

2021년도 시민과학풀씨 2기
최종 결과보고서

한국에 서식하는 땅거미속(*Atypus*)의
계통학적 재정립

2021.11.

[땅후루]

김현구·정재욱(한림대학교 생명과학과),
임가윤(서울대학교 농생명공학부 곤충학전공)

한국에 서식하는 땅거미속(*Atypus*)의 계통학적 재정립

[땅후루]





김현구·정재욱(한림대학교 생명과학과), 임가운(서울대학교 농생명공학부 곤충학전공)


1. 서론

거미는 지구상에 약 4억 년 전 출현하였으며 지금까지 곤충과 함께 가장 번성한 동물이라고 할 수 있다. 전 세계적으로 거미의 계통분류학적 연구가 진행됨에 따라 2010년 기준 109과 3802속 41719종에서, 10여년이 지난 2021년 10월 현재 129과 4232속 49713종으로 늘어났다. 거미의 분류 체계는 거미강(Arachnida) 거미목(Araneae)에 속하며, 거미목은 엿실젖거미아목(Suborder Mesothelae)과 뒷실젖거미아목(Suborder Opisthothelae)으로 나뉘고, 뒷실젖거미아목은 다시 원실젖거미하목(Infraorder Mygalomorphae)과 새실젖거미하목(Infraorder Araneomorphae)으로 나뉜다. 이 중 새실젖거미하목을 제외한 나머지를 조상형질을 간직한, 소위 ‘원시거미’라 부른다. 우리가 한국에서 마주할 수 있는 대부분의 거미는 비교적 최근에 분화된 새실젖거미하목에 속하며, 원실젖거미하목에 속하는 땅거미과(*Atypidae*)의 땅거미속(*Atypus*)과 고운땅거미속(*Calommata*)이 국내 일부 서식한다.

본 연구에서는 한국에 서식하는 땅거미속(*Atypus*)에 초점을 맞추고 있다. 한국에 서식하는 거미 중 가장 오래 전 분기했으며, 생애주기의 대부분을 전대그물(purse-web)을 지어 땅 속에서 보내는 독특한 생활사를 가진 거미임에도 불구하고 충분한 국내 거미학자의 부재 등으로 많은 연구가 이루어지지 못했다. 한국에 서식하는 땅거미가 처음 발표된 이후(KIM 1985), 5종(광릉땅거미, 한라땅거미, 안동땅거미, 수원땅거미, 정읍땅거미)이 더 발표되고 1종(동국땅거미)이 동종이명 처리되어 총 6종(김승태, 이수연 2018)이 남기까지 중간 유연관계나 분자계통학적 논문은 단 한편도 발간되지 않았다. 이러한 기초연구의 부족은 추후 여러 문제를 야기했다. 한국에 서식한다고 알려진 6종의 땅거미에 대한 정보가 부족하거나 출처가 명확하지 않아 국제연구의 샘플에서 종종 미포함되었다. 그에 따라 기존에 한국 고유종으로 발표된 6종의 땅거미에 대한 지위도 불확실하다고 할 수 있다. 또한 분자계통학적 연구가 진행되지 않은 상황에서 한국에 서식하는 땅거미들이 모두 외형적으로 뚜렷하게 구별되지 않는다는 점은 더 큰 혼란을 야기했다. 실제로 환경부는 땅거미의 개체 수 감소와 서식지 파괴를 인지하고 한국땅거미(*Atypus coreanus*)를 2012년 멸종위기 야생생물 관찰종으로 지정했다. 그러나 분류 자체가 정립되지 않은 상태에서 6종을 모두 같은 종으로 보고, 개체군 및 개체수가 안정적으로 유지되고 있고, 외부 위협요인 또한 감소하였다고 평가하며 2017년 멸종위기 야생생물 관찰종에서 한국땅거미를 해제하였다. 현재 한국 멸종위기 야생생물 적색자료집에는 한국땅거미 1종이 포함되어 있지만, 어디까지가 한국땅거미인지, 과연 보호해야 하는 종이 한국땅거미인지 불확실하며, 제도적 보호력 또한 없다. 오히려 수원땅거미의 경우 국제적 멸종위기종이라는 내용이 기사화되어 수원청개구리와 함께 수원시 ‘7대 깃대종’에 선정되고, 초등학교 교육교재에 관련내용이 포함되기도 했다. 문헌조사 과정에서 수원땅거미 신종 기재자와 국립생물자원관에 문의한 결과, 수원땅거미의 국제적 멸종위기종 지위는 유언비어임이 확인되었다. 이에 본 연구를 통해 한국에 서식하는 땅거미의 종을 명확하게 재정립하고 한국고유종임을 밝히려 한다. 그리고 보호가 시급하다고 판단되는 특정 땅거미 종을 멸종위기 야생생물 관찰종 내지 멸종위기 야생생물 지정하기 위한 발판을 시민과학자와 함께 만들고자 한다.

○ 관찰종 해제 : 4종 (곤충 2종, 무척추동물 1종, 식물 1종)

분류	종명	사진	해제사유	비고
곤충	개아길알집이		개체군 및 개체수 안정적으로 유지되고 있는 것으로 평가되며 외부 위협요인 또한 감소하여 해제	해제
곤충	말총벌		개체군 및 개체수 안정적으로 유지되고 있는 것으로 평가되며 외부 위협요인 또한 감소하여 해제	해제
무척추동물	한국땅거미		개체군 및 개체수 안정적으로 유지되고 있는 것으로 평가되며 외부 위협요인 또한 감소하여 해제	해제
식물	참굴담초		생육지의 조림 정책 등으로 생육지 훼손 우려는 있으나 큰 영향은 없을 것으로 판단 번식이 왕성하고 개체수 및 개체군 증가가 확인	해제



한국땅거미
Atypus coreanus (EN)

<그림1> 순서대로 *Atypus sp.* 의 전형적인 모습, 멸종위기 관찰종 해제자료, 적색자료집 EN등급 표기자료



<그림2> 수원땅거미와 관련된 불확실한 정보의 뉴스, 그 결과 수원시에 설치된 안내판

2. 본론

1) 시민과학자와의 협업

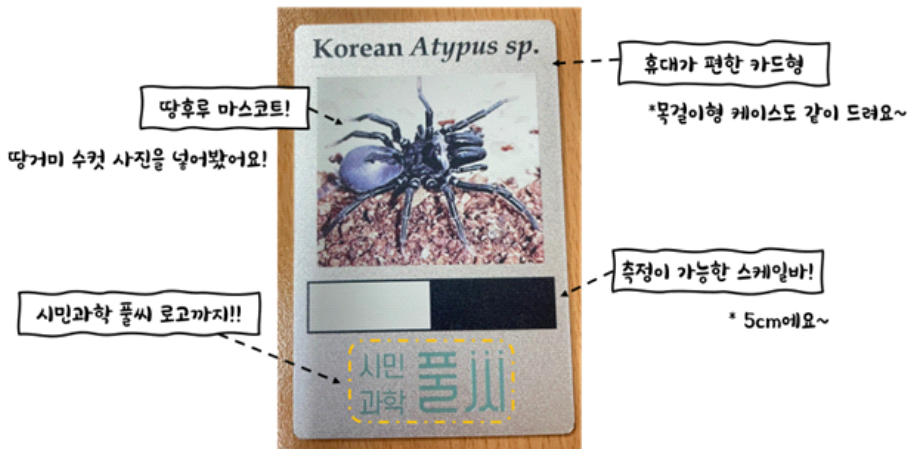
(1) 기초교육 및 지역 모니터링

시민과학자의 연구대상 이해와 데이터 수집에 도움을 주기 위해, 온라인 사전교육 2회와 인스타그램 라이브방송 1회, 현장교육 2회를 진행하였다. 15개의 시민과학자 팀(27명)에게 원시거미의 개념과 한국에 서식한다고 알려진 땅거미 6종, 고운땅거미와의 차이점, 생활사 및 생태, 사진 촬영법을 강의했다. 이후 각 지역에서의 야외 모니터링을 위한 scale-bar가 그려진 카드형 알루미늄 자, 코니컬튜브, 모기기피제 등을 담은 키트를 참여의사를 밝힌 모든 시민과학자 팀에게 발송했다. 또한 코로나 방역수칙에 따라 2회에 걸쳐 소수의 시민과학자와 함께 현장조사와 교육을 진행했으며, 지속적인 피드백과 소통을 위해 카카오톡 오픈채팅방을 운영했다.



<그림3> 좌측 상단부터 온라인 사전교육, 온라인 미팅, 좌측 하단부터 인스타그램 라이브방송, 현장교육

땅후루 카드자 소개~



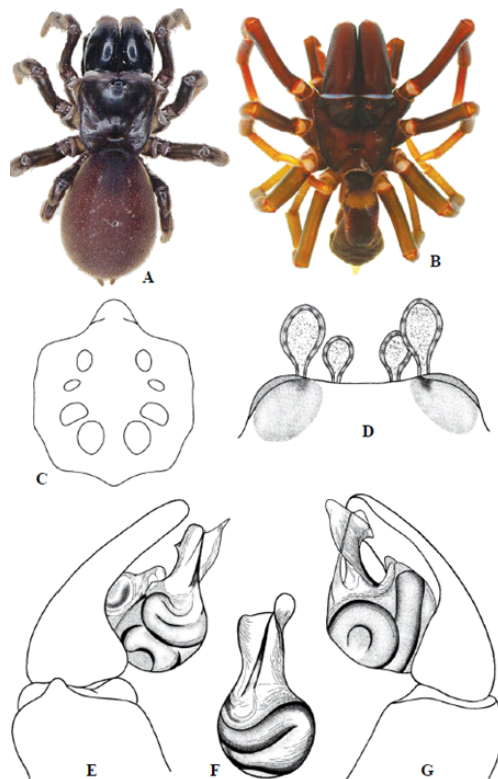
<그림4> 시민과학자에게 배부, 안내된 카드형 알루미늄 자

(2) 동정형질 발굴

시민과학자의 역할을 단순히 데이터를 수집하는 역할이 아닌 그 이상으로 이끄는 것을 목표로, 한 생물의 기재(Description), 동정(Identification), 명명(Nomenclature), 분류(Classification) 작업을 함께 진행하고자 했다. 특히 연구자의 문헌조사 데이터와 표본 데이터를 가지고 시민과학자와의 토론을 통해 동정형질(Morphological keys)을 발굴하는 과정이 활발히 이루어졌다. 기존에 한국에서 이루어진 땅거미의 분류는 형태적 분류이며, 전통적으로 성체의 생식기관과 배갑 문양으로만 동정이 이루어졌다. 그러나 이와 같은 형질은 단점이 명확했다. 암컷 내부생식기의 경우 직접 표본을 손상시켜 배 부분을 절개하고 속을 뒤집어야만 관찰 할 수 있고, 수컷 외부생식기는 소용돌이 모양의 입체적 구조이기 때문에 사진이나 그림과 평면적 구조로 보았을 때 관찰자에 따라 여러 모양으로 관찰될 가능성이 있다. 그럼에도 불구하고 생식기는 중간 생식적 격리를 뒷받침 할 수 있는 유용한 구조적 형질이지만, 집단 내 성체의 개체 수가 적고 성장이 느려 관찰이 어렵다는

땅거미의 특징이 발목을 잡는다. 배갑 문양은 성장 정도에 따라 크기의 차이는 있지만 유체에서 성체까지 모두 흠 배열을 관찰할 수 있다는 장점이 있다. 그러나 현재 학술지에 같은 종으로 분류된 개체끼리도 배갑 흠 배열이 다른 경우가 존재한다. 이것이 동정의 문제인지 형질의 다형성(Polymorphism) 문제인지 검토가 필요한 실정이다. 생식기와 배갑 흠을 포함해 시민과학자와 함께 선정한 최종 동정형질 후보는 아래와 같다.

- ① Male palp/Female spermathecae: 수컷 생식기 구조/암컷 내, 외부 생식기-수정낭 형태 및 개수
- ② Sternum sigillae: 배갑 흠의 형태(크기, 모양) 및 배열 위치
- ③ Body size: Carapace/Chelicera/Abdomen/Leg(length&width)
- ④ Carapace: 등갑의 형태. ex)사다리꼴, 앞변이 뒷변보다 길다 혹은 비슷하다.
- ⑤ Spinneret segment: PLS(Post-Lateral Spinneret)-실뿔 마디 개수
- ⑥ Coloration: 개체의 색에 따른 분류
- ⑦ Eyes: 각 눈의 간격, 배열
- ⑧ Chelicera: 독아의 형태(크기, 모양)
- ⑨ Fang: 독니의 형태(크기, 모양)
- ⑩ Spine: 가시털의 분포정도와 배열



<그림5> 한국땅거미(*Atypus coreanus*)의 전통적 동정형질들. A. 암컷 성체, B. 수컷 성체, C. 배갑 흠, D. 암컷 내부생식기, E, F, G. 수컷 외부생식기의 각도별 그림 (김승태, 이수연 2018)

2) 연구자의 데이터수집 및 분석

(1) 문헌조사, 표본조사

본격적인 현장 탐사에 앞서 땅거미속과 땅거미과를 다룬 국내문헌을 전수조사하고, 근연종을 다

문 해외문헌 또한 검토했다. 또한 국내의 각 기관에서 보관중인 땅거미 표본의 소재를 파악하여 개인소장 및 행방을 알 수 없는 표본이나 기준표본을 제외하고, 열람이 가능한 국가기관(국립생물자원관, 국립중앙과학관)에서 공식적으로 표본을 관찰했다. 확인 결과 표본은 대부분 성체 단계의 개체였으며 상태 또한 대체로 잘 보존되었다. 그러나 오래전 기탁된 표본이 많아 유실 표본이 일부 존재했다. 기관별 열람 대상 표본은 아래와 같다.

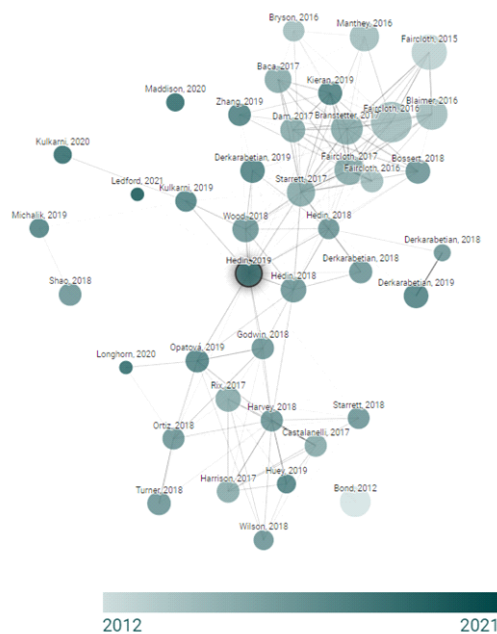
① 국립생물자원관 표본

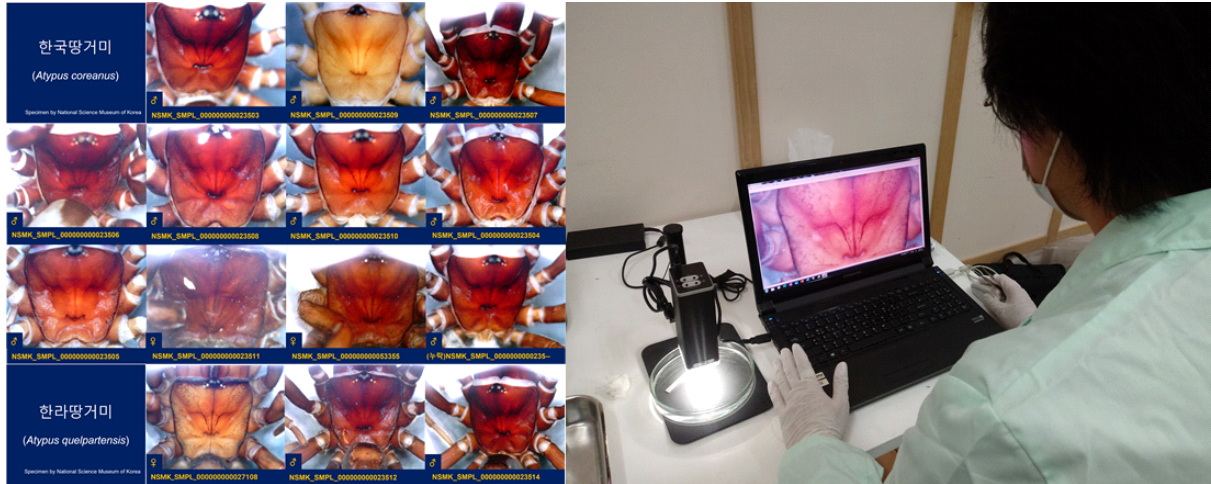
- NIBRIV0000239529
- NIBRIV0000080369
- NIBRIV0000080368
- NIBRIV0000872761
- NIBRIV0000080370

② 국립중앙과학관 표본

- NSMK_SMPL_000000000023505
- NSMK_SMPL_000000000023506
- NSMK_SMPL_000000000023507
- NSMK_SMPL_000000000023508
- NSMK_SMPL_000000000023509
- NSMK_SMPL_000000000023510
- NSMK_SMPL_000000000023511
- NSMK_SMPL_000000000023503
- NSMK_SMPL_000000000023504
- NSMK_SMPL_000000000043650
- NSMK_SMPL_000000000053355
- NSMK_SMPL_0000000000474180

<표1> 조사에 활용한 해외문헌 Network graph





<그림6> 국립중앙과학관 표본 취합자료, 현미경 관찰 사진

(2) 현장 탐사

문헌조사에서 기록이 확인된 지역과, 땅거미 6종에 대한 모식산지(예봉산, 수원, 정읍, 안동 등)를 위주로 현장에서 관찰, 촬영 및 샘플링이 이루어졌다. 그 다음, 땅거미의 서식에 적합한 생태, 환경적 요건을 데이터화하고 정립하여 이와 유사한 조건을 가진 전국의 다양한 지역에서 탐사를 진행했다. 생물학적 지표는 아니지만 행정지역상 서울, 경기, 강원, 충남, 충북, 전남, 전북, 경남, 경북에서 모두 1지점 이상 서식지를 발견하여 땅거미 관찰에 성공했으며, 제주도 지역은 본 프로젝트 시작 이전 연구진이 사전에 탐사했다.

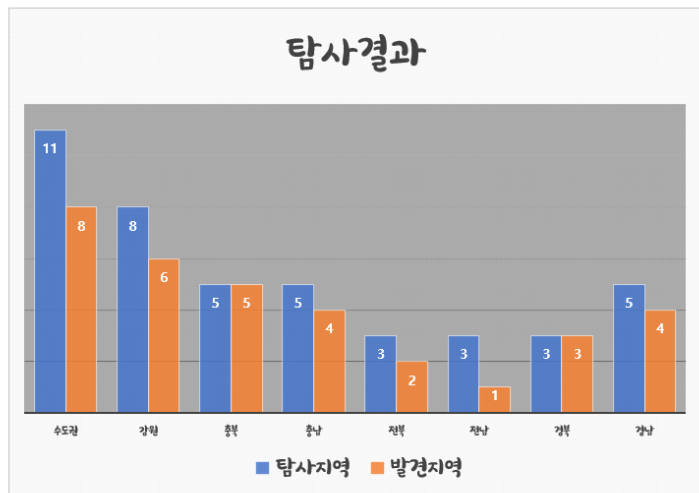
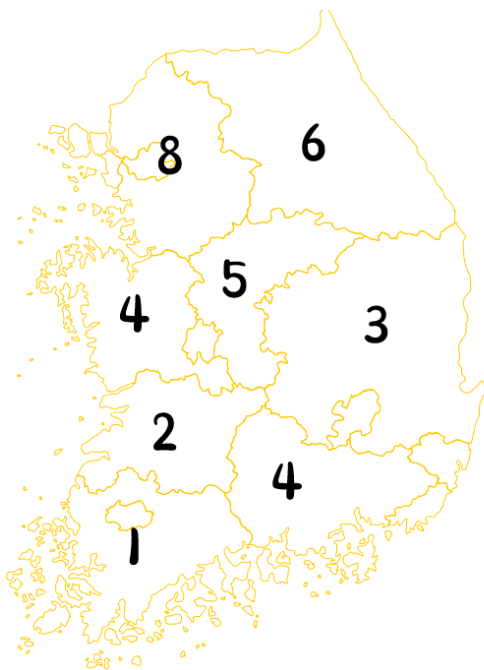


<그림7> 현장 탐사 사진



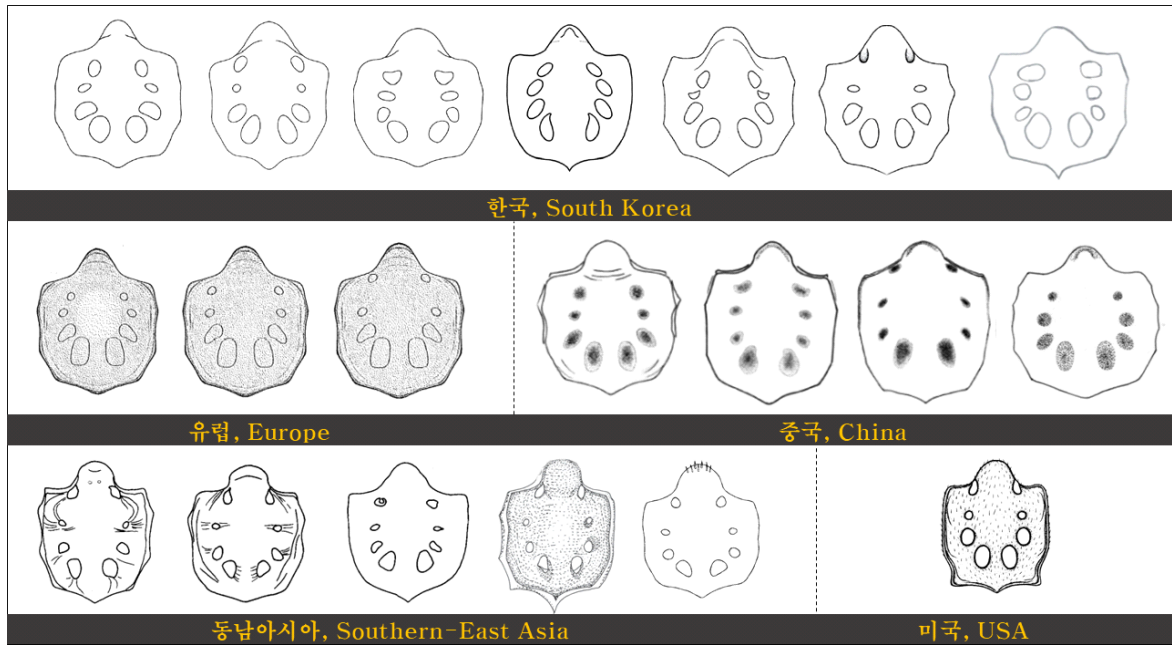
<그림8> 땅거미의 전대그물 발견 시 카드형 알루미늄 자를 이용한 촬영

<표2> 2021년 전국 탐사기록



(3) 형질비교, 동정형질 선정

현장 탐사 시 생태와 환경적 형질을 기록하고, 샘플링이 이루어진 개체들은 현미경으로 외형적 형질을 기록했다. 사진으로 기록된 형질들은 국립생물자원관과 국립중앙과학관 표본 데이터와 합산 후, 객관적인 연구를 위해 개체의 서식산지를 블라인드 처리했다. 이후, 문헌조사에서 기존에 주로 사용되었던 동정형질과 시민과학자와의 토론으로 선정된 동정형질, 연구자가 새로 발굴한 동정형질을 기준으로 블라인드된 사진데이터를 다양하게 분류하여 분자계통학적 분석 전 임의동정을 했다. 또한 국내에 서식하는 땅거미뿐 아니라 해외에 서식하는 땅거미의 형질도 비교분석했다.



<그림9> 한국과 해외의 땅거미속의 형질비교 예시

(4) 분자계통학적 분석

지역별로 샘플링한 개체에서 미량의 조직을 채취해 DNA를 추출했다. 같은 산지의 표본이 여러 개체 있을 경우 표본방식에 따라서는 액침표본-건조표본 순으로, 성숙 정도에 따라서는 아성체-유체-성체 순으로 샘플을 선정했다. 액침표본이 건조표본보다 DNA수율이 더 높았으며, 현미경으로 형질을 관찰하기에도 더 용이했다. 완전히 성숙한 성체는 크기가 가장 커서 확인할 수 있는 형질이 다양한 주요표본이고, 유체는 원하는 DNA수율을 얻기 위해선 표본 전체를 갈아야 하는 부담이 있다. 이러한 이유로 아성체 표본이 샘플선정에 가장 선호되었다. 샘플로 선정된 표본은 멸균된 도구를 사용해 배 부분을 제외한 나머지(주로 다리마디)를 일부 채취했다. 배 속의 장관에는 다른 미생물이나 먹잇감의 잔해와 같은 이물질이 섞여있을 가능성이 있기 때문이다. DNA는 여러 가지 키트를 활용하여 추출했으며 Nano drop과 Qubit Fluorometer로 수율을 확인했다. PCR(polymerase chain reaction)을 위한 타겟 유전자는 문헌조사를 통해 1차 선별 후(CO1, 28S, 16S, ND1, H3, 12S, ITS, Actin 등), 실험적 결과를 통해 재선정했다. 염기서열 시퀀싱 이후 최종 계통수를 얻기까지의 전반적인 실험 과정은 아래와 같다.

① 표본 처리

각 개체를 라벨링하여 80%이상의 에탄올에 넣어 -80도에 보관한다.

② 분자계통학적 비교를 위한 DNA추출

거미의 DNA 추출은 시료의 양에 따라 QIAGEN의 Gentra Puregene Kit, QIAamp DNA Mini Kit, DNeasy Blood&Tissue Kit를 사용했다.

③ DNA의 특정 유전자지역 증폭

ex)분자계통학적 비교에 주로 쓰이는 미토콘드리아 CO1유전자의 약 658bp지역을 LCO1490과 HCO2198 프라이머를 이용해 PCR한다.

LCO1490 (5'-GGTCAACAAATCATAAAGATATTGG-3')

HCO2198 (5'-TAAACTTCAGGGTGACCAAAAAAT-3')

④ PCR증폭 여부를 확인하기 위한 전기영동.

목표하는 유전자 지역의 증폭 여부를 확인하기 위해 전기영동 결과 원하는 사이즈의 band가 뜨는 것을 확인한다.

⑤ Sequencing결과를 이용한 계통수 작성.

-PCR product를 Sanger sequencing한다(본 연구에서는 Macrogen사 이용).

-Sequencing을 통해 얻어진 염기서열 정보에 대한 오류검토 후, 컴퓨터 프로그램으로 비교하여 여러 가지 모델에 기반해 최적화된 계통수를 작성한다.

Table with 19 rows (Species/Abbrv) and 45 columns of DNA sequence data (A, G, C, T). Rows include Calommata signata and various Atypus sp. sequences.

<그림10> Sequencing을 통해 얻어진 염기서열 중 일부

3. 결론

1) 프로젝트 결과

(1) 시민과학

시민과학자들은 프로젝트 시작 이후 2021년 5월 1일에서 2021년 10월 6일까지 5개월의 시간동안 자유롭게 탐사를 진행했다. 어린이과학동아 지구사랑탐사대 홈페이지에 총 11개의 기록이 올라왔으며, 데이터로 활용 가능한 글은 4개였다. 시민과학자들은 사전교육에서 알려준 방법으로 카드자를 이용해 기록을 남겼다. 이 기록은 기존에 알려진 땅거미의 서식지 외에 다양한 추가 서식지를 발견했다는 점에서 의의가 있다.



[♣시민과학풀씨]생물탐사 - 210928 - 2 (0)

김태현 기자 | 레벨5



[♣시민과학풀씨]해리포터 - 211005 - 2 (0)

임주영 기자 | 레벨6

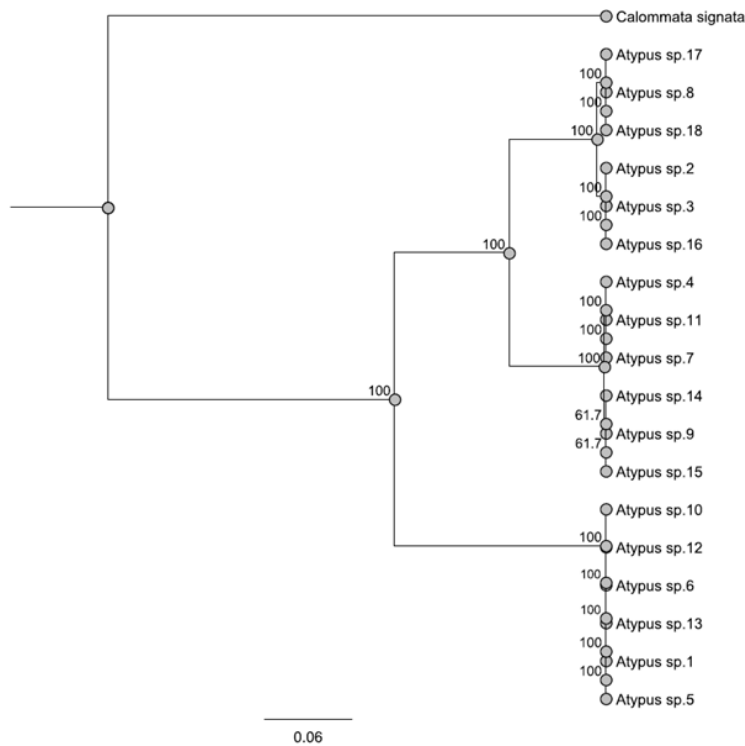
전대그물 10개 넘게 발견! 땅거미 탐사. 탐사일자: 2021.10.04 21:08. 탐사지역: 서울특별시 강남구 테헤란로. 탐사내용: 전대그물 10개 넘게 발견! 땅거미 탐사. 탐사결과: 전대그물 10개 넘게 발견! 땅거미 탐사. 탐사방법: 전대그물 10개 넘게 발견! 땅거미 탐사.

<그림11> 시민과학자들이 업로드한 사진기록과 글

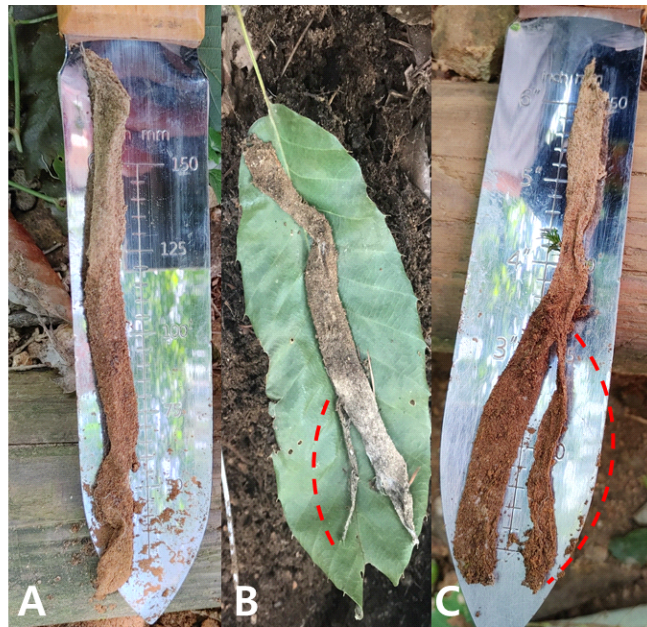
(2) 연구적 결론

분자계통학적 분석 결과 한국에 서식하는 땅거미는 크게 3개의 단계통군으로 분기한 3종일 가능성이 매우 높음을 밝혀냈다. 세포 내 소기관(미토콘드리아) 유전자와 핵 유전자를 각각 이용해 분석했을 때 공통적으로 3개의 그룹으로 분기되는 계통수를 지지했다. 본 연구에 사용된 땅거미 샘플이 한국 전체의 서식범위를 나타낸다고 할 수는 없지만, 상당 부분 대표성을 가진다. 이에 추가 연구를 통해 6종의 땅거미 중 일부에 대한 동종이명 처리가 이루어져야 할 것이다. 미국 국립생물공학정보센터(NCBI)에 등록되어 있는 해외 땅거미의 염기서열을 연구 데이터와 비교한 결과, 한국에 서식하는 땅거미는 모두 우리나라 고유종임을 확인했다. 한국의 땅거미는 일본, 중국, 유럽의 종과 비교해 상당한 유전적 분화가 있었다. 그러나 한국에 서식하는 땅거미 그룹들이 완전한 단계통을 이루지는 않았다.

<표3> 미토콘드리아 유전자와 핵 유전자가 공통적으로 지지하는 계통수 (시퀀싱이 완벽하지 않은 개체 제외)



형태적 형질을 분자계통수와 비교해 재평가했을 시에도 유의미한 결과가 있었다. 계통수 상 3개의 OTU (Operational Taxonomic Unit)을 위에서부터 A, A', B 그룹이라고 했을 때, 배갑 형질로 A/A' 그룹과 B그룹을 구분할 수 있었다. 그러나 서로 같은 공통조상을 가진 A와 A'는 구별하지 못했다. 3종을 모두 구별하진 못하지만 B종을 확실히 동정할 수 있는 형질인 것이다. 수컷 성체의 생식기 형질의 경우, OTU간 약간의 차이는 있었지만 각도에 따른 변화가 극심해 유용한 형질로 판단하기엔 이르다는 결론을 내렸다. 2종 이상이 혼재하는 서식지가 존재하기에 분포 지역으로 종을 구분하는 것도 한계가 있어 보인다. 다른 형태 형질 후보들은 개체 사이즈가 작아 관찰이 어려운 경우가 많아서 추후 데이터 확보가 필요하다. 추가적으로 전대그물 제작 방식이나 탈피껍질 처리 방식, 짝짓기 기간 등의 생태적 후보형질도 발굴하여 검토 중이다.



<그림12> 전대그물 제작 방식의 차이. A. 일반적인 전대, B. 작은 엽갈래 전대, C. 큰 엽갈래 전대

2) 한계점

본 프로젝트에서 예상하지 못했던 가장 큰 한계점은 시민과학자와의 함께하는 시간의 부족이었다. 땅거미의 관찰하기 어려운 특성상 연구자와 함께하는 현장교육이 필수적인데, 매달 코로나19에 따른 사회적 거리두기 정책이 강화되어 대부분 온라인상으로 교육이 이루어졌다. 우려한 것처럼 많은 시민과학자들이 탐사에 나섰지만 땅거미의 전대그물 발견에 어려움을 느꼈다. 프로젝트 특성상 수 개월의 제한된 시간도 시민과학자가 충분한 탐사를 하기에는 부족함이 있었다.

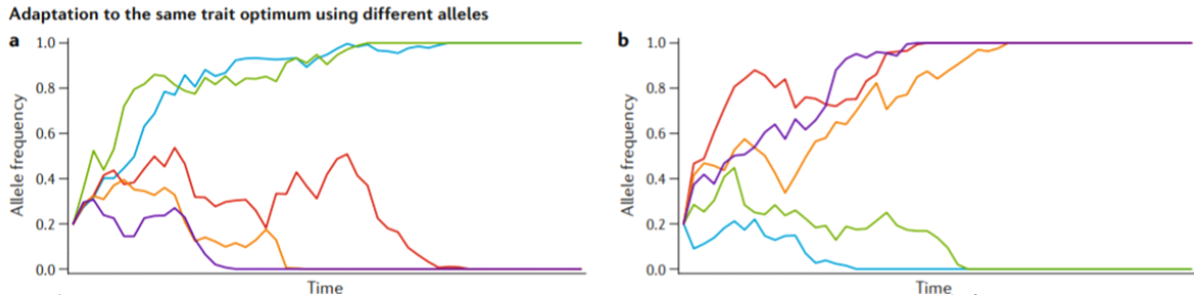
다른 한계점은 연구과정에 비한 연구결과의 데이터량 부족이다. 전국적으로 30사이트가 넘는 지역에서 샘플링이 이루어졌지만, 분자계통학적 실험에 쓰인 샘플의 수는 이에 미치지 못했다. 실험에 쓰이는 키트와 시퀀싱 비용이 예상보다 상당히 들어가서이다. 결과의 신뢰성을 위해 한 사이트당 한 개체가 아닌 여러 개체를 실험에 사용해야 한다는 것을 감안하면 데이터의 폭은 더욱 줄어들 수밖에 없다. 추후 남은 샘플들에 대한 실험을 진행해 데이터를 보완하여 정식 학술지에 투고할 계획이다.

3) 고찰

(1) 생물학 연구의 새로운 지평

땅거미 연구는 새로운 은밀종(cryptic species)연구이다. 은밀종이란 말 그대로 유전적으로는 다른 종이지만 외형적 형질이 거의 같은 ‘숨은 종’이다. 분자계통학적 연구가 활발히 이루어지면서 은밀종이 종종 발견되고 있는데, 이는 생물 다양성 그 이상의 의미를 가진다. 은밀종은 비교적 가까운 시간에 공통조상으로부터 분기한 자매종인 경우가 많다. 즉, 종 분화를 더 가까이 높은 해상도로 볼 수 있다는 뜻이다. 이러한 은밀종들에 대한 연구는 종 분화 메커니즘 자체에 대한 ‘진화 모델 생물’ 연구로 이어진다. 또한 중간 경계설정(species delimitation)의 확립기준에도 영향을 줄 것이다. 이렇게 눈에 보이지 않았지만 보전유전학적으로 독립적인 가계를 가진 생물을 보호하여

유전적 다양성을 자연적으로 유지할 수 있다. 은밀종은 유전형이 표현형에 미치는 다유전자 적응에 대한 연구에도 큰 도움이 된다. 최근의 연구들은 유전형이 달라도 표현형이 얼마든지 같을 수 있다는 것을 보여준다(김준 2020). 서로 다른 대립유전자의 조합이어도 비슷한 환경에 적응하고, 시간이 지나면 같은 형질 최적값에 도달한다. 이처럼 새로운 은밀종 발굴은 생물학 자체의 지평을 넓혀는데 기여할 수 있다.



<그림13> 서로 다른 조합의 대립유전자가 결국 형질 최적값에 동일하게 도달할 수 있다. (Barghi. N, 2020)

땅거미 자체에 대한 연구는 또 다른 생물을 연구하는 발판이 된다. 해외에서는 거미를 애벌레에게 줄 먹이로 삼는 대모벌에 대한 연구가 어느 정도 이루어져 있다. 그 중 땅거미를 사냥하는 대모벌도 있다. 땅거미에 대한 상세한 계통적, 생태적 연구 없이는 이들의 연구도 이루어질 수 없고, 실제로 거의 연구된 바가 없다. 한국에도 땅거미잡이대모벌(*Aporus unicolor*)이라는 이름으로 기록이 남아있다. 한국에 서식하는 땅거미 연구가 진행된다면 한국의 땅거미를 사냥하는 땅거미잡이대모벌의 독특한 생태도 밝혀낼 수 있을 것이다.

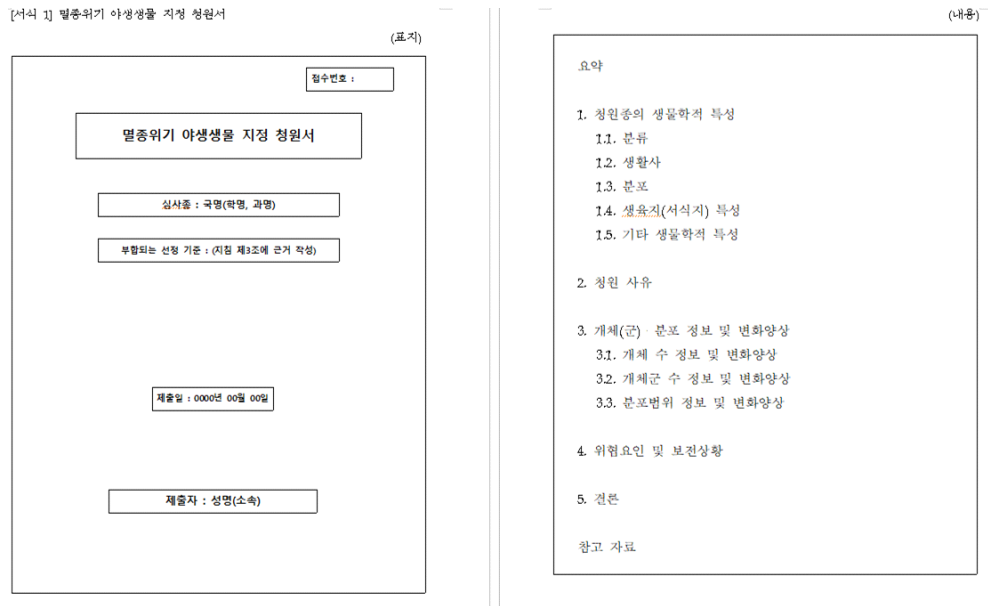


<그림14> 미국의 대모벌류(*Aporus hirsutus*)가 땅거미류(*Aptostichus simus*)를 사냥하는 모습

(2) 멸종위기종

현재 대한민국의 ‘야생생물 보호 및 관리에 관한 법률’에 따르면 법적 효력으로 보존할 수 있는 최소 단위는 ‘종’이다. 아직 계통학적 연구가 되지 않아 종으로 인정받지 못한 은밀종의 경우 애매한 상황이 벌어질 수 있다. 외형적으로 하나의 종으로 보이는 은밀종이 포함된 그룹이 멸종위기종으로 지정되어 있는지 아닌지에 따라 은밀종의 운명은 좌우된다. 보호받을 필요가 불충분함에도 법적 보호를 받거나, 멸종이 코앞임에도 비슷하게 생긴 종의 개체수가 많다는 이유로 보호를 받지 못할 수 있다. 사실, 이미 인지되지 않은 사례가 수없이 존재할 것으로 보인다. 보전단위가 하나의

중 수준인 것과는 별개로 이미 연구가 잘 되어있는 종, 대중에게 인지도가 있는 종이 멸종위기종 지정에 주요한 요건인 것도 한계점이다. 멸종위기종 혹은 관찰종으로 지정받기 위해선 ‘멸종위기 야생생물 지정 청원서’를 작성해야 한다. 주요 항목을 보면 분류, 생활사, 분포, 분포 변화양상 등이 있는데, 사실상 연구가 상세히 되지 않은 종은 이러한 정보를 알기 어렵다.



<그림15> 멸종위기 야생생물 지정 청원서

땅거미는 다른 대부분의 거미들과 마찬가지로 유사비행을 하지만 이동성이 크지 않고, 부모세대가 서식한 자리 인근에서 다음 세대를 이어나간다. 그래서 한 개체가 하나의 전대그물을 짓고 독립적으로 살아가지만, 전체적으로 보면 일정 범위 안에 집단으로 서식하는 것이 대부분이다. 그 집단에서 몇 마리가 성체로 성장하느냐가 다음 세대의 집단 크기를 결정한다. 그러나 땅거미가 성체까지 무사히 자랄 생존률은 높지 않고, 성장속도 또한 매우 느린 편이다. 이러한 이유로 집단의 크기는 굉장히 다양하다. 한 산의 나무 밑동마다 전대그물을 발견할 수 있을 정도로 안정적인 대형 집단이 있는가 하면, 아무리 찾아도 몇 개체가 보이지 않는 집단도 있다. 작은 집단은 근친교배의 가능성이 높아지고, 시간이 흐를수록 유전적 다양성이 떨어져 더 작은 집단이 되며, 이것이 반복되면 한 집단의 소실로 이어지게 된다. 만약 모든 집단이 이런 상황에 놓인다면 그 종은 결국 멸종에 이르게 된다. 탐사 결과 한국의 몇몇 지역에서 오랜 세월 동안 성공적으로 대형 개체군을 유지한 집단을 발견할 수 있었다. 이런 집단에서부터 다양한 이유로 떨어져 나온 것으로 생각되는 작은 개체군들이 주변 지역에서 발견되었다. 분자계통학적 분석 결과 이렇게 오래전에 이주한 개체군 중 일부가 고립된 지역에서 유전적으로 독립적인 집단을 형성하고 지금까지 유지한 것을 확인할 수 있었다. 이 집단들이 소실된다면 앞으로 또 다른 은밀종으로 분화할 유전적 가능성 또한 없어지는 것이며, 이는 땅거미 종들 전체의 미래에도 영향을 미친다. 본 연구를 통해 정책적 보호의 법적 효력을 하나의 종이 아닌, 종 내의 집단으로 변경하기를 제안하는 바이다.

참고문헌

- Pedersen, A. A., & Loeschcke, V. Conservation genetics of peripheral populations of the mygalomorph spider *Atypus affinis* (Atypidae) in northern Europe. *Molecular Ecology*, 10(5), 2001, 1133 - 1142.
- Řezáč, M., Řezáčová, V., & Pekár, S. The distribution of purse-web *Atypus* spiders (Araneae: Mygalomorphae) in central Europe is constrained by microclimatic continentality and soil compactness. *Journal of Biogeography*, 34(6), 2007, 1016 - 1027.
- BEAVIS, A. S., SUNNUCKS, P., & ROWELL, D. M. Microhabitat preferences drive phylogeographic disparities in two Australian funnel web spiders. *Biological Journal of the Linnean Society*, 104(4), 2011, 805 - 819.
- Vidergar, N., Toplak, N., & Kuntner, M. Streamlining DNA Barcoding Protocols: Automated DNA Extraction and a New *cox1* Primer in Arachnid Systematics. *PLoS ONE*, 9(11), 2014, e113030.
- Vera Opatova, Chris A Hamilton, Marshal Hedin, Laura Montes De Oca, Jiří Král, Jason E Bond. Phylogenetic Systematics and Evolution of the Spider Infraorder Mygalomorphae Using Genomic Scale Data. *Systematic Biology*, Volume 69, Issue 4, July 2020, 2020, 671 - 707
- Hedin M, Derkarabetian S, Alfaro A, Ramírez MJ, Bond JE. Phylogenomic analysis and revised classification of atypoid mygalomorph spiders (Araneae, Mygalomorphae), with notes on arachnid ultraconserved element loci. 2019.
- Buzatto, B. A., Haeusler, L., & Tamang, N. Trapped indoors? Long-distance dispersal in mygalomorph spiders and its effect on species ranges. *Journal of Comparative Physiology A*, 207(2), 2021, 279 - 292.
- Hendrixson, B. E., & Bond, J. E. Testing species boundaries in the *Antrodiaetus unicolor* complex (Araneae: Mygalomorphae: Antrodiaetidae): “Paraphyly” and cryptic diversity. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 36(2), 2005, 405 - 416.
- Hedin, M., & Bond, J. E. Molecular phylogenetics of the spider infraorder Mygalomorphae using nuclear rRNA genes (18S and 28S): Conflict and agreement with the current system of classification. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 41(2), 2006, 454 - 471.
- Bond, J. E., & Hedin, M. A total evidence assessment of the phylogeny of North American euctenizine trapdoor spiders (Araneae, Mygalomorphae, Cyrtaucheniidae) using Bayesian inference. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 41(1), 2006, 70 - 85.
- Ayoub, N. A., Garb, J. E., Hedin, M., & Hayashi, C. Y. Utility of the nuclear protein-coding gene, elongation factor-1 gamma (EF-1γ), for spider systematics, emphasizing family level relationships of tarantulas and their kin (Araneae: Mygalomorphae). *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 42(2), 2007, 394 - 409.
- Hamilton, C. A., Formanowicz, D. R., & Bond, J. E. Species Delimitation and Phylogeography of *Aphonopelma hentzi* (Araneae, Mygalomorphae, Theraphosidae): Cryptic Diversity in North American Tarantulas. *PLoS ONE*, 6(10), 2011, e26207.
- Bond, J., Hamilton, C., Garrison, N., & Ray, C. Phylogenetic reconsideration of *Myrmekiaphila* systematics with a description of the new trapdoor spider species *Myrmekiaphila tigris* (Araneae, Mygalomorphae, Cyrtaucheniidae, Euctenizinae) from Auburn, Alabama. *ZooKeys*, 190, 2012, 95 - 109.
- Arabi, J., Judson, M. L. I., Deharveng, L., Lourenço, W. R., Cruaud, C., & Hassanin, A. Nucleotide Composition of CO1 Sequences in Chelicerata (Arthropoda): Detecting New Mitogenomic Rearrangements. *Journal of Molecular Evolution*, 74(1-2), 2012, 81 - 95.
- Bond, J. Phylogenetic treatment and taxonomic revision of the trapdoor spider genus *Aptostichus* Simon (Araneae, Mygalomorphae, Euctenizidae). *ZooKeys*, 252, 2012, 1 - 209.
- Bond, J. E., Hendrixson, B. E., Hamilton, C. A., & Hedin, M. A Reconsideration of the Classification of the Spider Infraorder Mygalomorphae (Arachnida: Araneae) Based on Three Nuclear Genes and Morphology. *PLoS ONE*, 7(6), 2012, e38753.
- Opatova, V., Bond, J. E., & Arnedo, M. A. Ancient origins of the Mediterranean trap-door spiders of the family Ctenizidae (Araneae, Mygalomorphae). *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 69(3), 2013, 1135 - 1145.
- Castalanelli, M. A., Teale, R., Rix, M. G., Kennington, W. J., & Harvey, M. S. Barcoding of mygalomorph spiders (Araneae : Mygalomorphae) in the Pilbara bioregion of Western Australia reveals a highly diverse biota. *Invertebrate Systematics*, 28(4), 2014, 375.
- Řezáč, M., & Heneberg, P. Conservation status of the only representative of infraorder Mygalomorphae (Araneae) in cultivated regions of Central Europe. *Journal of Insect Conservation*, 18(4), 2014, 523 - 537.
- Opatova, V., & Arnedo, M. A. From Gondwana to Europe: inferring the origins of Mediterranean *Macrothele* spiders (Araneae : Hexathelidae) and the limits of the family Hexathelidae. *Invertebrate Systematics*, 28(4), 2014, 361.
- Kuntner, M., Xin, X., Liu, F., Chen, J., Ono, H., & Li, D. A genus-level taxonomic review of primitively segmented spiders (Mesothelae, Liphistiidae). *ZooKeys*, 488, 2015, 121 - 151.
- Kornilios, P., Thanou, E., Kapli, P., Parmakelis, A., & Chatzaki, M. Peeking through the trapdoor: Historical biogeography of the Aegean endemic spider *Cyrtocarenum Ausserer*, 1871 with an estimation of mtDNA

- substitution rates for Mygalomorphae. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 98, 2016, 300 - 313.
- Wheeler, W. C., Coddington, J. A., Crowley, L. M., Dimitrov, D., Goloboff, P. A., Griswold, C. E., ... Zhang, J. The spider tree of life: phylogeny of Araneae based on target-gene analyses from an extensive taxon sampling. *Cladistics*, 33(6), 2016, 574 - 616.
 - Harrison, S. E., Harvey, M. S., Cooper, S. J. B., Austin, A. D., & Rix, M. G. Across the Indian Ocean: A remarkable example of trans-oceanic dispersal in an austral mygalomorph spider. *PLOS ONE*, 12(8), 2017, e0180139.
 - Godwin, R. L., Opatova, V., Garrison, N. L., Hamilton, C. A., & Bond, J. E. Phylogeny of a cosmopolitan family of morphologically conserved trapdoor spiders (Mygalomorphae, Ctenizidae) using Anchored Hybrid Enrichment, with a description of the family, Halonoproctidae Pocock 1901. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 126, 2018, 303 - 313.
 - Harvey, M. S., Hillyer, M. J., Main, B. Y., Moulds, T. A., Raven, R. J., Rix, M. G., ... Huey, J. A. Phylogenetic relationships of the Australasian open-holed trapdoor spiders (Araneae: Mygalomorphae: Nemesiidae: Anaminae): multi-locus molecular analyses resolve the generic classification of a highly diverse fauna. *Zoological Journal of the Linnean Society*. 2018.
 - Huey, J. A., Hillyer, M. J., & Harvey, M. S. Phylogenetic relationships and biogeographic history of the Australian trapdoor spider genus *Conothele* (Araneae: Mygalomorphae: Halonoproctidae): diversification into arid habitats in an otherwise tropical radiation. *Invertebrate Systematics*. 2019.
 - Ferretti, N. E., Soresi, D. S., González, A., & Arnedo, M. An integrative approach unveils speciation within the threatened spider *Calathotarsus simoni* (Araneae: Mygalomorphae: Migidae). *Systematics and Biodiversity*, 2019, 1 - 19.
 - Xu, X., Kuntner, M., Bond, J. E., Ono, H., Ho, S. Y. W., Liu, F., ... Li, D. Molecular species delimitation in the primitively segmented spider genus *Heptathela* endemic to Japanese islands. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 2020, 106900.
 - Barghi, N., Hermisson, J., & Schlötterer, C. Polygenic adaptation: a unifying framework to understand positive selection. *Nature Reviews Genetics*, 21, 2020, 769 - 781
 - 김 준, 2020, 『양성 선택을 이해하기 위한 통합적 개념틀, 다유전자 적응』, BRIC View 2020-R32
 - 전형배, 2020, 『생명 다양성 보전에 활용되는 보전유전학 연구동향』, BRIC View 2020-T25
 - 김승태, 이수연, 2018, 『Invertebrate Fauna of Korea. Volume 21, Number 45, Spider IV. Arthropoda: Arachnida: Araneae: Atypidae, Anapidae, Ctenidae, Hahniidae, Miturgidae, Liocranidae, Trochanteriidae.』, 『National Institute of Biological Resources』, 21(45): 9-21
 - 김주필, 1985, 『A new species of Genus *Atypus*(Araneae: Atypidae) from Korea』, 『Korea Arachnol.』
 - 김주필&김병우, 1996, 『한국산 땅거미 속(*Atypus*)의 분류학적 연구』, 『Korea Arachnol.』, 12(2): 55-66
 - 남궁준, 1986, 『A new species of the Genus *Atypus* Latreille, 1804(Araneae: Atypidae) from Korea.』, 『Acta Arachnologica』, 35(1): 29-33
 - 김주필, 예성훈, 노광래, 2015, 『한국산 땅거미 속(*Atypus*)의 1 신종』, 『Korea Arachnol.』, 31(2): 45-51