure, and Species Diversity of Insects (Ants, Ground Beetles) in an Urban Forest of Seoul

Cheol Min Lee and Tae-Sung Kwon

Division of Forest Ecology, Korea Forest Research Institute, Seoul 130-712, Republic of Korea

The present study is aimed to evaluate forest health in a fragmented urban forest using insects which are rarely used for evaluation of forest health. It is supposed that forest would be health if insect community in an urban forest is similar to that in healthy forests. Ants (Formicidae) and ground beetles (Carabidae) surveyed by pitfall trap method in the Hongneung forest located in the urban area of Seoul were compared with those in the Gwangneung forest. The Gwangneung forest is supposed to be health due to its high biodiversity and well-conserved nature. Ants of the Hongneung forest was much more abundant compared with those of the Gwangneung forest. However, ground beetles showed the opposite patterns; much more abundant in the Gwangneung forest than in the Hongneung forest. Species richness was higher in the Gwangneung forest than in the Hongneung forest, but species diversity was higher in the Hongneung forest. This dominance decreased species diversity in the Gwangneung forest. Thus, characteristics of insect community in the Hongneung forest were greatly different with that in the Gwangneung forest. This great difference of insect communities between the target and reference sites may indicate whether the Hongneung forest would not be health according to the working hypothesis, or may indicate simply the characteristic of the fragmented urban forest. In order to determine the significant decision, the repetitive studies are needed on this regard.

Key words: Formicidae, Carabidae, Hongneung forest, Gwangneung forest, forest health

P111

AsiaLeps, a Newsletter for Asian Heterocera Systematists Launched!

조수원¹, 박규택²

¹충북대학교 식물학과, ²한국과학기술한림원

AsiaLeps 뉴스레터가 아시아지역 나방 분류를 연구하는 학자들을 위해 시작되었다. 뉴스레터는 앞으로 1월과 7월, 연 2회 출간될 것이며, 연구자들의 다양한 소식을 전하고 이를 통해 교류의 활성화를 꾀하고자 한다. 뉴스레터편집진으로는 국내에 박규택, 조수원, 배양섭 교수를 비롯하여, Dr. Li, Houhun (중국), Dr. Min Wang (중국), Dr. Shen-Horn Yen (대만), Dr. Toshiya Hirowatari (일본), Dr. Margarita G. Ponomarenko (러시아) 등, 해외 저명한 학자들로 구성되어 있으며, 2013년 1월말에 제1권 1호가 pdf 파일로 출간되었고, 현재 90명의 가입자와 1,000편이 넘는 문헌리스트가 등록, 제공되어있다. 앞으로 나방의 분류를 전공하는 학생을 비롯한 많은 학자들이 가입하여 활용함으로써 아시아 지역 나방의 분류학적 연구와 교류를 위한 가교 역할을 담당하고자 한다. 무료가입 및 소식 제공은 chosoowon@gmail.com으로 문의하면 된다.

검색어: 아시아, 나비목, 나방, 곤충분류학, 소식지, newsletter, Heterocera, systematics

First Record of Genus *Olibrus* (Coleoptera: Phalacridae) from Korea

Mi Jin Lee¹, Jinyoung Park² and Jong Eun Lee¹

¹Department of Biological Science, Andong National University

²Department of Ecological Science, Kyungpook National University

Olibrus Erichson, 1845 and *Olibrus particeps* Mulsant & Rey, 1861 (Coleoptera: Cucujoidea: Phalacridae) are reported from Korea for the first time and historical review of the taxonomic position of this genus is provided.

The genus *Olibrus* Erichson is one of the common phalacrid beetles being widely distributed throughout the world. This genus is easily distinguished from other phalacrid genera by combination of the following characters: Antennae inserted at sides of front, base visible from above; Last segment of antenna softly indented; Basal metatarsomere shorter than second; Elytral surface very polished.

O. particeps was found in Andong-si and Yeongju-si, Gyeongsangbuk-do of Korea, bringing the number of species within the Korean Phalacridae to 2 species. In this study, we provide a redescription of *O. particeps* Mulsant & Rey, and illustrations of its genitals and other appendages.

Key words: First record, Phalacridae, *Olibrus*, *Olibrus particeps*, Korea

하천의 인공구조물이 저서성대형무척추동물의 군집구조 및 군집안정성에 미치는 영향

이미진¹, 권혁영¹, 박진영², 서울원¹, 이종은¹

¹안동대학교 생명과학과, ²경북대학교 생태과학과

군위댐 건설이 하천 상하류의 저서성대형무척추동물 군집구조에 미치는 영향을 파악하기 위하여, 댐 건설 공사 기간인 2006년부터 완공 이후인 2012년까지 7년간 댐 조성지의 상류와 하류 각 2개 지점에서 저서성대형무척추동물 군집을 조사하였다.

군위댐 조성 완료 이후, 조성지의 하류 수계는 정수역으로 변화됨과 동시에 유량이 증가하였으며, 공사 이전에는 서식하지 않았던 *Parafossarulus manchouricus*, *Caridina denticulata* 등의 호정수성 종들이 유입되기 시작하였다. 이와 동시에 유수역에 주로 서식하는 *Baetiella tuberculata*, *Neoperla coreensis* 등의 종들은 줄어들면서 후반기 공사 시점인 2009년부터 종수와 개체수가 꾸준히 감소하는 경향을 보였다. 또한, 공사 후반부로 접어들수록 상류수계와 하류수계에 공통으로 서식하는 종의 수가 2007년 52종에서 2012년 26종으로 점차 감소하는 것으로 나타났다.

저항력과 회복력에 의한 군집안정성은 상류수계에서는 공사 진행 기간 동안에는 큰 변화를 보이지 않았으나, 공사 완료 이후부터 저항력과 회복력이 낮은 Group III에 속하는 종(*Muljarus japonicus*, *Nemoura tau*, *Amphinemura coreana* etc.)의 출현이 조금씩 증가하였다. 하류수계에서는 공사 시행 초반부터 공사 완료 이후까지 Group III에 속하는 종(*Laccotrephes japonensis*, *Rhyacophila brevicephala*, *Perlodes stigmata* etc.)이 꾸준히 감소하는 경향을 보였다.

검색어: 인공구조물, 군위댐, 저서성대형무척추동물, 군집안정성

백운산일대의 고도별 곤충군집 모니터링

신영민¹, 노승진¹, 신새별¹, 전준형¹, 김일권², 변봉규¹

¹한남대학교 생명시스템학과

²국립수목원 산림생물조사과

본 연구는 우리나라 남부지방의 대표적인 산림지역 중 하나인 전남 광양 백운산 일대를 중심으로 산림생태계내에서 기후변화에 따른 곤충종의 분포상 모니터링을 실시하였다. 이를 위해 백운산의 고도별 곤충상의 조사는 300, 600, 900m 고도에서 조사지점을 선정하고 버킷식유아등트랩과 핏폴트랩을 이용하여 정량채집을 실시하였다. 조사기간은 곤충류가 출현하기 시작하는 5월부터 9월까지 2개월 간격으로 총 3회의 채집조사를 실시하였다. 조사결과는 다음과 같다.

첫째, 버킷식유아등 조사결과 5월부터 9월까지 조사된 곤충류는 대부분 야행성인 나방류였다. 금번에 분포가 확인된 나방류 곤충들은 17과 241종에 이르는 비교적 다양한 분류군이 채집조사되어 이들의 분석을 통해 군집구조 등 기본적인 정보를 분석하는데 중요한 판단된다. 둘째, 핏폴트랩을 이용한 보행성 딱정벌레류의 조사결과 17종 396개체는 대부분 딱정벌레목의 딱정벌레과(Carabidae)에 속하는 종들이었다. 전체조사기간 중 최우점종은 폭탄먼지벌레였으며, 단 1개체만이 조사된 종은 끝무늬먼지벌레, 동양길쭉먼지벌레, 멧무늬먼지벌레, 쌍무늬먼지벌레 등 4종이었다. 셋째, 금번에 조사된 곤충류 중 기후변화취약곤충류는 반달누에나방을 비롯하여 총 8종의 분포가 확인되었다.

검색어: 산림곤충, 기후변화 지표종, 모니터링, 백운산

P115

벌채 유형에 따른 산림곤충 군집의 비교 분석

전준형, 노승진, 최하용, 신셋별, 신영민, 김범수, 변봉규

한남대학교 생명시스템학과

산림사업 중 벌채 후 산림곤충군집의 변화양상을 모니터링하기 위해 실시하였다. 조사대상지는 경상북도 봉화군 석포면 승부리 비룡산 일대의 신갈나무림으로서 벌채유형에 따른 산림곤충 군집의 비교 분석을 위하여 다양한 채집조사방법을 동원하여 실시하였다. 조사목적상 벌채유형별로 지표성 곤충류, 천공성 곤충류 및 야행성 곤충류를 정량채집법으로 조사하였으며 2012년 6월~8월까지 1개월 간격으로 총 3회의 채집조사를 실시하였다.

지표성 곤충류의 조사결과 지표성 딱정벌레류 9종 42개체로 확인되었으며 조사시기별로는 산생잔존벌의 경우 6월보다는 8월에 종다양도가 증가되었으며 벌채유형별로는 산생잔존벌 15%에서의 종다양도가 높게 나타났다. 천공성 곤충류의 조사결과 5과 58종으로 확인되었고 벌채유형별로는 산생잔존벌 15%에서의 종다양도가 높은 것으로 조사되었다. 야행성 곤충류의 조사결과 6월에 70종 190개체, 8월에 250종 1,493개체가 채집조사되어 총 282종 1,683개체가 조사되었다. 금번 조사에서는 야행성 곤충류의 경우 벌채임지별로 뚜렷한 경향을 보이지는 않았으나 추후 당해지역의 분포양상 변화 및 계절별 출현종에 대한 비교연구를 위한 기초자료로 활용될 것으로 기대된다.

검색어: 종다양성, 생태적 관리, 동정, 곤충, 생목잔존벌

P116

주요 인시목 산림해충의 DNA바코드를 이용한 예찰 기법 연구

노승진¹, 정성은¹, 변봉규¹, 고상현², 이봉우³

¹한남대학교 생명시스템학과

²국립산림과학원 산림병해충연구과

³국립수목원 산림생물조사과

최근 일련의 기후변화 등 환경변화에 따라 산림해충의 돌발발생 가능성이 높아지고 있어 신속한 진단 및 방제조치 등이 산림보호에 중요한 핵심과제로 떠오르고 있다. 그러나 실제 예찰조사 현장에서 발견되는 해충은 대부분이 유충으로 외부형태적 분류·동정이 거의 불가능한 경우가 대부분이다.

따라서 본 연구는 산림의 주요 인시목해충에 대한 표본의 확보 후 정확한 형태적 분류·동정을 실시한 후 이에 대한 DNA바코드작성 및 결과분석을하는 것은 매우 중요하다. 이를 통해 DNA바코드 데이터를 이용하여 신속정확한 해충 진단에 적용코자 하는 것이 목적이다. 본 연구에서는 주요 산림해충중 중 가장 발생빈도가 높은 분류군을 선정하여 연차적으로 확대 추진하고 있다.

검색어: 산림해충, 예찰, 동정, 인시목, DNA바코드

P117

자나방류(나비목)의 분류·동정을 통한 DNA바코드 작성

노승진, 정성은, 박희윤, 백아론, 최하용, 변봉규

한남대학교 생명시스템학과

본 연구는 DNA바코드를 이용하여 자나방류의 정확한 동정을 위해 수행되었다. 이를 위해 전국 주요 산림지역 12개소에 대한 채집조사를 실시하여 자나방류 등 총 293종 1,997개체를 확보하였고 외부형태 및 생식기 검경을 통해 정확한 분류 동정을 실시하였다. 또한 분류·동정자료의 보안을 위해 한남대학교 자연사박물관 50종, 국립산림과학원 51종, 국립농업과학원 35종 등의 대조표본 검경을 수행하였다.

DNA바코드 작성용 연구 재료에서 약 25 mg의 조직 (뒷다리 1개 기준)을 핀셋으로 각각 적출한 후 universal primer를 이용하여 PCR과정을 실시하였다. 이 과정을 통해 확보된 mt COI DNA 시료를 증폭시킨 후 전기영동을 실시하여 확인한 결과 자나방류 mt COI DNA로 예상되는 약 648 bp 크기의 DNA fragment가 다량 확보되었고 총 190종의 COI DNA 바코딩을 완료하였다. 본 연구 결과를 종합하여 DNA 바코드 정보, 외부형태, 생태특성 및 출현시기 등에 대한 정보가 수록된 자나방류 산림해충 진단정보 Data Sheet를 작성하였다.

검색어: 산림해충, 예찰, 동정, 인시목, DNA바코드, 자나방류

국립백두대간수목원 조성예정지 일대 곤충상 조사

신셋별¹, 변봉규¹, 이종은², 이봉우³, 이미진², 강승호²

¹한남대학교 생명시스템학과

²안동대학교 생명과학과

³국립수목원 산림생물조사과

국립수목원 조성예정지인 경북 봉화군 서벽리 및 충남 세종시 일대의 곤충상을 조사하고 이들에 대한 증거표본을 확보하여 향후 이 지역에서의 곤충상변화 연구를 위한 기초자료를 확보하고, 산림곤충자원의 확보차원에 수행되었다. 특히 금번 조사 지역은 생물다양성 연구 및 보전측면에서 매우 중요한 지역이며 향후 기후변화와 관련한 취약종의 조사 및 분포역의 변화 등과 같은 관련연구를 위해 기초자료가 절실히 요구되는 지역이라 할 수 있다.

이와 같은 연구목적을 달성하기 위해 5~8월간 조사를 실시하였고 이에 따른 곤충표본을 수집하여 표본을 제작하고 분류동정하였다. 조사를 통해 총 491종 4,239점의 표본을 확보하였다. 조사를 통해 확인된 딱정벌레목의 주요 우점종은 버들잎벌레(*Chrysomela vigintipunctata*), 아우점종은 흙쪽잎벌레(*Psylliodes attenuatus*)로 나타났다. 이외에 고유종 2종, 국외반출승인대상종 10종과 외래 동물종 3종이 각각 채집되었다. 또한 나비목의 주요 우점종은 검은점뽕족명나방(*Endotricha loivaceali*)이 222개체로 가장 많은 개체수가 채집되었고, 넓은띠담흑수염나방(*Hydrillodes morosa*)이 97개체, 줄보라집명나방(*Craneophora ficki*)이 86개체가 채집되어 아우점종으로 나타났다. 이외에 한국미기록종인 *Ypsolopha amoenellus*가 처음으로 채집되는 성과를 얻었다.

검색어: 산림곤충, 곤충상, 우점종, 표본수집, 미기록종

Cambodian Species of the Family Arctiidae (Lepidoptera, Noctuoidea): Part II

Bayarsaikhan Ulzijargal, Young-Don Ju, Xuanvi Le,
Chea Nareth¹ and Yang-Seop Bae

Division of Life sciences, Incheon National University, Korea

¹Wildlife Protection Office, Cambodia

The family Arctiidae belonging to superfamily Noctuoidea, it was divided into three subfamilies: Lithosiinae, Arctiinae, and Syntominiinae (Kitching and Rawlins, 1999; Conner, 2009). The family include 11,155 species of 750 genera worldwide (Heppner, 2005). About 6000 species distribute in the Neotropics but the family is represented in all the main zoogeographical regions (Scoble, 1992).

Taxonomic study of the Arctiidae in Cambodia has been done by a few foreign entomologists. As the results of this study, about 90 species of 40 genera belonging to Arctiidae were recorded from Cambodia, most of them are recorded for the first time in Cambodia. 21 species are briefly redescribed in this study such as: *Nyctemera coleta* (Boisduval, 1832), *Brunia antica* (Walker, 1854), *Darantasia cuneiplena* (Walker, 1859), *Eilema longpala* (Holloway, 2001), *Cabarda sequens* (Walker, 1862), *Lyclene lutara* (Moore, 1859), *Teulisna steineri* (Holloway, 2001), *Cyana obliquilineata* (Hampson, 1900), and *Cyana quadrinotata* (Walker, 1897), etc.

Key words: Lepidoptera, Arctiidae, Cambodia, Taxonomic

호소 유형별 저서성대형무척추동물과 영양염류의 상관성 분석

권혁영¹, 이미진¹, 박진영², 이해진³, 이종은¹

¹안동대학교 생명과학과, ²경북대학교 생태과학과,
³국립환경과학원 낙동강물환경연구소

자연형 습지와 인공저수지, 댐호에서의 저서성대형무척추동물과 수체 내 영양염류(TN, TP, NH₃-N, NO₃-N, PO₄-P)의 상관관계를 분석하였다. 자연형 습지(정양늪, 질날늪, 박실지), 인공저수지(번개늪, 장척호, 풍락지), 그리고 댐호(경천호, 운문호, 진양호)의 각 1~3개의 대표지점에서 연 2회 조사를 실시하였다.

자연형 습지의 3개 호소에서 총 78종, 인공 저수지에서 총 50종, 인공 댐호에서 총 38종의 저서성대형무척추동물이 출현하였다. 영양염류 항목 중 TN은 자연형 습지(1.486), 댐호(1.380), 인공저수지(1.084), TP는 자연형 습지(0.073), 인공저수지(0.066), 댐호(0.024)의 순으로 높은 평균값을 나타냈다. 저서성대형무척추동물과 영양염류 항목의 상관성 분석 결과, 저서성대형무척추동물 중 곤충류의 종수는 자연형 습지에서 TN($R=0.928$, $p=0.008$) 및 NO₃-N($R=0.918$, $p=0.010$)과 양의 상관관계를 보였으며, 댐호에서는 TP가 $R=0.911$, $p=0.012$ 로 양의 상관관계를 나타내었다. 인공 저수지에서는 비곤충류의 개체수와 TP가 $R=0.903$, $p=0.014$ 로 양의 상관관계를 보이는 것으로 나타났다.

검색어: 자연형 습지, 인공저수지, 댐호, 저서성대형무척추동물, 영양염류

P121

한국산 민가는나방아과 굴굴나방아과(나비목, 가는나방과)의 3종 관찰

김민선¹, 안능호², 배양섭¹

¹인천대학교 생명과학과, ²국립생물자원관

한국산 가는나방과는 가는나방아과, 민가는나방아과, 굴굴나방아과를 포함하며, 국내에 각각 17종, 28종, 1종이 기록되어 총 46종이 있다. 그러나 지리적으로 가까운 일본의 경우 2011년 기준으로 가는나방과 79종, 민가는나방아과 144종, 굴굴나방아과 15종이 각각 확인되어 있어, 향후 국내에도 가는나방과의 종이 추가적으로 기록이 될 가능성이 높을 것으로 판단, 본 연구를 진행한 결과 울산시 울주군 고현산 일대에서 가는나방과에 속하는 3종을 확인하였다. 유충에 의해 식해된 식물을 채집하여 실내 사육한 결과 가는나방아과의 붉나무가는나방(*Acrocercops deversa* Meyrick), 굴피가는나방(*Acrocercops transecta* Meyrick)이 확인되었고, 야간 등화 채집을 통하여 굴굴나방아과에 속하는 미기록 1종(*Phyllocnistis toparcha* Meyrick)이 확인되었다. 현재까지 국내에 분포하는 굴굴나방아과에는 굴굴나방(*Phyllocnistis citrella* Stainton) 1종만이 알려져 있었다. 본래 굴굴나방아과는 독립적인 굴굴나방과였으나, Van Nieukerken et al. (2011) 이 새롭게 정리한 나비목 분류체계에 의하여 굴굴나방아과로 가는나방과에 포함되었다.

검색어: 가는나방과(Gracillariidae), 민가는나방아과(Gracillariinae), 굴굴나방아과(Phyllocnistinae), 붉나무가는나방(*Acrocercops deversa*), 굴피가는나방(*Acrocercops transecta*), 굴굴나방(*Phyllocnistis citrella*), *Phyllocnistis toparcha*

Coleophoridae (Lepidoptera) Collected from Is. Yeonpyeong and Is. Baengnyeong in the West Sea, with Three Unrecorded Species from Korea

**Minyoung Kim^{1,2}, Kyu-Tek Park³, Heung-Sik Lee¹,
Bong-Woo Lee⁴ and Seunghwan Lee²**

¹Animal and Plant Quarantine Agency, Korea

²Department of Agricultural Bio-Technology, Seoul National University, Korea

³The Korean Academy of Science and Technology, Korea

⁴Division of Forest Biodiversity, Korea National Arboretum, Korea

In a faunistic survey for the family Coleophoridae (Lepidoptera: Gelechioidea) on Is. Yeonpyeong and Is. Baengnyeong in 2010 and 2006, respectively, eleven species of *Coleophora* were recognized. Among them, three species; *Coleophora adjunctella* Hodgkinson, *C. chenopodii* Oku, and *C. kurokoi* Oku are reported for the first time from Korea. For the newly recorded species, taxonomical remarks and illustration of adults and genitalia are given.

Key words: Is. Yeonpyeong, Is. Baengnyeong, new record, *Coleophora*, Coleophoridae, Lepidoptera

남한강 중하류의 저서성대형무척추동물상에 관한 연구

김재원, 주영돈, 치무지에, 박보선, 이희조, 김민선, 나솔문, 배양섭

인천대학교 생명과학기술대학 생명과학과

남한강은 서울을 비롯한 수도권의 수원지로서 수질과 환경에 대한 관심이 높은 지역이다. 최근 국가사업으로 수행된 4대강 공사는 하천구조에 많은 변화를 가져왔고 이에 대해 생태환경적으로 많은 의견과 우려를 낳고 있기도 하다. 따라서 수환경의 지표생물로 가치가 높은 저서성대형무척추동물상의 조사를 통해 서식 양상과 변화를 확인한다면 현재 남한강 지역의 생태환경 분석에 간접적인 지표가 될 것이라 판단하여 본 조사를 수행하였다.

경기도 여주부터 북한강과 만나는 지점까지 남한강 구간에 총 12개의 조사지점을 선정하고 2012년 분기별로 1회씩 조사를 수행하였다. 조사방법으로는 Surber-net(30cm×30cm), scoop-net 등의 Collector를 이용하여 정성채집을 실시한 다음, 1mm 체로 선별된 시료는 현장에서 70% 알콜 용액에 고정하였다.

조사결과 총 3문 19목 56과 101종이 확인되었다. 조사시기별로는 1/4분기 34과 51종이 조사되었고, 2/4분기 38과 57종, 3/4분기 35과 49종, 4/4분기 37과 53종이 확인되었다.

검색어: 남한강, 저서성대형무척추동물, 종다양성

P124

Proliferation and Excretion of *Bartonella quintana* in Body and Head Lice Following Oral Challenge

**Ju Hyeon Kim¹, Domenic J. Previte², Kyong Sup Yoon², John M. Clark²
and Si Hyeock Lee¹**

¹Department of Agricultural Biotechnology, Seoul National University

²Department of Veterinary and Animal Science, University of Massachusetts

The body and head lice (*Pediculus humanus humanus* and *Pediculus humanus capitis*, respectively) are hematophagous ectoparasites of humans and only the body louse between two is known to transmit three bacterial diseases through its feces. The proliferation profiles of *Bartonella quintana*, the causative agent of trench fever, inside the louse body and its excretion patterns were investigated in the two louse subspecies following oral challenge with *B. quintana*-infected blood meal. The initial density of *B. quintana* was sustained inside head lice without any noticeable proliferation for the entire period after infection. In contrast, *B. quintana* proliferated rapidly inside body lice and the maximum density reached at 10 days post-infection. The numbers of bacteria detected in feces from infected lice were almost the same and steadily decreased over time in both body and head lice. Nevertheless, the viability of the bacteria, as determined by fluorescence, was significantly higher in body louse feces, especially at 1 day post-infection and this tendency lasted for 11 days. These findings suggest that excretion of feces containing more viable *B. quintana* that is proliferated inside body lice following ingestion of infected blood meal is responsible for the higher vector competence of body lice.

Key words: *Pediculus humanus humanus*, *Pediculus humanus capitis*, Human lice, *Bartonella quintana*, Vector competence

DNA Barcoding of Blueberry Gall Midge *Dasineura oxycoccana* (Diptera: Cecidomyiidae)

**Hyojoong Kim¹, Sangwook Park², Taek-Jun Kang³, Sejin Kim³,
Heung-Sik Lee⁴ and Ki-Jeong Hong⁵**

¹Department of Biology, Kunsan National University, Gunsan, 573-701

²Department of Agricultural Biotechnology, Seoul National University, Seoul, 151-921

³National Institute of Horticultural and Herbal Science, Rural Development Administration,
Suwon, 441-440

⁴Plant Quarantine Technology Center, Animal, Plant and Fisheries Quarantine and Inspection
Agency, Suwon 443-400

⁵Department of Plant Medicine, Sunchon National University, Suncheon, 540-950

The blueberry gall midge, *Dasineura oxycoccana* (Johnson), was recently invaded into Korea, which causes serious damage to blueberries. In the blueberry production regions, the gall midge affects most blueberry varieties, *Vaccinium* spp., such as rabbiteye and highbush blueberries, causing substantial yield loss by damaging flower and leaf buds. Last year we investigated and collected the midges in the blueberry farms from Korea and USA (New Jersey and Georgia). To confirm inter- and intra-specific variations of *D. oxycoccana*, we tested COI DNA barcode using 180 collective individuals plus 37 GenBank references including other *Dasineura* species. As results, we found the same haplotype from 126 individuals in Korea, USA, and Canada. Most of the remaining haplotypes were closely related to the former, whereas there were 7 unique haplotypes genetically very distant from the major haplotype. Especially, the two haplotypes in Cheonan, Korea, were genetically farthest from the major, and the existence of two different species in New Jersey and Sunchang were confirmed. We would present haplotype diversity and geographic relationships of *D. oxycoccana*.

Key words: barcode, blueberry, *Dasineura*, introduction, invasive pest

영흥도내 영흥화력발전소 주변지역의 육상곤충상

나솔문, 주영돈, 박보선, 김민선, 김재원, 배양섭

인천대학교 생명과학기술대학 생명과학과

영흥도는 인천광역시 옹진군 영흥면에 위치한 면적 23.46km²의 섬이다. 영흥면 외 일 일원에 소재한 영흥화력발전소는 2004년 1호기 건설을 시작하여 2009년에 3, 4호기의 건설이 완료되었으며 2014년에 추가로 5, 6호기의 발전소가 증설될 예정이다. 본 연구는 영흥도와 인근 지역인 선재도와 대부도의 육상곤충상을 조사하여 발전소 인근지역의 생태환경에 미치는 영향과 변동을 파악하기 위하여 본 조사를 수행하였다.

계절별로 실시한 2차례 조사는 2012년 5월, 7월에 수행하였으며 조사지점은 영흥도의 6지점, 선재도의 1지점과 대부도의 1지점의 조사를 실시하였다. 육상곤충류의 조사는 주로 포충망을 이용한 쓸어잡기(Sweeping), 채어잡기(Brandishing), 털어잡기(Beating), Scooping 등의 방법으로 채집하였다. 총 2차례 조사수행결과 동정된 육상곤충 12목 80과 251종을 조사되었으며, 2011년 조사결과와 비교하여 출현구성종의 미약한 변화와 함께 출현 종수에 있어서는 14종 감소한 것으로 나타났다. 구성종 대부분은 전국 내륙지방에서 일반적으로 흔히 관찰되는 평지초원성 곤충류가 대부분이었으며 환경부지정 멸종위기야생동물 또는 문화재청지정 천연기념물 등 법적보호종은 확인되지 않았다. 조사된 분류군들의 군집구조를 살펴보면, 나비목이 67종으로 구성비가 가장 높았고, 그 외 노린재목 37종, 파리목 36종, 딱정벌레목 32종, 벌목 30종, 메뚜기목 22종, 잠자리목 10종이 출현하였으며 기타, 사마귀목, 바퀴목, 집게벌레목, 매미목, 풀잠자리목 등은 소수종만이 출현하였다.

검색어: 영흥도, 영흥화력, 육상곤충, 곤충, 곤충상

The Phylogenetic Relationship in the Korean ant Species : Genus *Myrmica*

Pureum Noh¹, Rahayu Oktaviani¹, Taesung Kwon², Soyeon Park¹,
Hwakyung Hwang¹, Bitna Lee³, Injung Kim³, Yeonsun Jeon³, Soyeong Lim³,
Jae Chun Choe¹ and Gilsang Jeong¹

¹Division of EcoScience, Ewha Womans University

²Division of Forest Ecology, Korea Forest Research Institute

³Department of Life Science, Ewha Womans University

In Korea, twelve species in genus *Myrmica* have been described. Some of them are morphologically similar and this makes their identification difficult. For this reason, we collected several *Myrmica* species in question and inferred their phylogenetic relationship using the 418bp partial COI (cytochrome C oxidase 1) region from a total of 33 individuals. We found that the COI haplotypes are effectively grouped into three clusters that match well to their external morphological characters. Although this three species could be distinguished by the only small part of the COI region, the two individual sample of the *M. kotokuii* and one sample of the *M. carinata* are included in the *M. kurokii* group. The results indicate that the morphological identification could be obscure in the three species and it requires a close examination for this phenomenon.

Key words: Ant, Korea, *Myrmica*, *M. kurokii*, *M. carinata*, *K. kotokuii*, phylogenetics, COI

P128

Acetylcholinesterase Inhibitory Activity of Endophytic Fungus *Aspergillus* sp. MY056 Isolated from *Huperzia serrata*

**Moon Young Jung¹, Seung Min Hong¹, Haijie Xu², Mo Wang²
and Young-Joon Ahn¹**

¹WCU Biomodulation Major, Department of Agricultural Biotechnology,
Seoul National University

²College of Plant Science and Technology, Huazhong Agricultural University, P. R. China

Inhibition of acetylcholinesterase (AChE) is one of the important modes of action available for the control of insects. An assessment was made of the electric eel AChE inhibitory activity of 55 endophytic fungi isolated from the leaves of *Huperzia serrata* collected in Eunshi, Hubei Province, China. Of 55 mycelial extracts and 55 ethyl acetate-soluble fractions from liquid culture of the fungi, the ethyl acetate-soluble fraction of strain ES056 exhibited strong AChE inhibitory activity (88%) at a concentration of 100 µg/mL. Based on morphological characteristics and nuclear ribosomal DNA ITS sequence analysis, this fungus showed greatest similarity to members of the order Eurotiales and was shown to be most closely related to members of the *Aspergillus aculeatus* group. It was designated *Aspergillus* sp. MY056. This strain merits further study as a potential anti-AChE product.

Key words: Acetylcholinesterase inhibition, *Huperzia serrata*, endophyte, *Aspergillus* sp. MY056

유문등(Black light trap)을 이용한 말라리아 매개모기의 방제효과 평가

신이현², 심인구¹, 유현준¹, 김현우², 유대현², 이육교², 장규식²,
노종열², 박미연²

¹강원도 철원군보건소, ²국립보건연구원 질병매개곤충과

모기 채집기인 유문등(Black light trap)을 이용한 우사에서의 말라리아 매개모기 방제효과를 확인하기 위해 모기 주 발생 시기인 2012년 7월 26일부터 8월 2일 사이 말라리아 발생지역인 강원도 철원군에서 조사를 실시하였다. 폐쇄형 우사의 경우, 하룻밤에 유문등 한 대당 채집된 말라리아 매개모기류는 평균 27,220마리(최대 33,931마리, 최소 659마리)였으며 모기가 가장 많이 채집된 유문등의 위치는 우사 내 가장 구석진 곳이었다. 개방형의 경우에는 하룻밤에 유문등 한 대당 채집된 말라리아 매개모기류가 평균 22,751마리(최대 31,176마리, 최소 13,727)로 폐쇄형 우사에 비해 다소 낮았고, 모기가 가장 많이 채집된 유문등의 위치는 축사입구 구석진 장소였다. 결론적으로, 조사기간 중 유문등 한대로 하룻밤에 말라리아 매개모기를 방제할 수 있는 모기는 평균 2천마리 이상이었고 모기가 비교적 많이 채집되는 유문등의 위치는 소의 무리와 가까우면서 안정된 장소였다. 우사에서 유문등을 이용한 모기 방제는 유문등의 설치 장소, 설치 높이 및 설치 거리 등의 기술적인 면을 고려하여, 설치된 유문등에 대한 지속적인 유지관리를 할 경우 매우 효율적인 친환경적 모기방제법이라고 판단된다.

검색어: 말라리아 매개모기, 방제, 유문등, 우사

P130

Fumigant and Contact toxicity of Myrtaceae Pplant essential oils and Blends of their Constituents against Adults of German Cockroach (*Blattella germanica*) and their Acetylcholinesterase Inhibitory Activity

**Hwa-Jeong Yeom, Jaesoon Kang, Sung-Woong Kim, Seon-Mi Seo,
Yoon-Mi Jeon and Il-Kwon Park**

¹Division of Forest Insect Pests and Diseases, Korea Forest Research Institute, Seoul 130-712, Republic of Korea

Fumigant and contact toxicities of 11 Myrtaceae plant essential oils and their constituents against adult male and female *Blattella germanica* were evaluated. Of 11 Myrtaceae plant essential oils, *Eucalyptus polybractea*, *E. smithii*, *E. radiata*, *E. dives*, *E. globulus*, and *Melaleuca uncinata*, showed 100% fumigant toxicity against adult male German cockroaches at a concentration of 7.5 mg/liter air concentration. In contact toxicity tests, *E. polybractea*, *E. smithii*, *E. radiata*, *E. dives*, *E. globulus*, *M. dissitiflora*, and *M. uncinata* produced strong insecticidal activity against adult male and female German cockroaches. Of the essential oil constituents, terpinolene, α -terpinene, and terpinen-4-ol demonstrated strong fumigant toxicity against adult male and female *B. germanica*. Eugenol, isoeugenol, methyl eugenol, and terpinen-4-ol showed strong contact toxicity against adult male *B. germanica*. The toxicity of the constituent blends identified from *M. dissitiflora* essential oils indicated that terpinen-4-ol were major contributor to the fumigant activity or contact toxicity of the artificial blend. Only isoeugenol exhibited inhibition activity against male acetylcholinesterase. IC₅₀ values of isoeugenol were 0.22 mg/mL against male acetylcholinesterase.

Key words: Myrtaceae plant essential oils; fumigant toxicity; contact toxicity; German cockroach; artificial blends; acetylcholinesterase inhibition

Introduction of Insects Collected from Myanmar

**Yong Kyun OH¹, Jinyoung PARK¹, Ik Je CHOI¹, Nan Zar chi Win¹,
Ja Lang LIM¹, Ui Seok JEONG¹, Dong Pyeo LYU², U Pho Cho³,
Khin Mar Myint³, Khin Mar Yi³ and Jong Kyun PARK¹**

¹Department of Ecological Science, Kyungpook National University

²Department of Forest Science, Sangji University

³Forest Department, Myanmar

Myanmar is located in the Southeastern region of Asia. It lies between latitudes 9° and 29°N, and longitudes 92° and 102°E. The bordering countries are China on the northern side, Thailand and Laos on the eastern region, Bangladesh on the western side and India on the northwestern region. Myanmar has a total area of 678,500 square kilometers (262,000 sq mi). The rainy season exists primarily during the months between June and September. While dry season stays during the months between December and April. Northern regions of the country are the coolest, with average temperatures of 21 °C (70 °F). Coastal and delta regions have an average temperature of 32 °C (86.9 °F).

This expedition was conducted four times for three years. Among them we explored three area including Popa Mountain, Alaungdaw Kathapa National Park and Nat Ma Taung National Park [Popa Mountain (8.7~8.17, 2011; 7.24~8.3 2012; 2.18~2.28 2013), Alaungdaw Kathapa National Park (2.2~2.9, 2012) and Nat Ma Taung National Park (2.18~2.28 2013)]. Collecting methods was sweeping net, light trap, burket trap, pitfall trap with other method, and collected especially mainly Coleoptera and Lepidoptera. As the result, totally about 30 families in Coleoptera and 7 families in Lepidoptera were collected, among them Carabidae and Nymphalidae was revealed most diversity species. Main collect specimens, expedition activities and collections data *etc.* were provided herein.

Key words: Myanmar, Insect Expedition, Insect diversity.

Species Richness of Fruit Fly (Diptera: Tephritidae) and Incidence of *Bactrocera* Species on Mango, Guava and Jujube during Fruiting Season in Yezin Area in Myanmar

Nan Zarchi Win¹, Daw Khin Mi Mi², Thi Tar Oo², Kyaw Kyaw Win³
and Jong Kyun PARK¹

¹Department of Ecological Science, Kyungpook National University, Korea

²Department of Entomology and Zoology, Yezin Agricultural University, Myanmar

³Department of Agronomy, Yezin Agricultural University, Myanmar

The experiments were conducted from April, 2010 to July, 2011 to explore the species richness of fruit fly and to observe the incidence of *Bactrocera* species by using Methyl Eugenol trap. In the first experiment, 11 species such as *Bactrocera arecae*, *B. carambolae*, *B. dorsali*, *B. kandiensis*, *B. latilineola*, *B. malaysiensis*, *B. neocognata*, *B. raiensis*, *B. verbascifoliae*, *B. correcta* and *Carpomya pardalina* were recorded. All species except *Carpomya pardalina* were observed in mango. Eight species in guava and five species in jujube were recorded. *Bactrocera dorsalis* was found to be the most abundant in mango and guava, and *B. correcta* in jujube. During the second experimental period, the experimental area can be recorded as an infested area because index of fruit fly population captured in traps, FTD (flies/trap/day), was seven. The highest population (437 flies/trap/week) was observed on May 26 in mango orchard. The number of fruit flies was observed to be significant positive correlation with weekly rainfall ($R^2 = 0.67$ in mango, $R^2 = 0.34$ in guava and $R^2 = 0.43$ in jujube) and relative humidity ($R^2 = 0.65$ in mango), and negative correlation with mean temperature ($R^2 = 0.72$ in mango) and sunshine hour ($R^2 = 0.61$ in mango and $R^2 = 0.33$ in jujube).

Key words: Pest insects, fruit fly, *Bactrocera*, population, correlation

P133

Repellency of Three Essential Oil Major Constituents to Wild Adult *Anopheles kleini*

**Dae-Hyun Yoo¹, Seong Yoon Kim¹, Mi Yeoun Park¹, E-Hyun Shin¹,
Wook-Gyo Lee¹, Jong Yul Roh¹ and Kyu-Sik Chang^{1*}**

¹Div. of Medical Entomology, Center for immunology and pathology,
National Institute of Health

Repellency of 20 plant essential oils to malaria main vector in the Republic of Korea (ROK), *Anopheles kleini*, was evaluated using skin direct contact bioassay. *Anopheles kleini* showed the highest repellency to *Pelargonium graveolens* with EC₅₀ value of 0.244 mg/cm², followed by *Pinus sylvestris* and *Cinnamomum camphora* with EC₅₀ values of 0.484 mg/cm² and 0.862 mg/cm². The lowest repellency of *An. kleini* was revealed from Clary sage oil with EC₅₀ value of 4.665 mg/cm². *Anopheles kleini* did not demonstrated any repellency to Lemon, Orange, Neem, Coconut and Olive oil over 20 mg/cm². Major repellent constituents of Geranium, Pine and Camphora oil were analyzed and identified using Mass-data, GC and GC-Mass.

Major constituent of Geranium were β -citronellol (37.0%) and Camphora, 1,8-cineole (35.8%) and Pine, α -terpineol (39.5%). *Anopheles kleini* showed higher repellency to β -citronellol and 1,8-cineole than to DEET and IR3535 and did not showed any repellency to sabinene and γ -eudesmol over 20 mg/cm². Residual repellent time of 1,8-cineole and β -citronellol were 26 and 41 min, respectively and DEET, 84 min and IR3535, 102 min. In the light of global efforts to reduce the level of highly toxic synthetic repellents, the three essential oils and their major constituents described merit further study as potential biorepellents for the control of *An. kleini* populations

Key words: Malaria, Repellent, Essential oil, *Anopheles kleini*, Korea.

제주 상록활엽수림의 나방류 출현 특성 분석

이가은, 김준범*

국립산림과학원 난대·아열대산림연구소

기후 변화에 따른 우리나라 나방류의 출현시기와 종 구성을 조사하기 위하여 제주도의 상록활엽수림 중 규모가 가장 크고 생태적으로 보존 가치가 높은 동백동산과 돈내코계곡을 중심으로 3월과 4월에 조사지역별로 월 2회씩 야간에 수은등을 이용하여 유인되는 나방을 채집하였다. 조사기간 중 채집된 나방은 총 5과 25종 408개체였으며 이 중 동백동산에서 2과 13종 273개체, 돈내코계곡에서 5과 14종 35개체가 출현하였다. 동백동산에서 채집된 나방은 밤나방과가 8종으로 가장 많았으며 다음으로 자나방과가 5종이었다. 돈내코계곡에서는 자나방과가 9종으로 가장 우점하였고 다음으로 밤나방과 2종, 명나방과 1종, 불나방과 1종, 잎말이나방과 1종 순이었다. 돈내코계곡은 동백동산과 비교하여 훨씬 적은 수의 나방이 채집되었으나 다양한 과와 종이 출현하였는데, 이는 동백동산이 종가시나무가 우점하는 식생인데 반해 돈내코계곡은 구실잣밤나무가 우점하여 식생분포에 따라 나방의 종 구성에도 차이가 있었던 것으로 보이며, 돈내코계곡은 동백동산에 비해 위도는 낮지만 고도가 높아 상대적으로 온도가 낮아 나방의 개체수가 적게 조사되었던 것으로 판단된다. 본 연구를 바탕으로 제주도 상록활엽수림에서 춘기에 출현하는 나방의 종 구성 및 출현 특성을 분석함으로써 지구온난화에 따른 해충들의 발생을 예측할 수 있는 기초자료로 제공할 수 있을 것으로 사료된다.

검색어: 제주도, 상록활엽수림, 나방류, 생태특성

무제치늪 육상곤충의 다양성

이희조, 주영돈, 박보선, 김민선, Qi Mujie, Le Xuanvi 배양섭

인천대학교 생명과학기술대학 생명과학과

울산광역시 울주군 정족산에 위치하고 있는 무제치늪은 우리나라에서 가장 오래된 산지습지 중 하나이다. 오랜 세월에 걸친 화강암의 풍화작용과 홍수에 의한 침식작용 등으로 형성된 분지형태의 습지로 이탄층이며 약산성의 수질을 나타낸다. 이와 같은 환경을 바탕으로 식충식물 등 희귀종이 서식하고 있으며, 곤충으로는 멸종위기종Ⅱ급인 꼬마잠자리가 확인되는 등 생태적으로도 중요한 가치를 인정받고 있다. 본 연구에서 다양한 무제치늪의 생태계 구성원 중 육상곤충의 전체적인 서식 분포와 밀도를 조사하였으며, 시기에 따른 변화양상을 비교하였다.

조사는 2012년 6~10월에 걸쳐 5회 실시하였으며, 4개로 이루어진 무제치늪 및 주변지역 중 곤충 서식에 적합한 지점을 선택하여 정밀조사를 수행하였다. 조사방법으로는 임의채집법(관찰, 목격, 돌들기 등), 스위핑법, 털어잡기법, 라이트트랩법을 사용하였다. 채집한 모든 곤충을 실험실로 운반 후 동정 및 종수를 계수하였으며 상대적 우점도지수를 구하였다.

조사결과 총 10목 67과 218종이 발견되었다. 조사된 분류군들의 군집구조를 살펴보면 나비목이 15과 107종(R.D 49.08)으로 구성비가 가장 높았고, 그 외 노린재목과 딱정벌레목이 14/13과 25종(R.D 11.47), 메뚜기목이 4과 16종(R.D 7.34), 파리목이 7과 15종(R.D 6.88), 잠자리목이 4과 14종(R.D 6.42), 벌목이 5과 11종(R.D 5.05), 풀잠자리목이 3과 3종(R.D 1.38), 사마귀목과 집게레목이 1과 1종(R.D 0.46)으로 구성되었다. 주요종으로는 멸종위기종Ⅱ급인 꼬마잠자리, 국외반출승인대상생물종인 노랑띠들명나방, 봄처녀나비가 확인되었다.

검색어: 무제치늪, 육상곤충, 서식밀도, 우점도지수

Brief introduction of Butterfly(Lepidoptera) from Myanmar

**Ja Lang LIM¹, Jinyoung PARK¹, Ik Je CHOI¹, Yong Kyun OH¹,
Eui Seok JEONG¹, Dong Pyeo LYU², U Pho Cho³, Khin Mar Myint³,
Khin Mar Yi³ and Jong Kyun PARK¹**

¹Department of Ecological Science, Kyungpook National University

²Department of Forest Sciences, Sangji University

³Forest Department, Myanmar

Myanmar is located in the south-east Asia peninsular and it is flanked by five neighboring states: Bangladesh, India, China, Laos and Thailand. It is located 10~22 degree north latitude, to 92~101 degrees east longitude. Myanmar has a tropical climate with three seasons in Myanmar. Hot season (March through April), rainy season (May through October) and the cool season (November through February). The coastal regions can get very hot and humid, especially before the rainy season. Myanmar has a monsoon season from May to October when there are heavy rains and often flooding. The investigation was carried out during the dry season(2013) in Nat Ma Taung National Park and Popa Mountain Park. Popa Mountain Park is located in Kyawpadaung Township, Myinchan district, Mandalay Division. The area is 49.63 square miles. Its coordinates are 29°31'60" N and 27°43'60" E. Nat Ma Taung National Park, Myanmar treasure is in Mindut District of Chin State and its area of 279 square miles. It is the third highest mountain in Myanmar with the height of 10,500 feet. Its coordinates are 21°14'00" N and 93°54'00" E. As the result, butterflies(Lepidoptera) collected in the two regions were about 60 species of 7 familys. Collecting dates, expedition activities, photo of main specimen and information of Myanmar were provided.

Key words: Myanmar, Butterfly, Popa Mountain Park, Nat Ma Taung National Park

경북 상주시 습지보호지역, 공검지의 곤충상

정의석, 박진영, 최익제, 오용균, 임자랑, 박종균

경북대학교 생태과학과

공검지는 경상북도 상주시 양정리에 위치한 습지이다. 공검지는 생물다양성이 풍부한 습지임을 인정받아 1997년 경상북도 기념물로 지정되었다. 2011년 6월 28일에는 논습지 최초로 습지 보호지역으로 지정되었을 뿐만아니라 제 10차 람사르 협약 등록을 추진하는 등 주목 받고 있는 습지이다. 이러한 점에서 공검지의 곤충의 종 다양성을 조사하고자 채집을 실시하였다. Pitfall trap, Sweeping, Searching, Light trap을 이용하여 곤충을 채집, 동정을 하여 데이터를 작성하였다. 채집시기는 2013년 5월, 7월, 10월로 분기별 총 3회 실시하였다.

본 연구 결과, 출현종수는 5월 6목 12과 25속 26종, 7월 7목 38과 100속 104종, 10월 7목 19과 32속 33종이 조사되었다. 목별 종수를 비교한 결과 딱정벌레목과 노린재목, 메뚜기목 곤충이 상대적으로 높은 종수를 나타냈으며 딱정벌레목의 경우 5월(46.2%), 7월(67.3%)에 종수가 가장 높게 나타났으며 10월(24.2%)의 경우 낮아지는 경향을 보였다. 메뚜기목은 5월(3.8%), 7월(5.8%), 10월(24.2%)로 나타났으며 노린재목은 5월(19.2%), 7월(20.2%), 10월(33.3%)로 딱정벌레목과는 상반되는 경향을 보였다.

본 연구에서는 공검지에 나타나는 곤충의 출현정도를 비교분석하여 장차 습지 생태 연구의 기초자료를 제공하고자 한다.

검색어: 공검지, 상주, 습지생태계, 곤충

전북 지역의 메뚜기목 다양성 조사 및 DNA바코드 분석

정 한, 김진호, 최수빈, 표효경, 김효중

국립군산대학교 생물학과

현재 메뚜기목 곤충은 국내 161종이 보고되어 있다. 메뚜기는 생태계 내 1차 소비자로서 다양성이 풍부하고 서식밀도가 높아 환경 지표생물로 유용하다. 본 연구에서는 전라북도 자연환경 보전지구 또는 지역 경관명소를 중심으로 메뚜기목 (Orthoptera)에 속한 곤충들을 채집 및 조사하여 종 다양성과 각 종의 지역 분포를 파악하였다. 이들을 표본으로 제작하고 종 동정을 실시하고, 몸의 일부분으로부터 DNA를 추출 및 분석하여 COI DNA바코드를 확인함으로써 유전학적 차이와 계통학적 다양성을 연구하고자 하였다. 2012년 9월 15일부터 10월 27일까지 군산 옥구 저수지, 금강호 생태습지, 선운산, 새만금 방조제, 변산반도국립공원, 대둔산 자연휴양림, 변산반도 일대에서 메뚜기목 곤충을 중심으로 채집하였으며, 이 중 109개체의 메뚜기목 곤충들을 동정하였다. 이들 표본 중 77개체의 DNA바코드 분석을 수행한 결과, 28종이 분자수준의 동정을 통해 확인되었고, 팔중이 18개체, 발톱 메뚜기 12개체, 방아깨비 10개체의 종내 변이 유무를 확인할 수 있었다.

검색어: 다양성, 메뚜기, 바코드, 분포지역, 분류학

점봉산 지역의 고도별 곤충종 조사

조경연¹, 김일권², 이봉우², 류동표¹

¹상지대학교 산림과학과, ²국립수목원 산림생물조사과

우리나라 북부지방의 대표적인 산림지역 중 하나인 강원도 양양군과 인제군에 걸쳐 있는 점봉산 일대를 중심으로 산림생태계 내에서 기후변화에 따른 곤충종의 분포에 대한 모니터링을 실시하였다. 본 연구는 향후 기후변화에 따른 곤충분포상의 변화를 조사하기 위한 기초자료를 수립함과 동시에 기후변화취약종의 존재여부를 파악하는데 중점을 두고 수행하였다.

이를 위해 점봉산의 곤충상 조사는 고도별 800m, 1,000m, 1,200m 지점에 조사지점을 선정하고 핏폴트랩(Pitfall trap)과 버킷식유아등트랩(Bucket trap)을 이용하여 채집을 실시하였다. 조사기간은 2012년 6월, 7월, 9월 총 3회 조사를 수행하였다. 조사 결과 핏폴트랩을 이용한 개미류 조사는 6속 10종 4,584개체가 채집되었다. 딱정벌레류 조사는 12속 15종 166개체로 나타났다. 버킷식유아등트랩을 이용한 나비류의 조사는 58속 63종 273개체가 나타났다. 이번 조사된 곤충류 중 국립수목원(2011)에서 지정한 기후변화취약곤충류는 일본장다리개미를 포함하여 13종이 분포가 확인되었다.

검색어: 곤충, 기후변화, 고도별, 모니터링, 점봉산

P140

Larvicidal Activity of *Pinus densiflora* Needle Hydrodistillate Constituents and Related Compounds toward Insecticide-susceptible *Aedes aegypti* and Wild *Aedes albopictus*

Seong Chun Chae⁴, Dong-Chan Lee¹, Jun-RanKim^{2,3}, Haribalan Perumalsamy²
and Young-JoonAhn³

¹Hankuk Academy of Foreign Studies, Youngin 449-854, Republic of Korea

²Research Institute for Agriculture and Life Science, Seoul National University

³WCU Biomodulation Major, Department of Agricultural Biotechnology,
Seoul National University

⁴Interdisciplinary Program in Agricultural Biotechnology Major, Department of Agricultural
Biotechnology, Seoul National University

The toxicity of red pine needle hydrodistillate, its constituents, and 12 structurally related compounds to third instar larvae of insecticide-susceptible *Aedes aegypti* and wild *Aedes albopictus* was examined using a direct-contact bioassay. Results were compared with those of the currently used larvicides fenthion and temephos. The red pine needle hydrodistillate constituents were identified by GC-MS and co-elution of authenticated samples following co-injection. Based on 24 h LC₅₀ values, 3-carene (8.60–9.33 mg/L), limonene (10.34–10.77 mg/L), and thymol (10.65–11.45 mg/L) were the most toxic constituents. The moderate toxicity was produced by (1S)-(-)- α -pinene, *p*-cymene, geranyl acetate, myrcene, and β -caryophyllene (LC₅₀, 27.62–38.01 and 28.61–39.52 mg/L). Overall, these compounds were less effective than either fenthion (LC₅₀, 0.012–0.022 mg/L) or temephos (LC₅₀, 0.010–0.015 mg/L). In the light of global efforts to reduce the level of highly toxic synthetic insecticides in the agricultural environment, red pine needle hydrodistillate and the compounds described merit further study as potential larvicides for the control of mosquito populations.

Key words: botanical larvicide, *Aedes aegypti*, *Aedes albopictus*, *Pinus densiflora*, red pine needle hydrodistillate

P141

Distribution Characteristics By Species and Comparison of Social Wasps in Two Metropolitan Cities (Busan, Daegu)

Moon-Bo Choi¹, Gab-Sue Jang¹, Seul-Ong Kim¹, Tae-Su Kim¹, Gwan-Ik Gwon¹,
Jeong-Kyu Kim² and Jong-Wook Lee^{1*}

¹Department of Life Sciences, Yeungnam University

²Department of Biological Sciences, Hanseo University

This study selected 10 species commonly emerging in Busan and Daegu showing distinct green structure distributions, and distribution differences were mapped and analyzed according to city of origin. As for G-IS (Green-Inhabiting Species) of both cities, there were six species, including *V. mandarinia*, *V. ducalis*, *V. crabro flavofasciata*, *Vl. koreensis koreensis*, *Pa. indica*, and *P. snelleni*, which mostly inhabited urban source green and satellite green structures. As for GU-IS (Green & Urban-Inhabiting Species), there were two species, *V. simillima simillima* and *V. analis parallela*, which nested at diverse sites and showed greater preference for green structures. On the other hand, U-IPS (Urban-Inhabiting Preference Species) consisted of two species, *V. velutina nigrithorax* and *P. rothneyi koreanus*, which nested at almost all sites, including urban and urban green areas, and were found to adapt well to an urban environment based on their far higher rate of urban nesting as compared to GU-IS species. In comparing emergence rates among the four urban GU-IS and U-IPS species in Busan and Daegu, regular distribution was mostly observed within the city of Busan, which is well equipped with a green network, whereas Daegu, which lacks green structure connectivity, showed its greatest distribution of species nearby urban green areas. Also this study shows that in Daegu with longer distance between green, U-IPS emerged up to far site beyond green areas as compared to Busan, which has short distances between green areas.

Key words: urban, green, distribution, social wasps

P142

Male Density Effect on Mating Behavior and Offspring Sex Ratio in *Trichogramma* Wasps (Hymenoptera: Trichogrammatidae)

**Hwakyung Hwang¹, Yiseul Noh², Jinyoung Kim³, Yeonsun Jeon⁴, Soyeon Park¹,
Pureum Noh¹, Bitna Lee⁴, Injung Kim⁴, Soyeong Lim⁴,
Yikweon Jang¹ and Gilsang Jeong¹**

¹Division of EcoScience, Ewha Womans University

²Department of Life Science, Incheon National University

³Kyunggi High School

⁴Department of Life Science, Ewha Womans University

In Hymenoptera, thanks to its haplodiploid sex determination, arrhenotokous parasitoid females are able to control offspring sex ratio by determining whether to use sperm or not at the time of oviposition.

However, the offspring sex ratio may also be influenced by the mating behavior of a male. When a male searches females, he will have more chances to encounter with other males in a high male density population than low male density population. If the male is competitive, the male can find females faster and may have longer copulation time, and eventually transfer more sperm than other males.

In this study, we investigated mate searching time, copulation duration and offspring sex ratio as a function of the male density. Although the results show difference between searching time and copulation duration, they are not statistically significant. We will discuss the statistical consequence, male density dependent offspring sex ratio and its evolutionary implications.

Key words: Mating behavior, male density, male-male competition, offspring sex ratio, haplodiploid, sex determination, Hymenoptera, *Trichogramma* wasp

P143

Complete Mitochondrial Genome of the Larch Hawk Moth, *Sphinx morio* (Lepidoptera: Sphingidae)

Min Jee Kim¹, Sei-Woong Choi² and Iksoo Kim¹

¹College of Agriculture & Life Sciences, Chonnam National University

²Department of Environmental Education, Mokpo National University

The larch hawk moth, *Sphinx morio*, belongs to the lepidopteran family Sphingidae that has long been studied as a family of model insects in a diverse field. In this study, we describe the complete mitochondrial genome (mitogenome) sequences of the species in terms of general genomic features and characteristic short repetitive sequences found in the A+T-rich region. The 15,299-bp long genome consisted of a typical set of genes (13 protein-coding genes, two rRNA genes and 22 tRNA genes) and one major non-coding A+T-rich region, with the typical arrangement found in Lepidoptera. The 316-bp long A+T-rich region located between srRNA and tRNA^{Met} harbored the conserved sequence blocks that are typically found in lepidopteran insects. Additionally, the A+T-rich region of *S. morio* contained three characteristic repeat sequences that are rarely found in Lepidoptera: two identical 12-bp repeat, three identical 5-bp long tandem repeat, and six nearly identical 5~6 bp long repeat sequences.

Key words: Mitochondrial genome, *Sphinx morio*, repeat sequence

P144

Mitochondrial Genome-based Phylogenetic Positioning of Hesperiiidae in Lepidoptera with the Description of Newly Sequenced Five Skippers

Min Jee Kim, Ah Rha Wang, Jeong Sun Park, Heon Cheon Jeong and Iksoo Kim

College of Agriculture & Life Sciences, Chonnam National University

Lepidoptera is one of the largest insect orders, but the phylogenetic relationships within this order, have yet to be completely described. One of the unresolved relationships includes the monophyly of Papilionoidea in relationship with the monotypic superfamily Hesperioidea. We newly sequenced five hesperid mitochondrial genomes (mitogenomes), representing four subfamilies: Pyrginae (*Daimio tethys* and *Lobocla bifasciatus*), Coeliadinae (*Choaspes benjaminii*), and Hesperinae (*Potanthus flavus*), and Heteropterinae (*Carterocephalus silvicola*). Along with these newly sequenced hesperid genomes phylogenetic analysis was conducted with all available lepidopteran mitogenomes including three reported species of Hesperiiidae that consisted of ~70 species in ten lepidopteran superfamilies. The test for the effect of optimization schemes, such as exclusion and inclusion of third codon position of 13 PCGs, other genes (22 tRNAs and two rRNAs), and with and without partitions also was performed. Majority of datasets consistently placed the monophyletic Hesperiiidae the sister to ((Pieridae + Lycaenidae) + Nymphalidae), placing another true butterfly family Papilionidae as the basal lineage of this group, presenting the relationships (Papilionidae + (Hesperiiidae + ((Pieridae + Lycaenidae) + Nymphalidae))). Consistent to previous result, Pyraloidea was placed as the sister to ((Bombycoidea + Geometroidea) + Noctuoidea), placing the Macrolepidoptera as non-monophyletic group.

Key words: Hesperiiidae, Papilionoidea, Mitochondrial genome, Macrolepidoptera

Genetic Relationships between *Oeneis urda* and *O. mongolica* (Nymphalidae: Lepidoptera)

Sung-Soo Kim¹, Xinlong Wan², Min Jee Kim² and Iksoo Kim²

¹Research Institute for East Asian Environment and Biology

²College of Agriculture & Life Sciences, Chonnam National University

The species status of *Oeneis urda* (Eversmann) and *O. mongolica* (Oberthür) has been argued based on morphological characters. Reexamination of their major morphological characters has shown a slight differentiation in the two species. Sequences of three mitochondrial genes (COI, ND6, and ND1) and one nuclear region (internal transcribed spacer 2, ITS2) from two *O. urda* populations (Yangyang and Mt. Hanla) and one *O. mongolica* population (Uljin) were performed for phylogenetic and population genetic inferences. Sharing of identical sequences in the ND6 gene and ITS2, minimal sequence divergence in the COI and ND1 genes, and phylogenetically undividable sequence types in all mitochondrial genes and ITS2 suggest genetic continuity between the two species. Nevertheless, significant F_{ST} estimates ($p < 0.05$) were found for the COI gene in comparisons between Yangyang (*O. urda*) and Uljin (*O. mongolica*), between Yangyang (*O. urda*) and Mt. Hanla (*O. urda*), and between Uljin (*O. mongolica*) and Mt. Hanla (*O. urda*) populations. These F_{ST} estimates, along with other gene-based analyses collectively suggest isolation of the two species at some point in the past, but incomplete separation between the two species on the mainland (Yangyang and Uljin) and biogeographically forced isolation of the *O. urda* population on Mt. Hanla collectively appear to complicate species status of these two species that were once further clearly separated.

Key words: *Oeneis*, COI, ND6, ND1, ITS2, F_{ST} , population differentiation, Satyrinae

Genetic Relationships between Mt. Halla and Mongolian Populations of *Hipparchia autonoe* (Lepidoptera: Nymphalidae)

Youngho Cho¹, Jeong Sun Park², Min Jee Kim², Deuk-Soo Choi³,
Sang-Ho Nam¹ and Iksoo Kim²

¹Department of Biology, Daejeon University

²College of Agriculture & Life Sciences, Chonnam National University

³Animal, Plant and Fisheries Quarantine and Inspection Agency

Hipparchia autonoe belongs to the family Nymphalidae (Lepidoptera) and is designated as an endangered insect and national monument in Korea. It only inhabits a very restricted area on Mt. Halla but is widely distributed in several Asian countries including Mongolia. A previous study conducted to understand the genetic relationship between Mt. Halla and Mongolian *H. autonoe* for conservation purposes suffered from a limited number of samples. Therefore, we sequenced the DNA barcode region of an additional 36 *H. autonoe* individuals, combined them with previous data from 19 individuals, and performed phylogenetic and population genetic analyses. Furthermore, the internal transcribed spacer 2 (ITS2) region was also sequenced from the 36 samples as a nuclear DNA marker. The existence of independent haplotypes, sequence types, and significant F_{ST} estimates ($p < 0.05$) between Mt. Halla and Mongolian populations indicated hampered gene flow between the populations. Nevertheless, an absence of a reciprocal monophyletic group in Mt. Halla and Mongolian populations by cytochrome oxidase subunit I gene- and ITS2-based phylogeny suggests that the genetic isolation of the Mt. Halla population from the Mongolian populations seemed not large enough to consider them independent genetic entities.

Key words: *Hipparchia autonoe*, genetic relationships, conservation genetics, Nymphalidae, mitochondrial COI, ITS2

P147

First record of Sclerogibbidae (Hymenoptera: Chrysidoidea), ectoparasitoids of Embiidina (Insecta: Neoptera) from Cambodia

Jongok Lim¹, Massimo Olmi², Il-Kwon Kim¹ and Seunghwan Lee³

¹Division of Forest Biodiversity, Korea National Arboretum, Republic of Korea

²Tropical Entomology Research Center, Italy

³Department of Agricultural Biotechnology, Seoul National University, Republic of Korea

Sclerogibbidae are small hymenopteran family only with 22 species including a fossil species. It consists of four genera, *Caenosclerogibba* Yasumatsu, *Probethylus* Ashmead, *Sclerogibba* Riggio & De Stefani-Perez and *Pterosclerogibba* Olmi.

Thirteen species of two genera (60% of species worldwide) are known from the Oriental region. However, no species was reported in Cambodia so far.

Even though the detailed biology of the sclerogibbids is poorly known, they are ectoparasitoids of the webspinners (Embiidina).

From the present study, three species of the family are recognized for the first time from Cambodia: *Sclerogibba talpiformis* Benoit, *S. rapax* Olmi and *S. impressa* Olmi.

Diagnoses and photographs for each species are presented.

Key words: Cambodia, Chrysidoidea, ectoparasitoid, Embiidina, Sclerogibbidae

꼬마굴나방과 (나비목)의 한국 미기록 3종 보고

이봉우¹, 박신영¹, 변봉규²

¹산림청 국립수목원 산림생물조사과

²한남대학교 생명시스템과학과

나비목에 속하는 꼬마굴나방과는(Nepticulidae) 성충의 크기가 수 mm로 나비목 중에서 가장 작은 종들이 포함된 분류군으로, 전 세계적으로는 11속에 800여 종이 기록되어 있다(Davis, 1999; Nieukerken, 1985).

꼬마굴나방과의 연구는 주로 유럽의 학자들에 의해 구북구 지역을 중심으로 이루어 졌으나, 아시아 지역의 종이 연구 된 것은 1970년대에 들어서이다. 일본의 경우 Kuroko (1982, 1999), Kemperman & Wilkinson (1985), Kumata & Nakatani (1995) 등에 의해 약 65종이 기록되어 있으며, 중국의 경우 Nieukerken & Liu (2000), Liu & Nieukerken (2001), and Nieukerken (2008) 등에 의해 13종이 기록되어 있다. 우리나라에서는 Park(1983)에 의해 처음으로 소개 되었으나, 종에 대한 동정은 이루어지지 않고 *Stigmella* sp.로 보고되었다. 이후 Lee & Byun(1997)에 의해 2속 3종이, *Stigmella fumida* Kemperman et Wilkinson, *S. aladina* Puplesis, and *Bohemannia nuvila* Puplesis, 보고된 것이 전부 일정도로 우리나라에서는 연구가 되지 않은 분류군이다.

본 연구에서는 국립수목원에서 수행한 자생생물상 조사 및 표본인프라 구축 사업을 통해 확보된 표본 검경한 결과 *Stigmella dentatae* Puplesis 등 3종의 한국미기록종이 확인 되었기에 보고한다.

검색어: 나비목, 꼬마굴나방과, *Stigmella dentatae*, 한국미기록종

Diurnal Flight Patterns of *Platypus koryoensis* (Coleoptera: Platypodinae) in Relation to Abiotic Factors in Korea

Youngwoo Nam, Sang-Hyun Koh and Won Il Choi

Division of Forest Insect Pests and Disease, Korea Forest Research Institute

The diurnal flight pattern of *Platypus koryoensis* (Murayama) was examined using sticky traps attached to the trunks of oak trees in central Korea in 2011. The flight activities of the beetle were estimated on the basis of 2-h interval trap catches from 05:00 to 17:00, between June 9 and July 21 (the peak flight period of the beetle). Peak flight time of the beetle ranged from 09:00 to 13:00, with variations due to the day surveyed and the facing slope. The flights began when the air temperature reached 16.7 °C, and the flights peaked when the air temperature was 23.6 °C. Flights were not observed during rainfall, suggesting that rainfall is one of the factors that influence beetle flight. The time of sunrise was not significantly correlated with the flight initiation time. The direction of flight along with the slope was changed bidirectional to unidirectional (movement from upslope to downslope) between 9:00 and 13:00.

Key words: Ambrosia beetle, flight direction, *Platypus koryoensis*, rainfall, temperature

Escape pattern of adult *Platypus koryoensis* (Coleoptera: Curculionidae) on the basis of individual gallery

Cha Young Lee¹, Youngwoo Nam¹, Won Il Choi¹, Dae-Sung Won²
and Jong-Kuk Kim³

¹Division of Forest Disease and Insect Pests, Korea Forest Research Institute

²Climate Change Research Institute of Korea

³Department of Forest Resources Protection, Kangwon National University

Escape pattern of the ambrosia beetle *Platypus koryoensis* (Murayama) based on individual gallery was investigated. The survey was conducted in four oak forests located in Chuncheon, Hanam, Paju and Seongnam, and escape patterns from individual gallery were surveyed using emergence trap attached at the entrances of galleries formed in 2010. The number of adults caught in each trap was periodically counted from May 2011 to September 2012. The adults ambrosia beetle was caught over two years after infestation. The escape patterns in the first and second year after infestation showed different types; in the first year, escape of adults from gallery was observed one or two times whereas escape from gallery was observed two times in the second year with variation in aspect of escape density and timing. Moreover, variations in escape pattern between trees or between galleries in the same tree was observed. Colonization success rate in living tree was higher than that of dead tree, but the number of progeny per gallery in living tree was lower than that of dead tree. Colonization success rate in the galleries of second year was lower than that of first year, but the number of progeny per gallery of second year was higher than that of first year.

Key words: *Platypus koryoensis*, ambrosia beetle, escape pattern, colonization

P151

Discovery of Lepidopteran Insects from Phou Khao Khouay National Park, Laos

Sora Kim¹, Ram Keshari Duwal¹, Yerim Lee¹, Geonho Cho¹
and Seunghwan Lee¹

¹Department of Agricultural Bio-Technology, Seoul National University, Korea

Laos, a landlocked country in Southeast Asia, has most extensive network of ecosystems in the Indochina Peninsula, surrounded by Myanmar and China to the northwest, Vietnam to the east, Cambodia to the south and Thailand to the west. It is the tropical vegetation and warm climatic conditions influenced by monsoon. Such geographical and climatic condition is favorable for the diversity of insects. However, research or educative investigation on insects have been poorly conducted.

Through recent expedition during dry season (between December 2012 and February 2013), mainly held at Phou Khao Khouay National Park (PKKNP), which varies from sheer sandstone cliffs and pristine river gorges to rough mountain slopes along the Mekong river, we recognized a total of 88 lepidopteran insects belonging to 22 families, Arctidae, Attevidae, Choreutidae, Cossidae, Crambidae, Geometridae, Gracillariidae, Hesperidae, Hyblaeidae, Limacodidae, Lycaenidae, Lymantridae, Noctuidae, Nymphalidae, Oecophoridae, Papilionidae, Pieridae, Pyralidae, Scythrididae, Sphingidae, Uraniidae and Zygaenidae, were recognized.

Key words: Expedition, Lepidoptera, Laos, Phou Khao Khouay National Protected area

산림작업과 수종이 나무종류 군집 구조에 미치는 영향

전성재, 고상현, 최원일, 남영우

국립산림과학원 산림병해충연구과

산림작업과 산림수종 구성이 나무종류 군집구조와 계절적 변이에 미치는 영향을 평가하기 위해 본 실험을 수행하였다. 강원도 평창군 가리왕산의 활엽수림에서 산림작업별(산벌림, 이단림, 택벌림, 대조림), 침엽수림에서 수종별(잣나무림, 낙엽송림, 소나무림) 조사지를 선정하였다. 산림작업별, 수종별로 조사지 당 3개의 Lindgren funnel 트랩을 설치하여 시기별 발생하는 나무종류의 종수 및 개체수를 2012년 4월부터 10월까지 4주 간격으로 총 8회에 걸쳐 조사하였다. 산림작업과 수종별 종 다양도(H)와 균등도(E), 우점종의 우점비율을 비교하였다. 가리왕산의 조사지에서 5속 36종 36,999개체의 나무종류가 확인되었다. 다양도와 균등도는 활엽수림에 비해 침엽수림에서 대체로 더 높게 나타났다. 침엽수림 중 소나무림에서 다양도와 균등도가 가장 높게 나타났고($H=1.87, E=0.56$), 활엽수림의 경우에는 이단림에서 가장 낮게 나타났다($H=0.92, E=0.34$). 4월에서 10월까지 모든 조사지에서 종과 개체수가 점점 감소하는 경향을 보여 주었다. 산벌림, 이단림, 택벌림, 대조림에서 우점종은 단풍나무종이었다. 낙엽송림과 잣나무림에서는 북한나무종이 우점종이었지만, 소나무림에서는 단풍나무종이 우점종이었다. 잣나무림을 제외한 다른 조사지에서는 한 종의 우점도가 높았지만, 잣나무림의 경우에는 우점종의 우점비율이 상대적으로 낮았다.

검색어: 종다양도, 균등도, 우점종, Lindgren funnel 트랩, 나무종류

P153

New Species of the Genus *Schoutedenia* (Hemiptera: Greenideinae) from Cambodia

Hwalran Choi and Seunghwan Lee

Department of Agricultural Bio-Technology, Seoul National University, Korea

A genus *Schoutedenia* (Hemiptera: Greenideinae) is an ancient group of Gondwanaian distribution occurring on the plant family Euphorbiaceae. In this study, we newly report *Schoutedenia* sp. nov., collected from *Phyllanthus* sp. (Euphorbiaceae) from Cambodia. Review for three species including *Schoutedenia* sp. nov., with identification key are presented.

Key words: Greenideinae, Cambodia, *Schoutedenia*. Euphorbiaceae.

P154

DNA Barcode를 이용한 국내외 애완용곤충의 분자생물학적 분류 동정 방법 연구

한정민¹, 홍기정², 황정훈¹

¹농림축산검역본부 식물검역부 위험관리과

²순천대학교 식물학과

곤충산업이 발전함에 따라 애완용곤충에 대한 인식이 변화하고 있다. 이에 외국산 애완용 곤충의 수입가능성이 증대하여 차후 외국산 애완용곤충의 수입허용 등 여건 변화 시 즉각 대응이 필요하다. 이에 따라 관련 정보의 확보를 위해 2011년부터 2012년까지 농림축산검역본부 식물검역부에서 애완용곤충의 DNA바코드 연구를 실시하였다.

사슴벌레과 및 장수풍뎅이과를 중심으로 주요 외국산 애완용 곤충을 선정하여 분류 및 생태 정보, DNA 바코드 정보 등 관련 생물정보를 확보하고 주요 외국산 애완용 곤충의 분류 동정법을 개발하였다. 이 연구를 통하여 2년 동안 외국산 사슴벌레과 63종 443개체, 한국산 사슴벌레과 7종 23개체, 외국산 장수풍뎅이과 24종 205개체, 한국산 장수풍뎅이과 1종 3개체의 DNA 바코드 염기서열을 확보하였다.

이번 연구를 통해 확보된 자료를 바탕으로 검역현장 및 특사경 단속 시 정확한 분류동정 업무 수행과 차후 수입허용을 위한 위험분석 시 활용이 기대된다.

검색어: 애완용곤충, 사슴벌레과(Lucanidae), 장수풍뎅이과(Dynastidae), DNA Barcode

Effects of Temperatures on Development of *Hyphantria cunea* (Drury) (Lepidoptera: Arctiidae)

Jungim Hong, Youngwoo Nam, Sang-Hyun Koh and Won IL Choi

Division of Forest Insect Pests and Disease, Korea Forest Research Institute

The fall webworm, *Hyphantria cunea* (Drury) (Lepidoptera: Arctiidae), was originally distributed in North America and spread into central Europe and eastern Asia in the early 1940s. This species was first found in Seoul, Korea in 1958. In this study, the effect of temperatures on development in regional variation of the *H. cunea* was investigated. Local populations of fall webworm were collected in Goyang and Pusan, Korea and the larvae were reared on an artificial diet, incubated at seven constant temperatures of 17.5, 20.0, 22.5, 25.0, 27.5, 30.0 and 32.5°C under the photoperiod 16L:8D. The average developmental periods decreased as the temperature increased at all stage in the Goyang population. The temperature dependent developmental rates in each stage were well described by linear and nonlinear Briere model in the Goyang population. The lower threshold temperature for development from egg to adult was 13.7°C and all the eggs did not hatch at 32.5°C. Optimum temperatures for reproduction was 22.5°C, and average number of eggs laid by individual female at the temperature was 441.5±121.8. Developmental periods of larval and pupal stage in the Goyang population were not significantly different from those in the Pusan population at 25°C.

Key words: *Hyphantria cunea*, fall webworm, developmental rate, lower threshold temperature, temperature dependence

ITS 유전자 marker를 이용한 지역별 매개충 종 동정

홍진아, 정찬식, 한혜림, 문일성

국립산림과학원 산림병해충연구과

소나무재선충(*Bursaphelenchus xylophilus*) 매개충인 솔수염하늘소 (*Monochamus alternatus*)와 북방수염하늘소 (*Monochamus saltuarius*)는 생물학적 뿐만 아니라 형태적으로도 비슷하다. 특히, 유충의 형태를 육안으로 구별하기가 용이하지 않다. 우리가 디자인한 Internal transcribed spacer(ITS) 유전자 마커를 이용하여 지역별로 매개충들의 분포를 알아보았다. 개발한 ITS primer는 PCR을 통하여 유전자 마커로서의 기능을 확인하였고, 이 실험을 입증하기 위하여 실험에 사용했던 유충들을 성충으로 사육한 결과 PCR 실험과 같은 결과를 나타낸 것을 확인하였다. 이러한 ITS PCR method를 이용하여 지역별 매개충 분포를 조사하였다. 소나무재선충병 피해지에서 매개충 유충을 채집하여 PCR을 실행하였다. 그 결과 경기도는 북방수염하늘소, 대구는 솔수염하늘소, 충남과 경북은 솔수염하늘소와 북방수염하늘소가 혼생되어 있는 것을 확인하였다. 더 나아가 이 방법을 이용하여 신규발생지역에서 나타난 매개충의 종류를 유충상태에서 미리 파악이 가능하며, 두 매개충이 혼생하는 지역을 확인하여 예방 및 방제를 할 수 있을 것이라 생각된다.

검색어: 북방수염하늘소, 솔수염하늘소, ITS, 유전자 마커

P157

미얀마산 삼채묘에서 검출된 뿌리혹선충 (*Meloidogyne* spp.)의 형태학적 분류

김동우¹, 박병용², 김숙정³, 전재용^{1*}

¹농림축산검역본부 동식물위생연구부 식물검역기술개발센터

²농촌진흥청 농업과학기술원 작물보호과

³농림축산검역본부 인천공항지역본부 시험분석과

2013년 2월, 인천공항으로 수입된 미얀마산 삼채묘(*Allium hookery*)의 검역 과정에서 뿌리혹선충(*Meloidogyne* spp.)이 검출되었다. 삼채묘에 형성된 뿌리혹은 다양한 형태로 나타나 여러 종이 동시에 감염된 복합감염으로 추정되었다. 따라서 뿌리혹의 형태별로 구분하여 표본을 제작하고, 뿌리혹선충 암컷 후부음문표피무늬를 기준으로 종 동정을 시도하였다.

후부음문표피무늬의 형태에 따라 삼채묘에는 최소 5종의 뿌리혹선충이 감염된 것으로 밝혀졌으며 *M. hapla*, *M. javanica*, *Meloidogyne* sp.1, *Meloidogyne* sp.2, *Meloidogyne* sp.3으로 동정하였다. *M. hapla*와 *M. javanica* 그룹은 국내 분포종으로 형태적 분류 형질이 뚜렷하게 나타났다. 나머지 3개 그룹은 국내 기록종과 대조하여 형태적 형질이 다르게 나타나 국내 미기록종으로 추정되나, 동정을 위한 분류 형질이 복합적으로 나타나 정확한 동정이 이루어지지 않았다. 동정된 선충에 대한 사진 자료를 제공하며, 미동정된 뿌리혹선충의 정확한 동정을 위해 추가적인 연구가 필요하다.

검색어: 삼채묘, 뿌리혹선충, 검역

Concepts and Methods of Large-scale Ecological Data Collection for a Citizen Science Project

Jaeyeon Kang, Eunjae Jang and Yikweon Jang

Department of EcoScience, Ewha Womans University

Collection of ecological data such as the temporo-spatial distribution of a species is very difficult, due to broad distribution over large areas, phenology, and lack of resources for field survey. Citizen science, which is a cooperative scientific endeavor between researchers and interested citizens, is ideal for collecting large-scale ecological data. However, lack of proper equipment, species identification, and/or communication between researchers and participants are hindrance for a successful citizen science project. Here, we introduce the concept and methods of large-scale ecological data collection using smartphone apps. Most of the ecological data typically consist of sound or video recording, picture, geographic coordinate, and notes. There are several apps that can collect some or all of these ecological data. Furthermore, the result of a survey can be reported to researchers using Google Docs. The data collected by non-specialists can be validated by cross-checking of the survey report by Google Docs and the ecological data sent by apps. Finally, we report the results of a citizen science project in which temporo-spatial distributions of cicada species in Korea were studied via smartphone apps and Google Docs.

Key words: Citizen science, ecological data collection, smartphone app, Google Docs

P159

DNA Barcodes of Diptera pests in Pine Mushroom from Korea and China

Kwang-Su Lee¹ and Heung-Sik Lee¹

¹Plant Quarantine Technology Center, Animal and Plant Quarantine Agency, Korea

As pine mushroom market size is about 800 billion won in the world, global trade is being increased. And in Korea, the import volume of Chinese pine mushroom is coming to maximum 10 billion won. Caused by this situation, quarantine on insect pests of pine mushroom was being important. For this problem, we tried to analyze DNA barcodes on Diptera inhabiting in pine mushroom. In this study, 253 fly individuals from Korean mushroom and 13 from Chinese one were used. Diversity on species level was analyzed based on 2.0% threshold approach. In a results, total of 23 species of six families were detected. Among them, 19 species of six families were found from Korean mushroom and four species were from Chinese one. Korean and Chinese faunistic compositions by DNA barcoding were quite different from each other. Therefore, we consider that quarantine inspection on Diptera of pine mushroom is more reinforced, and monitoring on the diptera species from imported Chinese pine mushroom is needed.

Key words: Pine mushroom, Diptera, DNA barcodes, threshold approach, quarantine pest insect.

P160

Effects of Curcuminoids Identified in Rhizomes of *Curcuma longa* on BACE1 Inhibitory and Behavioral Activity and Lifespan of Trans-human APP and BACE1 gene *Drosophila melanogaster*

**Xue Wang¹, Jun-Ran Kim², Seong-Back Lee², Young-Joon Kim³,
Hyung-Wook Kwon² and Young-Joon Ahn²**

¹Entomology Major, Department of Agriculture Biotechnology, Seoul National University

²WCU Biomodulation Major, Department of Agricultural Biotechnology,
Seoul National University

³Department of Life Science, Gwangju Insitute of Science and Technology

An assessment was made of beta-site amyloid precursor protein (APP) cleaving enzyme (BACE1) inhibitory, feeding, climbing activities and lifespan of the diarylalkyls curcumin (CCN), demethoxycurcumin (DCCN) and bisdemethoxycurcumin (BDCCN) identified in the rhizomes of *Curcuma longa*. Based on IC₅₀ values, BDCCN (0.024 mM) was the most inhibitory constituent, followed by DCCN (0.31 mM) and CCN (0.59 mM). Overall the three curcuminoids were significantly less inhibitory than BACE1 inhibitor IV isophthalamide (8.5×10^{-5} mM). The expression of human APP and BACE1 in compound eye of *Drosophila melangaster* presented rough abnormal ommatidial lattice. Co-expression of APP and BACE1 within the developing nervous system of drosophila showed climbing defects. These transgenic flies kept on media containing 1 mM of CCN and BDCCN were observed to ameliorate eye degeneration, significantly suppress locomotive dysfunctions, and increase media life time, as well as isophthalamide. CCN and BDCCN as human BACE1 inhibitory constituents may be used as potential therapeutics or lead molecules to develop Alzheimer's disease treatment drugs.

Key words: Alzheimer's disease, human APP, BACE1, *Curcuma longa*, curcuminoids

P161

Studies on the Viability of *Spodoptera exigua* Pupal Melanism Strain

Junjie Yuan¹, SisiLiu^{1,2} and MoWang¹

¹Department of Plant Science and Dechnology, Huazhong Agricultural University, Wuhan, Hubei, 430070, China

²Department of Entomology and BIO5 Institute, University of Arizona, Tuscon, AZ 85721, USA

Melanism is one of the most marked phenotypic variations that naturally occur in a wide range of organisms. In this study, we established a homozygous melanism mutant strain with black pupae spontaneously occurring within a wild-type population of *Spodoptera exigua*. The *S.exigua* pupal melanic strain showed several viability advantages. The melanism is associated with faster development, heavier pupa weight and higher fecundity after eating seven different host plants. Female adults of the two strains both tend to attract xenogeneic male adults for mating, and the fecundity of the melanic strain is significantly higher than the wild-type strain. However, the melanism is associated with slower mean flight seed, shorter mean flight duration and distance. The melanic strain adults have weaker flight capacity in different ages. The viability advantages above will contribute in more generations per year, increasing population and more serious damage. Meanwhile, based on the mating competition results, the melanic strain will be able to interfere with the reproduction of wide-type strain and replace it. However, decreased flight capacity will influence the long-distance migration ability of the melanic strain and limit its range of damage.

Key words: *Spodoptera exigua*, melanism, viability

P162

Community Compositions of Benthic Macroinvertebrates Collected in Streams in Response to Pollution and Natural Variability

Tae-Soo Chon¹, Dong-Hwan Kim¹, Hyun Duk Cho², Woon-Seok Cho¹
and Young-Seuk Park²

¹Department of Biological Sciences, Pusan National University

²Department of Biology, Kyung Hee University

Benthic macroinvertebrates were collected using the Surber sampler from streams in forest areas in Southern Korea in spring and summer. Self-Organizing Map (SOM) was utilized to reveal community patterns in response to natural and anthropogenic variability in different seasons. The gradient was mainly observed according to degree of pollution and altitude. Subsequently, community compositions reflected seasonality in less-polluted area, showing difference in functional feeding groups. Gatherer-collectors and filterer-collectors were abundantly collected in spring whereas scrapers and predators were sampled in a majority in late summer. Representative species groups were identified in different seasons. persistence in communities in response to natural and anthropogenic variability.

Key words: Self-Organizing Map, seasonality, functional feeding groups, persistence, anthropogenic variability

억새 밭의 해충상과 친환경 방제인자군

유은주, 정영학, 추호렬

경상대학교 응용생물학과

바이오에탄올 작물인 억새는 최근 4대강 수변구역과 공원, 골프장 등 비농경지에 바이오에탄올과 경관조성용으로 많이 식재되고 있다. 그리고 화학적 방제가 어려운 상수도보호구역 등에서 대면적으로 재배되고 있다. 그럼에도 불구하고 억새에 문제가 되고 있는 해충과 이들을 친환경적으로 방제할 수 있는 천적군에 대한 정보는 없다. 따라서 산청, 영천, 화순, 익산의 거대억새 재배지와 제주도 전역의 억새 자생지에서 2012년 9월부터 12월까지 해충의 종류와 친환경방제 인자군을 조사하였다. 조사 결과, 해충은 총 3목 12과 21속 21종이 기록되었다. 메뚜기목 해충은 억새의 잎을 가해하고 있었고 벼메뚜기, 섬서구메뚜기, 등검은메뚜기가 모든 조사지역에서 발견되었다. 화순과 익산의 거대억새 재배지에서는 이화명나방과 가루깍지벌레류가 발견되었는데, 밀도와 피해도가 높았다. 그리고 갈잎거품벌레, 주홍긴날개멸구, 매미충 등도 발견되었다. 친환경방제 인자로는 기생봉인 왕자루맵시벌 (*Ophion luteus*), 고려왕자루맵시벌 (*Stauropogonius bombycivorus*), *Netelia* sp., *Tryphon* sp. 기생봉과 *Beauveria bassiana* 곤충병원성 곰팡이, *Hexameris* sp. 선충이 발견되었다.

검색어: 억새, 해충, 기생봉, 곤충병원성 곰팡이

P164

Morphology of Newly Recorded Species of *Peloribates barbatus* Aoki (Acari: Oribatida: Haplozetidae) from Korea

Jiwon Kim, Badamdorj Bayartogtokh¹ and Chuleui Jung

Department of Bioresource Sciences, Graduate School, Andong National University

¹Department of Zoology, School of Biology and Biotechnology, National University of Mongolia

The genus *Peloribates* is comparatively species rich, and world-wide, more than eighty species are assigned to this genus (Bayartogtokh, 2000). In Korea, four species of *Peloribates* were recorded.

In this study, *Peloribates barbatus* Aoki is reported from Korea for the first time. This species was collected from rice straw mat of Cherry tree in Andong National University. We present the morphology of this species relative to body size, length, shape of sensillus, position of seta, and feeding comparing with previously recorded four species of *Peloribates*. A diagnostic description of this species with detailed illustration.

Key words: *Peloribates*, oribatid mite, morphology, diagnostic, illustration

2013 한국응용곤충학회 정기총회 및 춘계학술발표대회



소모임



작물보호제 관련기업과 한국응용곤충학회와의 상생협력 방안

김재수

전북대학교 교수

한국응용곤충학회는 1962년 이래 국내외 곤충 분야의 연구발전에 많은 분들의 노력과 열정을 담아왔습니다. 곤충연구에서 기초분야뿐만 아니라 응용분야까지 연구영역을 확대함으로써 산/하/연의 긴밀한 관계를 유지해 올 수 있었습니다. 이를 통하여 새로운 인재들이 선진화된 연구환경에서 보다 우수한 연구성과들을 얻을 수 있게 되었습니다. 산업적인 측면에서 해충관리에 대한 연구개발 활성화와 우수 인재의 배출은 특히 작물보호제 관련 산업의 질적인 성장을 뒷받침해 왔습니다. 국내외 연구기관과 작물보호제 산업체와의 콘소시엄을 통해 괄목할만한 작물보호제 제품들과 프로그램들이 생산, 활용되고 있습니다. 본 2013년 춘계 한국응용곤충학회에서는, 이러한 발전 과정중에 있는 작물보호제 관련 기업들과의 컨퍼런스를 통하여 기업들의 연구개발 및 관련 활동에 학회가 일조할 수 있고, 더 나아가 상생협력 할 수 있는 방안에 대하여 자유로운 토론의 장을 마련하고자 합니다.

Key words: 작물보호제, 한국응용곤충학회, 연구기관, 상생협력

곤충 변태의 기원

김효중¹, 김용균²

¹군산대학교 생물학과, ²안동대학교 생명자원과학과

일부 양서류와 곤충의 경우처럼 성장하면서 몸의 형태를 바꾸는 것을 변태라고 한다. 사실 곤충을 포함하여 지구상에 80%이상의 동물이 변태를 통해 성장한다. 곤충은 변태의 종류에 따라 무변태류, 불완전변태류 및 완전변태류로 나뉜다. 그 중에서 제한된 먹이 조건에서 유리한 생활 형태를 갖는 완전변태류가 현재 전체 곤충의 88%를 차지하고 있다. 그러나 이들의 진화적 전후 관계에 대해서는 여러 학설을 낳고 있다. 이러한 학설들은 상이한 학문 분야에서 도출되었다. 초기 고생대 지구의 환경 조건에서 폭발적으로 분화된 종 다양성을 바탕으로 이후의 지구 환경의 변화에 따른 선발과정을 진화생태적 견지에서 더듬어 볼 필요가 있다. 또한 전체 무척추동물 가운데 곤충 계통학적 견지에서 변태의 유래를 분석할 필요가 있다. 여기에는 화석 자료 및 분자유전학적 자료가 포함되게 된다. 다른 무척추동물과 달리 곤충만이 형태가 완전히 분리된, 즉 유충, 번데기, 성충의 변태과정을 밟게 되는 데는 이에 관련된 생리적 기작이 구비되어야 한다. 특별히 이러한 변태를 유발하는 내분비계가 다른 무척추동물에 비해 곤충에서 특이적으로 나타나게 된다. 이 가운데 유약호르몬은 중추적 역할을 담당하고 있다. 변태 과정의 생리적 기작을 바탕으로 여러 학설들을 재조명해볼 수 있다.

※ 본 발표는 “곤충학과 의사소통 연구회”의 공개모임으로 진행됩니다.

기후변화시대의 곤충학 연구의 현황 및 전망

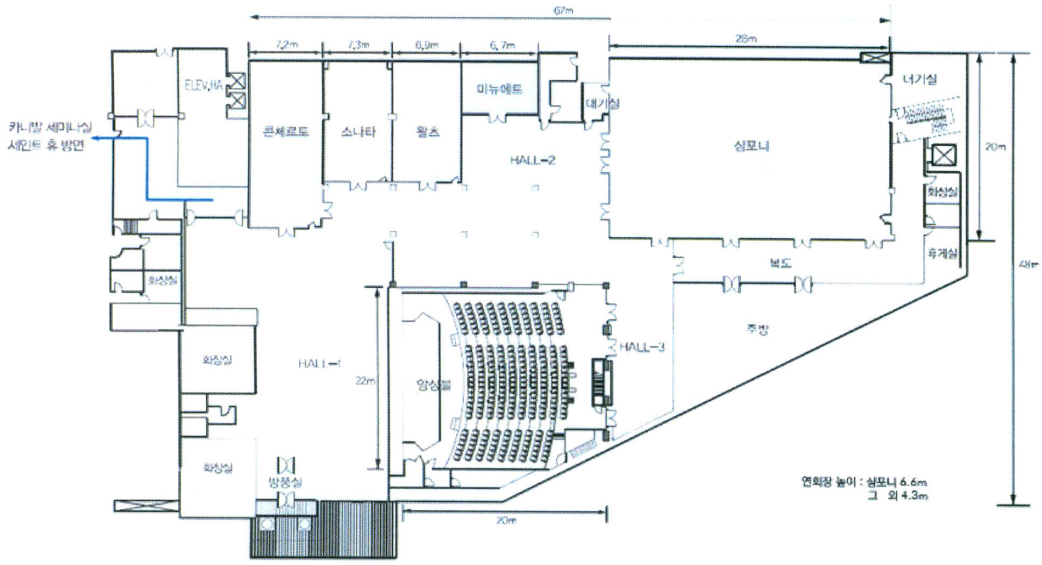
정철의

안동대학교

기후변화란 지질학적 시간을 통해 기후의 변화를 포괄하는 개념이면서 동시에 최근 급격한 지구평균온도의 상승을 칭하기도 한다. 최근 100년간 지표면 평균온도는 0.6-7°C 상승하면서 다양한 형태의 이상기상 현상을 경험하고 있다. 더욱이 한반도는 평균온도 1.6°C 증가를 기록하면서 지구온난화의 핫스팟으로 분류된다. 기후의 변화에 따른 곤충의 생리, 행동, 개체군 분포 및 계절발생, 생태, 종간상호작용 등이 변화할 것으로 예측되며, 이러한 변화는 물론 유전자 수준의 빈도변화 및 유전자 특성에 따라 반응이 달라질 것이다. 현재까지 기후변화에 대응한 연구는 주로 온도, 습도, CO₂의 변화에 대한 곤충 종 또는 군집, 생태계의 반응의 변화 등의 형태로 연구를 진행하고 있으며, 이러한 실질 연구결과를 바탕으로, 또는 선행적으로 모델링이 시도되고 있다. 이 소모임에서는 Andrew et al. (2013)의 분석결과를 바탕으로, 국내외에서 기후변화에 대한 곤충학 분야 연구의 현황을 점검하고 향후 전망을 토론한다

검색어: 기후변화, 온도, 습도, 분포, 남방한계, 북방한계, 모델

학술대회장소 안내도



식당 장소 안내

위치	업장명	주요 음식	단가	비고
만선하우스	만선한식당	한식전문점, 전골류	10,000~30,000	063. 320. 7716
티롤호텔 2층	한식당칠봉	칠봉비빔밥, 백합재첩국, 버섯전골, 영양 갈비찜 등	17,000~38,000	063. 320. 7570
	티롤 양식당	파스타, 스테이크뷔페 (석식, 조식)	34,000~80,000	
카니발 상가	시골집	전골류, 한식류, 해장국	9,000~16,000	063. 320. 6929
	시골한우집	한우전문점	16,000~46,000	063. 320. 6901
	산고을	고기전문점, 한식류, 해장국 등	10,000~15,000	063. 320. 6928
	반딧불콩마을	순두부전문점, 해물파전	9,000~15,000	063. 320. 6914
	완산골명가	콩나물해장국, 쭈꾸미삼겹살	8,000~15,000	063. 320. 6913

※ 학회기간(4.24~26) 중 10% 할인 혜택(한국응용곤충학회 참석자 한함)

단지내 영업장 현황

구분	영업장명	구내 번호	영업시간	주요메뉴	영업장위치	
만선 지역	1	만선 편의점	7711	09:00~22:00	슈퍼	만선 카페테리아 옆
	3	약방	6922	12:00~21:00	구급약품	의무실 옆
설천 지역	4	설천편의점	7705	08:30~ 22:00	슈퍼	설천하우스2 앞
	5	설천봉 편의점	6942	10:00~16:00	슈퍼	설천봉 레스토랑 앞
카니발 상가	6	스포츠샵	6906	08:00~ 22:00	스포츠의류	
	7	버킹검 노래방	6912	17:00~24:00	노래방	
	8	버킹검 당구장	6917	10:30~01:00	당구장	
	9	농협하나로 마트	6930	09:00~22:00	슈퍼	
	10	팡팡오락실	6921	10:30~01:00	오락실	
	11	트리스쿨	6927	10:30~19:00	목공예, 기념품	
	12	민들레울	6915	10:00~22:00	허브제품	
	13	아이리스	6926	10:00~22:00	멀티의류샵	
기타	14	와인갤러리	6902	11:00~21:00	머루와인, 머루주	
	15	티롤 기념품점	7590	10:00~ 18:00	기념품	티롤호텔 2층
	16	GS25	7744	07:00~24:00	슈퍼	개나리동
	17	햇님동마트	6949	09:00~01:00	슈퍼	국민호텔 내
	18	민들레슈퍼	7739	08:30~24:00	슈퍼	민들레동 내
	19	전북은행			은행 (자동화기기)	웰컴센타 내

2013 한국응용곤충학회 정기총회 및 춘계학술발표회



한국응용곤충학회
KOREAN SOCIETY OF APPLIED ENTOMOLOGY

441-707 경기도 수원시 권선구 서둔동 249번지 농촌진흥청 국립농업과학원 작물보호과 내
TEL: 031)291-3681 • FAX: 031)291-2137 • E-mail: office@entomology.or.kr
www.entomology.or.kr