

## 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

## 콩에서 톱다리개미허리노린재 발생 밀도 억제를 위한 집합페로몬 트랩의 효과적인 활용 전략

박창균, 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

## 단감 가해 주요 노린재류에 대한 유인효율 증대 기술

임유진<sup>1,2</sup>, 정부근<sup>2</sup>, 박정규<sup>1</sup>

<sup>1</sup>경상대학교 응용생물학과

<sup>2</sup>경상남도농업기술원 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 Mainali<sup>1</sup>, Md. Abdul Alim, Jaekeun Kim<sup>2</sup>, Youngil Kim<sup>3</sup>,  
Manwoong Park<sup>3</sup> and Un Taek Lim<sup>2</sup>**

<sup>1</sup>Department of Functional Crop, National Institute of Crop Science, RDA, Milyang

<sup>2</sup>Department of Plant Medicine, Andong National University, Andong

<sup>3</sup>GreenagroTech, 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 덫을 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

## 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  $\beta$ -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

정진교<sup>1</sup>, 조점래<sup>2</sup>, 서보윤<sup>2</sup>, 박창규<sup>2</sup>, 염기홍<sup>2</sup>, 최준열<sup>1</sup>, 최낙중<sup>1</sup>, 김용균<sup>3</sup>

<sup>1</sup>국립식량과학원, <sup>2</sup>국립농업과학원, <sup>3</sup>안동대학교

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

**홍용표<sup>1</sup>, 최종하<sup>1</sup>, 유건상<sup>1</sup>, 최선희<sup>2</sup>**

<sup>1</sup>안동대학교 응용화학과, <sup>2</sup>(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 필요한량을 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 접종 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 보기위해 2D-gel electrophoresis를 수행하였으며 160개 정도의 유의성 있게 변화를 보이는 spot을 detection하였다. 또한 복숭아혹진딧물과 배추좀나방이 가해한 배추에서의 chitinase,  $\beta$ -1,3-glucanase, peroxidase, PR1, 그리고 PR4 등의 방어관련 유전자발현 변화를 분석하였다.

**검색어:** 무당벌레, 복숭아혹진딧물, 배추좀나방, 유인, 방어유전자

## 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 LMO안전관리사업을(한국생명공학연구원 LMO연구안전센터 수행) 시행하고 있다.

## 비표적 생물체를 이용한 LMO의 환경 위해성 평가방법

이훈복\*, 김현정, 남종우, 박현철, 정철의<sup>1</sup>, 김태성<sup>2</sup>

서울여자대학교, <sup>1</sup>안동대학교, <sup>2</sup>국립습지센터

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 전 처리 (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, 조명래<sup>1</sup>, 전재용<sup>2</sup>

국립농업과학원 작물보호과, <sup>1</sup>국립원예특작과학원 원예특작환경과,  
<sup>2</sup>농림축산검역본부 식물검역기술개발센터

국가검역관리 선충인 사탕무씨스트선충(*Heterodera schachtii*)이 2011년 7월에 국내 최초로 강원도 태백시 창죽동, 원동, 하사미동 12.7 ha의 배추포장에서 발생되었다. 강원도 태백에서 발생한 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)

홍기정<sup>1</sup>, 이종호<sup>2</sup>, 현익화<sup>2</sup>, 정철의<sup>3</sup>

<sup>1</sup>국립순천대학교 생명산업과학대학 식물 의학과

<sup>2</sup>농림축산검역본부 식물검역부

<sup>3</sup>국립안동대학교 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, Gainesville, 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

## Plant-Parasitic Nematodes of Regulatory Importance to Florida, USA

**Janete A. Brito**

Division of Plant Industry, Florida Department of Agricultural and Consumer Services, Gainesville, Florida, USA; and Courtesy Faculty, Entomology and Nematology Department, University of Florida, Gainesville, Florida, 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 Park<sup>1</sup>, Jae-Kook Lee<sup>1</sup> and Young Ho Kim<sup>2</sup>

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

<sup>2</sup>Department 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  $\Sigma$ 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  $\Sigma$ 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

## **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 Moon<sup>1</sup>, Hye Rhym Han<sup>1</sup>, Joung A Son<sup>1</sup>, Jin A Hong<sup>1</sup>  
and Young Jin Jeong<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Division 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 Kang<sup>1</sup>, Yil-Sung Moon<sup>1</sup> and Si Hyeock Lee<sup>2</sup>**

<sup>1</sup>Division of Forest Insect Pests and Diseases, Korea Forest Research and Institute

<sup>2</sup>Department 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

## 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

## 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 Nam<sup>1</sup>, Key-Il Shin<sup>2</sup>, Kijong Cho<sup>3</sup> and Mun Il Ryoo<sup>3\*</sup>**

<sup>1</sup>Division of Forest Disease and Insect Pests, Korea Forest Research Institute

<sup>2</sup>Department of Statistics, Hankuk University of Foreign Studies

<sup>3</sup>Division 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\*, 에피넷<sup>1</sup>

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](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

## 동일연령집단 기반 개체군 밀도변동 모델을 이용한 톱다리개미허리노린재 연간 생활사 추정

박창균, 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<sup>®</sup> (Maywald et. al., 2007)를 이용하여 구축하였다. 모델은 9개의 모듈로 구성되었으며, Lifecycle 모듈은 알, 1, 2, 3, 4, 5령, 성충의 7개 발육 단계로 구성하였다. 각 충태별 온도에 따른 발육율, 발육완료 함수 및 성충의 사망률함수, 누적산란율 함수는 Kim et al. (2009)이 발표한 논문의 자료를 사용하였다. 총 산란수 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, DIMEX<sup>®</sup>, 평가

## 생태계 생지화학모형을 이용한 2009년 남부지방 소나무 고사현상 분석

강신균<sup>1\*</sup>, 임종환<sup>2</sup>

<sup>1</sup>강원대학교 자연과학대학 환경과학과

<sup>2</sup>국립산림과학원 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<sup>1\*</sup>, Myung-Pyo Jung<sup>2</sup> and Kijong Cho<sup>3</sup>**

<sup>1</sup>Dept. Applied Biology, Institute of Agricultural and Life Science,  
Gyeongsang National University

<sup>2</sup>Crop Protection Division, National Academy of Agricultural Science

<sup>3</sup>Division 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*

S6-1

## **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.

## 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 전파와 삼일열 말라리아 전파과정의 토착화 양태를 파악하기 위하여, 진화 중립적 마커인 microsatellite 43 자위를 이용하여 1996~2011년 사이 국내 발생 삼일열 말라리아 환자의 혈액에 함유된 *P. vivax* 유전체의 유전형 변동을 조사하였다. 1990년대 clonal한 개체군 구조가 관찰되었으나, 2002년 이후 2개 이상의 계통이 다른 원충 개체군이 분포하면서, 2006년 이후 다중감염과 유전형 다양성이 급격히 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



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

Seunggwon Shin<sup>1</sup> and Seunghwan Lee<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Insect 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

## 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

<sup>1</sup>Division 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

## 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 Kim<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Bioinformatics 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

**Ilk-Young Choi<sup>1</sup> and Hyung-Wook Kwon<sup>2</sup>**

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

<sup>2</sup>WCU 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



## 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 Lee<sup>1</sup>, Yong Gyun Kim<sup>2</sup>,  
Jin Kyung Choi<sup>3</sup> and Jong Wook Lee<sup>3</sup>**

Highland Agriculture Research Center, NICS, RDA

<sup>1</sup>Department of Agricultural Biotechnology, Seoul National University

<sup>2</sup>Department of Bioresource Sciences, Andong National University

<sup>3</sup>Department 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*