

2021년도 시민과학풀씨 2기  
최종 결과보고서

송장벌레 분포와 종 다양성 간의  
연관성 분석을 통한 생태계 건강도 조사

2021.11.

[해피레인지]

박정민·김동현·김판경(아주대학교 생명과학과)

# 송장벌레 분포와 종 다양성 간의 연관성 분석을 통한 생태계 건강도 조사

[해피레인저]

박정민·김동현·김판경(아주대학교 생명과학과)

## 1. 서론

인간의 편의를 위한 도시화와 개발은 자연환경을 파괴하고 있다. 특히, 생물들의 서식지가 점점 축소되면서 생태계의 종 다양성이 부족해지는 결과를 불러오게 되었다. 건강한 생태환경을 유지하기 위해서는 다양한 종들로부터 발생하는 상호작용이 필요하다. 이는 곧 생산자, 소비자, 분해자로 표현되는 생물들의 역할을 의미한다. 이와 같이 생태계에서 분해자의 역할이 중요함에도 불구하고, 이들에 대한 연구는 생산자와 소비자에 비해 상대적으로 부족한 것이 현실이다. 따라서 건강한 생태환경을 반증하는 생물종 다양성과 분해자와의 연관성에 대한 연구가 필요하다.

송장벌레과(Silphidae)는 전세계에 2아과 13속 210종이 알려져 있는 시식성 곤충 집단으로 (Peck, 1990; Kalinová et al., 2009), 분해자의 역할을 하는 대표적인 곤충이다. 송장벌레의 주된 먹이는 동물의 사체이며, 동시에 알을 낳기 위한 산란장으로도 사용한다 (Pukowski, 1933). 따라서 송장벌레는 먹이이자 애벌레의 삶의 터전이 되는 사체를 찾을 수 있는 촉각이 강하게 발달하였다. 송장벌레는 이를 통해 수 킬로미터 이상의 먼 거리에서도 사체를 찾아낼 수 있고 (Petruska, 1975), 다른 시식성 경쟁자들보다 빠르게 사체를 찾아낼 수 있는 능력을 가지고 있다 (Abbot, 1927; Boeckh, 1962; Ernst, 1972).

분해자로서의 송장벌레의 특징은 먹이원인 동물상의 변화에 민감하게 반응하며, 생태계의 선순환에 도움을 준다는 점이다. 이는 곧 송장벌레의 풍부도 변화가 동물상의 변화를 반영할 수 있다는 것이다. 따라서 이러한 분해자성 생물들의 분포 및 개체수를 파악하여 건강한 생태계의 지표로써 사용할 수 있는지에 대한 가능성을 알아보고자 하였다. 즉, '특정 지역에 송장벌레 풍부도가 높을수록, 높은 종 다양성을 띤다.'는 가설을 바탕으로 실험을 진행하였다. 특히, 개발압력이 높은 도심 인근지역의 산과 상대적으로 개발압력이 낮아 자연환경이 잘 보존되어 있는 곳들 간의 비교 연구를 통해 건강한 환경 조성에 분해자의 활용 가능성을 알아보고자 한다.

본 연구에서는 개발압력에 따라 네 곳의 지역을 선정하여 송장벌레 풍부도 및 동식물의 다양성을 파악하였고, 이들 간의 상관관계를 다양한 통계적 기법을 통해 분석하였다. 이 자료는 생태계 종 다양성의 지표로서 송장벌레를 활용할 수 있는 기초 자료가 될 것으로 생각된다.

## 2. 본론

### 1) 연구 지역 선정

본 연구는 송장벌레 풍부도를 통해 해당 생태계의 건강성을 비교해보고자 하는 연구이기 때문에 다양한 수준의 건강성을 가지는 생태계의 비교가 필요하였다. 따라서 서로 다른 개발압력 하에 있는 연구 지역을 선정하여 실험을 진행하였다. 본 연구에서 정의하는 개발압력 정도는 섬생물지리학의 원리 (MacArthur, R. H. and Wilson, E. O., 1967)를 바탕으로 한 녹지면적과 인구밀도를 기반 (김재익 외, 2005)으로 하였다. 즉, 개발압력이 높은 곳은 녹지면적이 좁고 인구밀도가 높은 지역을 의미한다.



그림 1. 아주대학교



그림 2. 부곡체육공원



그림 3. 광교산

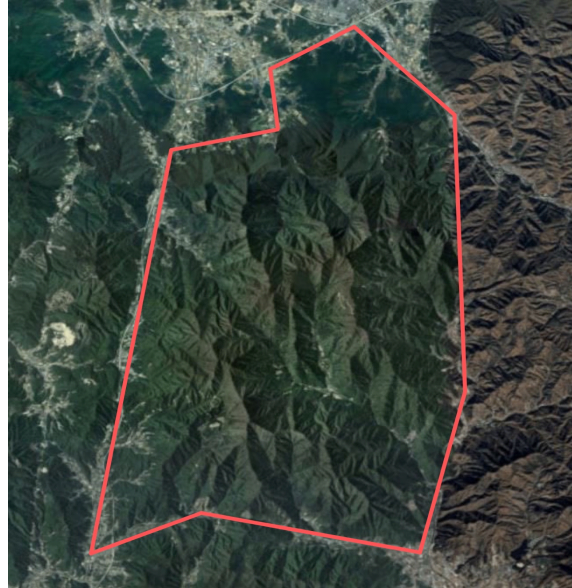


그림 4. 백운산

표 1. 연구 지역 녹지면적 및 인구밀도

	아주대학교	부곡체육공원	광교산	백운산
녹지면적 (km <sup>2</sup> )	0.19	0.21	27.00	111.30
면적 당 인구수 (명/km <sup>2</sup> )	7995.45	2610.38	1993.47	106.36

그림1-4와 표 1을 바탕으로 하여, 개발압력이 높은 순으로 네 지역 (아주대학교: 37°16'58"N 127°02'36"E, 부곡체육공원: 37°18'55"N 126°57'40"E, 광교산: 37°16'47"N 127°02'38"E, 백운산: 37°16'05"N 127°56'30"E)을 선정하였다.

2) 연구 방법

비행 간섭 트랩 및 먹이 트랩을 활용해 송장벌레를 채집을 시도하였다. 비행간섭트랩은 속리산 송장벌레 풍부도 연구 (오광식 외, 2011)를 참고하여 제작하였고, 먹이 트랩은 장 내 DNA 분석 시 유인용 먹이원이 검출되지 않도록 송장벌레가 먹이원에 접근하지 못하는 구조로 구상하여, 자체적으로 제작하였다.



그림 5. 먹이트랩

채집 결과를 바탕으로 해당 지역의 송장벌레 분류 및 분포 데이터를 산출하였다. 또한, 각 지역에 특정 구획 (10m×10m)을 설정하고 해당 구역 내 식물 방형구 조사를 수행하였다. 동일 구획 내에서 pit-fall trap을 통해 동물 중 다양성을 조사하였다. 조사 결과를 바탕으로 종 다양성 지수 (Shannon-Wiener index)를 산출하였다. 산출한 송장벌레 풍부도 데이터와 동식물 중 다양성 지수 간의 상관관계를 linear regression 및 pairwise correlation 통해 분석하였고, heat map을 통해 도식화하였다. 해당 분석은 위와 같은 통계적 기법 (김희발, 2021)을 바탕으로 Excel과 R을 이용해 진행하였다.

채집으로 확보한 송장벌레 샘플을 바탕으로 장 내 DNA 분석을 통한 먹이원 검정을 시도하였다. DNA 추출은 AccuPrep<sup>®</sup> Stool DNA Extraction Kit (BIONEER, Daejeon, Republic of Korea)과 DNeasy Blood & Tissue Kit (Qiagen, Hilden, Germany), FastDNA<sup>®</sup> SPIN KIT (MP Biomedicals, Solon, USA)의 프로토콜을 따랐다. 이후 진행된 PCR 과정은 AccuPower<sup>®</sup> Taq PCR PreMix (BIONEER, Daejeon, Republic of Korea)를 사용하였고 PCR condition은 동일한 시식성 중인 검정파리 (families Calliphoridae and Sarcophagidae)를 대상으로 한 장 내 DNA 분석연구 (S. Calvignac-Spencer, 2013)를 바탕으로 진행하였다. 이후 증폭된 DNA를 AccuRapid<sup>®</sup> TA Cloning Kit (BIONEER, Daejeon, Republic of Korea)를 통해 cloning 하였다. Cloning 결과물은 XenoTECH에서 sequencing을 진행하였다.

해당 생태계 내의 대략적인 먹이그물을 구성하고 영양단계를 간접적으로 파악하기 위하여 안정 동위원소 분석을 수행하였다. 안정동위원소 샘플은 채집한 곤충과 식물을 동결 건조 처리한 후, tin capsule (CE Elantech, Inc, Lakewood, USA)을 이용하여 제작하였다. 샘플 분석은 The Center for stable Isotope Biogeochemistry on the UC Berkely (CSIB)에 의뢰하였다. 『Stable Isotope Ecology』 (Fry, 2007)를 바탕으로 한 결과 분석을 통해 송장벌레의 영양 단계를 추측하였다. 해당 결과는 R package인 ggplot2을 통해 biplot으로 도식화되었다. 결과적으로 각 해당 구획 별 먹이그물과 영양단계를 간접적으로 구성하였다.

3) 연구 결과

표 2. 네 개 지역의 종 다양성 지수 및 송장벌레 풍부도

채집지역	식물 종 다양성 지수	곤충 종 다양성 지수	송장벌레 풍부도 (개체)
아주대학교	1.73428	0.84673	0
부곡체육공원	2.07381	1.54642	8
광고산	2.38150	2.08442	10
백운산	2.81758	2.31321	25

연구 지역에서 특정 구획 (10m×10m)을 설정하여 조사한 식물 및 곤충 종 다양성 지수와 동일 구획 내에서 먹이트랩을 이용하여 산출한 송장벌레 풍부도이다.

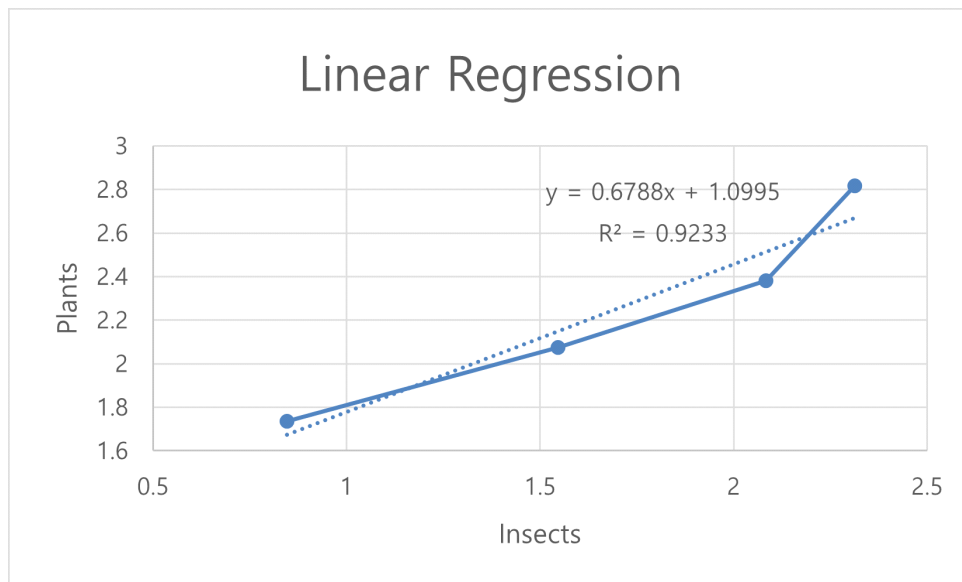


그림 6. 곤충과 식물 종 다양성 지수 간 선형 회귀 분석

표 2의 곤충 종 다양성 지수를 x축, 식물 종 다양성 지수를 y축으로 설정하여 선형회귀분석을 진행하였다. 그림 6을 통해 곤충 종 다양성 지수와 식물 종 다양성 지수의 경향성이 유사함을 확인할 수 있었다.

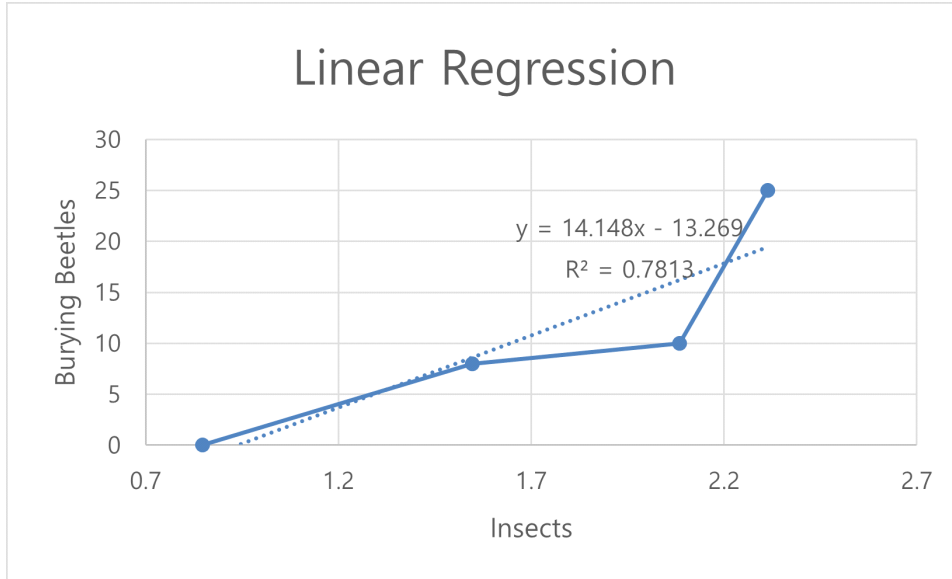


그림 7. 곤충 종 다양성 지수와 송장벌레 풍부도 간 선형 회귀 분석

표 2의 곤충 종 다양성 지수를 x축, 송장벌레 풍부도를 y축으로 설정하여 선형회귀분석을 진행하였다. 그림 7을 통해 곤충 종 다양성 지수와 송장벌레 풍부도의 경향성이 유사함을 확인할 수 있었다.

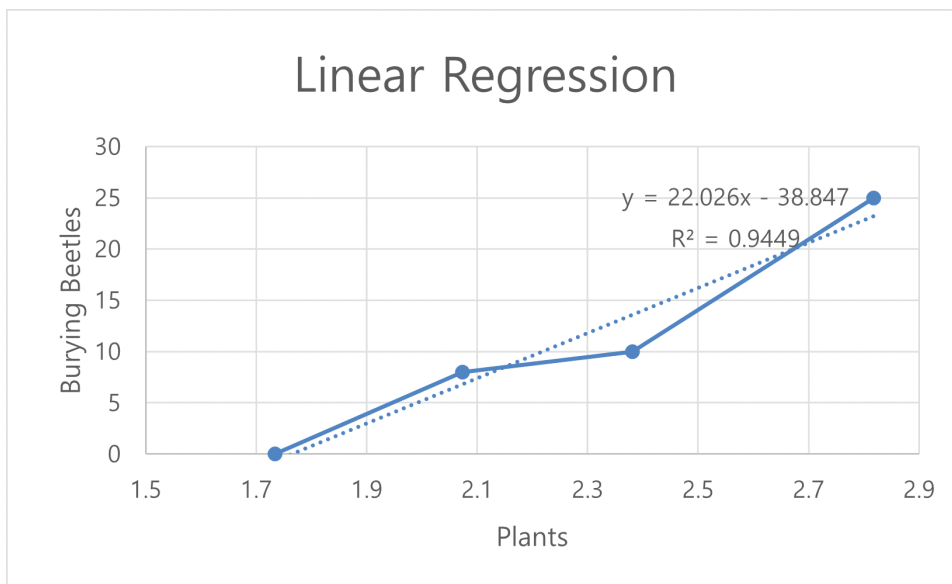


그림 8. 식물 종 다양성 지수와 송장벌레 풍부도 간 선형 회귀 분석

표 2의 식물 종 다양성 지수를 x축, 송장벌레 풍부도를 y축으로 설정하여 선형회귀분석을 진행하였다. 그림 8을 통해 식물 종 다양성 지수와 송장벌레 풍부도의 경향성 역시 유사함을 확인할 수 있었다.

표 3. 식물 및 곤충 종 다양성 지수와 송장벌레 풍부도 데이터를 통한 pairwise correlation

	Plants	Insects	Burying Beetles
Plants	1.00000	0.96088	0.97207
Insects	0.96088	1.00000	0.88393
Burying Beetles	0.97207	0.88393	1.00000

표 2의 종 다양성 지수와 송장벌레 풍부도 간의 상관관계 분석을 R의 cor() 함수를 활용하여 pairwise correlation을 구성한 표이다.

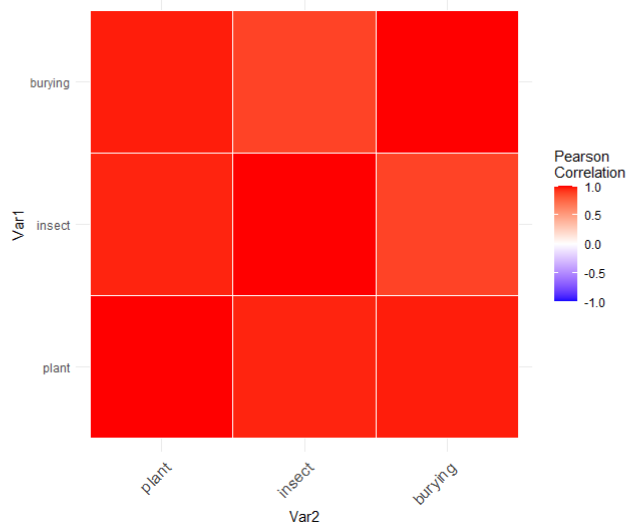


그림 9. pairwise correlation 결과를 도식화한 heat map

표 2를 바탕으로 ggplot() 함수를 이용하여 도식화한 heat map 결과이다. 이를 보면, 식물의 종 다양성 지수와 송장벌레 풍부도는 매우 높은 양의 상관관계를 가진다고 볼 수 있다. 곤충의 종 다양성 지수와 송장벌레 풍부도 역시 상당한 수준의 양의 상관관계를 보였다.

송장벌레는 시식성 곤충으로서 해당 생태계 내에 존재하는 다양한 생물종의 사체 섭식하였을 가능성이 높기 때문에, 본 연구에서는 송장벌레 장 내 잔존 DNA를 통하여 해당 생태계 내 먹이그물 및 생물종 다양성을 추측할 수 있다고 가정하였다. DNA 분석은 2021년 07월 30일부터 2021년 09월 03일까지 진행하였다. 채집한 송장벌레는 영하 70℃ deep freezer에서 보관하였다.

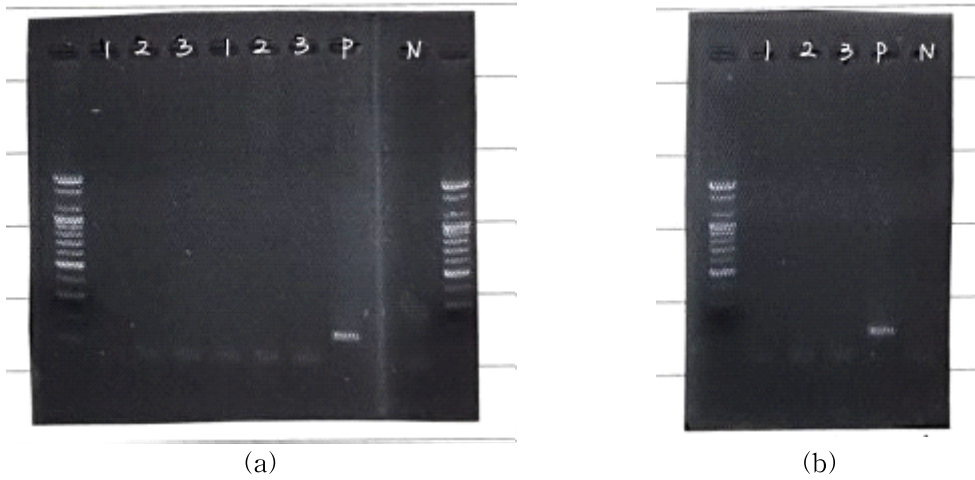


그림 10. gel electrophoresis 결과 (Stool kit) (21.07.30)

그림 10-(a)는 동물의 배설물에서 DNA를 추출하는데 사용되는 stool kit을 사용하여 송장벌레의 장 내 잔존 DNA를 추출하고 척추동물에 특이적인 12SV5 primer를 사용해 PCR을 진행하고 이후 전기영동을 시도한 것이다. 그림 10-(b)는 같은 방식이지만 DNA를 1/10으로 희석하여 전기영동을 시도한 것이다. 그림 10-(a), (b) 모두 DNA 밴드는 확인되지 않았다.

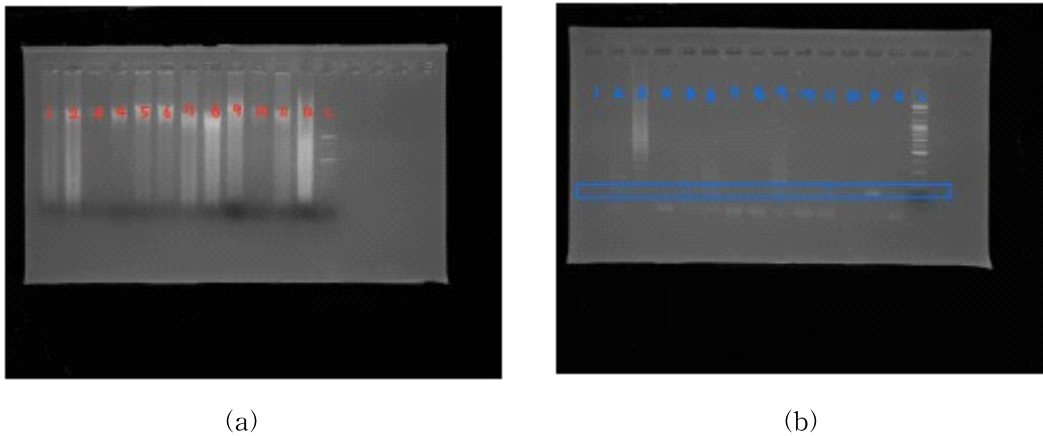


그림 11. gel electrophoresis 결과 (Stool kit) (21.08.05)

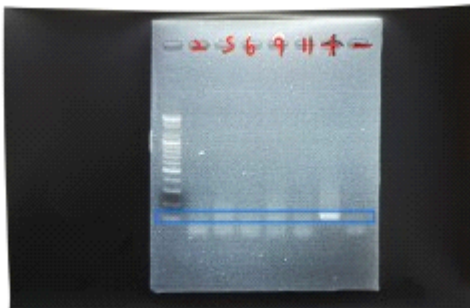
그림 11-(a)는 동물의 배설물에서 DNA를 추출하는데 사용되는 stool kit을 사용하여 송장벌레의 장 내 잔존 DNA를 추출하고 어류에 특이적인 16S primer를 사용해 PCR을 진행하고 이후 전기영동을 시도한 것이다. 그림 11-(b)는 같은 방식이지만 DNA를 1/10으로 희석하여 전기영동을 시도한 것이다. 그림 11-(a)에서 DNA 밴드는 확인되지 않았다. 그림 11-(b)의 2, 5, 6, 9, 11번 샘플은 밴드가 확인되어 cloning을 진행하였다.



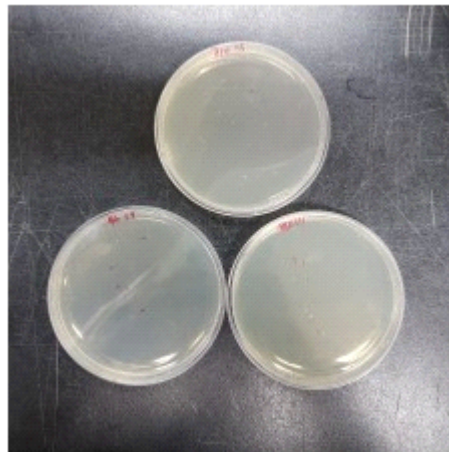


그림 12. cloning 결과 (21.08.06)

그림 11-(b)의 2, 5, 6, 9, 11번 샘플의 DNA를 대장균을 사용해 cloning을 시도했다. colony는 확인되지 않았다.



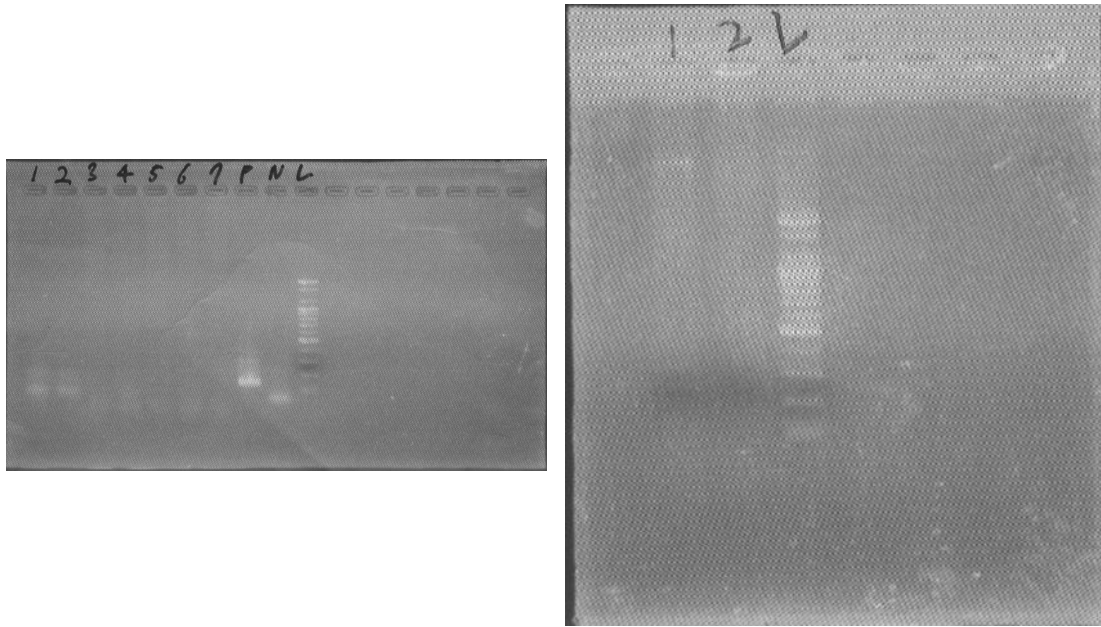
(a)



(b)

그림 13. gel electrophoresis 및 cloning 결과 (Stool kit) (21.08.12)

그림 13-(a)는 그림 11-(b)의 2, 5, 6, 9, 11번 샘플의 DNA를 다시 추출해 PCR을 진행하고 전기영동한 것이다. DNA 밴드가 확인되어 이후 cloning을 진행하였고 그림 13-(b)는 cloning 결과이다. White colony가 확인되어 sequencing 의뢰를 진행하였지만 척추동물의 DNA는 아닌 것으로 판명되었다.

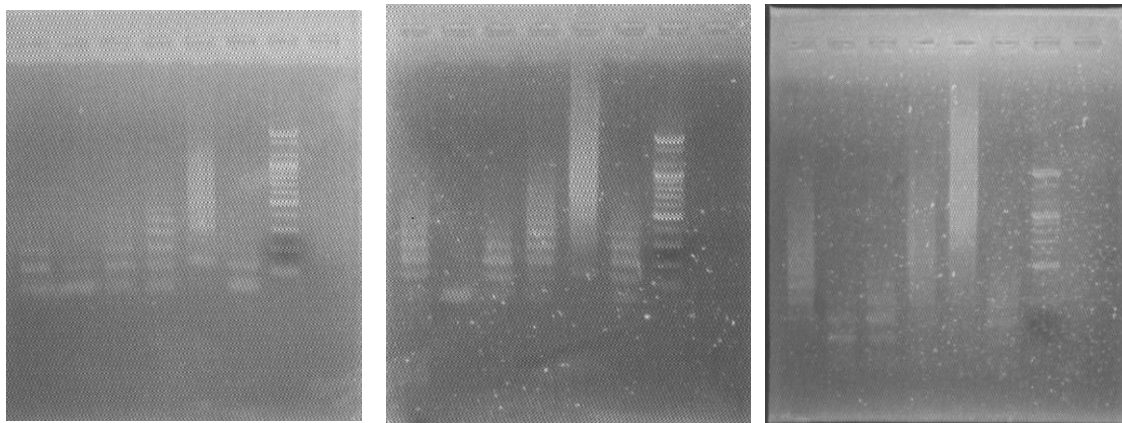


(a)

(b)

그림 14. gel electrophoresis 결과 (Blood&Tissue kit, Spin kit) (21.08.27)

그림 14-(a)는 동물의 혈액 및 조직에서 DNA를 추출하는데 사용되는 blood & tissue kit을 사용하여 송장벌레의 장 내 잔존 DNA를 추출하고 척추동물에 특이적인 12SV5 primer를 사용해 PCR을 진행하고 이후 전기영동을 시도한 것이다. 그림 14-(b)는 같은 방식이지만 spin kit를 사용하여 전기영동을 시도한 것이다. 그림 14-(a), (b) 모두 DNA 밴드는 확인되지 않았다.



(a)

(b)

(c)

그림 15. gel electrophoresis (annealing 조건 변화) (21.08.27)

그림 15-(a)는 동물의 배설물에서 DNA를 추출하는데 사용되는 stool kit을 사용하여 송장벌레의 장 내 잔존 DNA를 추출하고 척추동물에 특이적인 12SV5 primer를 사용하여 기존의 방식과 동일하게 55℃에서 PCR을 진행하고 이후 전기영동을 시도한 것이다. 그림 15-(b)는 같은 방식이지만 PCR 온도를 57.8℃로 설정하여 PCR을 진행했고 이후 전기영동을 시도한 것이다. 그림 15-(c)는 같은 방식이지만 PCR 온도를 61℃로 설정하여 PCR을 진행했고 이후 전기영동을 시도한 것이다. 그림 15-(a), (b), (c) 모두 DNA 밴드는 확인되지 않았다.

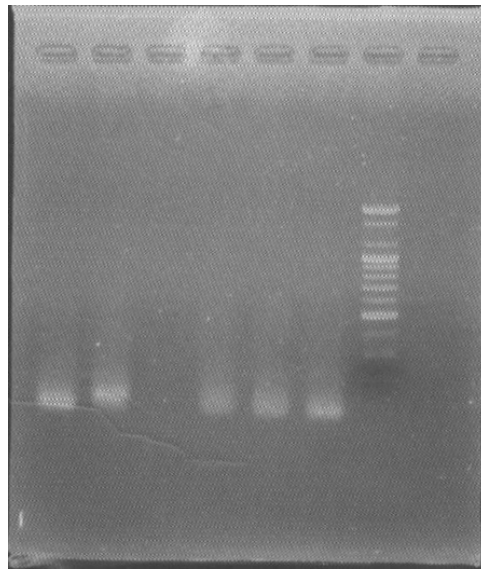


그림 16. gel electrophoresis (uniminibar 이용) (21.08.27)

그림 16은 동물의 배설물에서 DNA를 추출하는데 사용되는 stool kit을 사용하여 송장벌레의 장내 잔존 DNA를 추출하고 동물군에서 보편적으로 사용되는 uniminibar primer를 사용해 PCR을 진행하고 이후 전기영동을 시도한 것이다. DNA 밴드는 확인되지 않았다.

연구 지역 별로 선정된 특정 구획에서 채집한 식물 및 곤충, 송장벌레 샘플을 바탕으로 안정 동위원소 ( $\delta^{13}\text{C}$  -  $\delta^{15}\text{N}$ ) 분석 biplot을 작성하였다. 먹이원 분석에는 fractionation이 거의 일어나지 않는  $\delta^{13}\text{C}$  안정동위원소를 이용하였고, 영양단계 분석에는 단계가 높아질수록 3.4%씩 농축되는  $\delta^{15}\text{N}$  안정 동위원소 분석 이용하였다. 또한, 각 지역의 안정 동위원소를 기반으로 XMind를 사용해 예상되는 먹이그물을 그렸다.

표 4. 아주대학교 안정 동위원소 결과

종명	$\delta^{13}\text{C}$	$\delta^{15}\text{N}$	$\delta^{13}\text{C}$ 평균	$\delta^{15}\text{N}$ 평균	$\delta^{13}\text{C}$ 표준편차	$\delta^{15}\text{N}$ 표준편차
낙엽1	-28.62	-4.55	-29.63	-3.82	0.77	0.54
낙엽2	-30.49	-3.62				
낙엽3	-29.79	-3.28				
귀뚜라미1	-27.17	2.29	-27.37	1.36	0.39	0.71
귀뚜라미2	-27.02	1.22				
귀뚜라미3	-27.91	0.57				
일본왕개미1	-26.37	2.53	-25.73	4.21	0.88	2.39
일본왕개미2	-24.49	7.58				
일본왕개미3	-26.34	2.51				
개망초1	-33.36	-4.54	-32.89	-4.78	0.40	0.31
개망초2	-32.92	-5.21				
개망초3	-32.39	-4.58				
닭의장풀1	-32.57	-2.99	-32.63	-3.02	0.31	0.82
닭의장풀2	-32.28	-2.03				
닭의장풀3	-33.03	-4.03				
강아지풀1	-13.03	-4.16	-12.57	-4.06	0.34	0.08
강아지풀2	-12.24	-4.06				
강아지풀3	-12.44	-3.97				

아주대학교

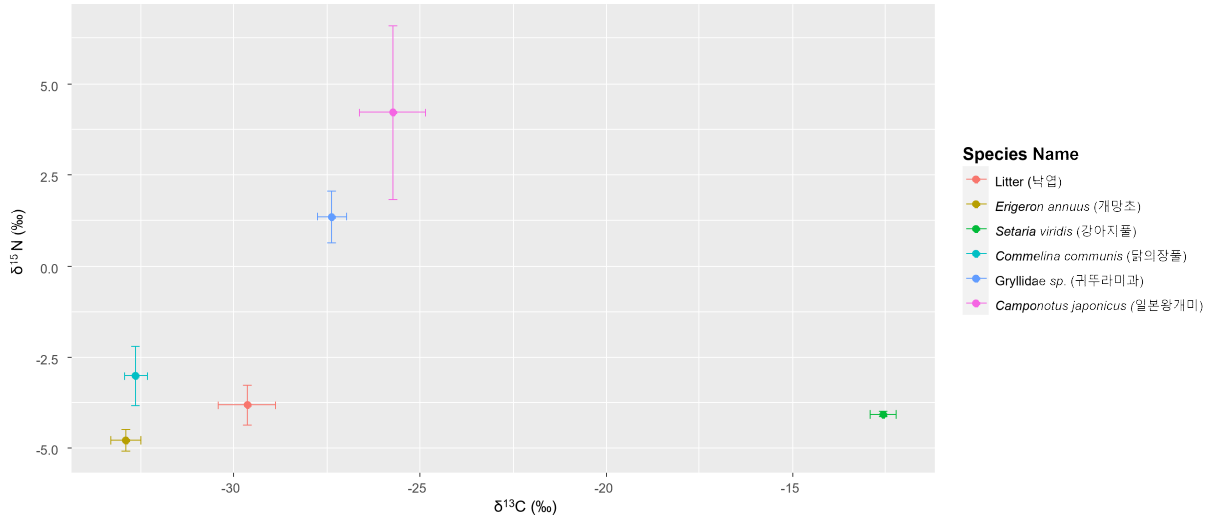


그림 17. 아주대학교 안정 동위원소 biplot

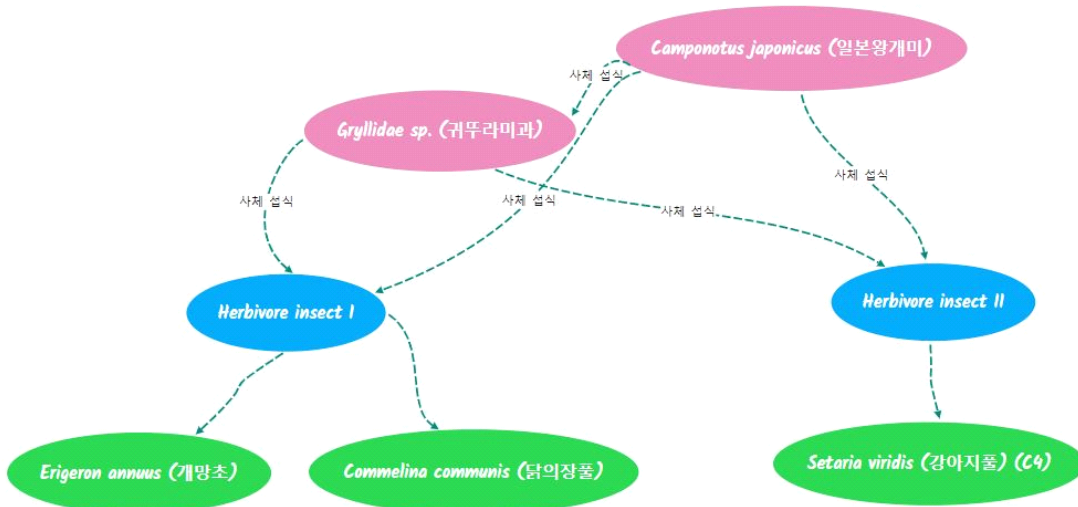


그림 18. 아주대학교 예상 먹이그물

아주대학교 안정 동위원소 분석결과 다양한 영양단계의 종이 채집되지 않았으며, 송장벌레 역시 채집되지 않았다. 이에 따라 예상되는 먹이그물 역시 가장 단순한 형태를 보였다. 질소 안정 동위원소의 측면에서, 잡식을 하는 일본왕개미의 영양단계( $\delta^{15}\text{N}$  값)가 제일 높게 나타났으며, 잡식성인 귀뚜라미가 뒤를 이었다. 이들은 일반적으로 곤충을 직접 사냥하는 육식성 곤충이 아니기 때문에 주로 사체의 형태로 하위단계 곤충들을 섭식하였을 것으로 예상된다. 그리고 식물과 잡식성 곤충 사이의 질소 안정 동위원소 값 차이 (영양단계 차이)가 크게 나타났기 때문에, 중간 단계의 초식 곤충들이 존재함을 예상할 수 있었다. 또한 탄소 안정 동위원소의 측면에서 C4 식물인 강아지풀의  $\delta^{13}\text{C}$  값이 매우 높게 나타났다. 일반적으로 C4 식물의 경우 탄소 안정동위원소의 값이 높게 나타나는 것으로 알려져 있다. (Elizabeth A. Kellogg, 2013) 하지만 해당  $\delta^{13}\text{C}$  값 영역의 상위영양단계 생물은 발견하지 못하였기 때문에 강아지풀을 먹이원으로 하는 또 다른 초식 곤충이 존재함을

예상할 수 있었다.

표 5. 부곡체육공원 안정 동위원소 결과

종명	$\delta^{13}C$	$\delta^{15}N$	$\delta^{13}C$ 평균	$\delta^{15}N$ 평균	$\delta^{13}C$ 표준편차	$\delta^{15}N$ 표준편차
낙엽1	-29.66	-5.44	-30.46	-5.89	0.72	0.73
낙엽2	-30.33	-5.31				
낙엽3	-31.4	-6.91				
밤나무제주나방1	-31.81	-1.5	-31.28	-2.04	0.40	0.61
밤나무제주나방2	-31.19	-1.74				
밤나무제주나방3	-30.83	-2.89				
민집게벌레1	-27.79	3.39	-27.14	2.88	0.65	0.51
민집게벌레2	-26.49	2.37				
넓적송장벌레1	-21.71	3.99	-24.14	3.94	1.83	1.14
넓적송장벌레2	-26.11	5.31				
넓적송장벌레3	-24.61	2.52				
주름조개풀1	-35.62	-6.87	-34.98	-6.15	0.55	0.52
주름조개풀2	-35.03	-5.69				
주름조개풀3	-34.28	-5.89				
밤나무1	-31.48	-3.57	-31.49	-3.38	0.06	0.13
밤나무2	-31.43	-3.31				
밤나무3	-31.57	-3.27				

부곡체육공원

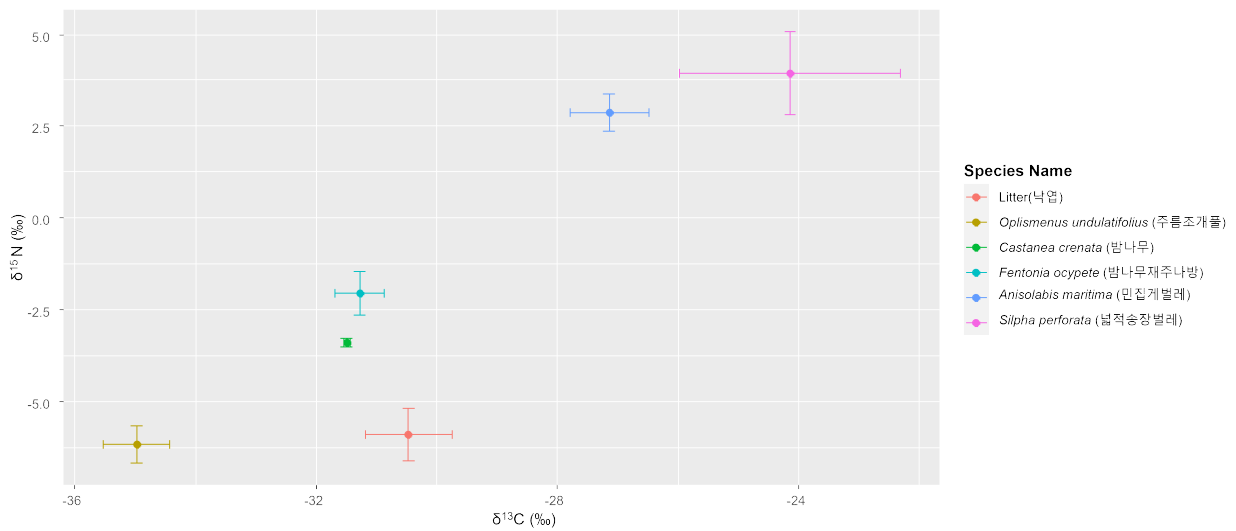


그림 19. 부곡체육공원 안정 동위원소 biplot

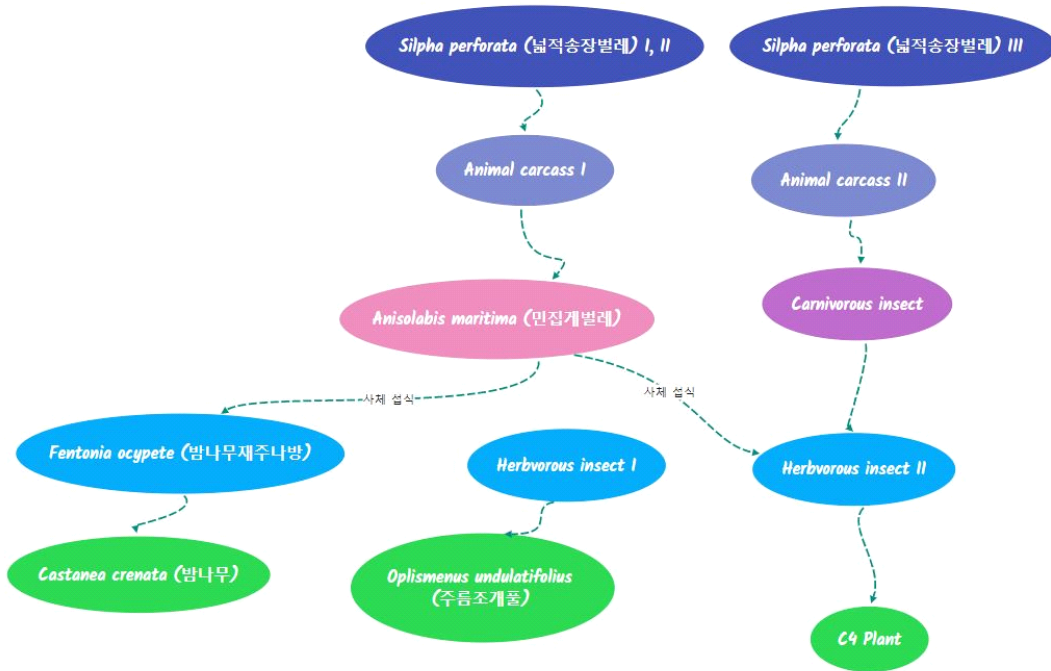


그림 20. 부곡체육공원 예상 먹이그물

부곡체육공원 안정 동위원소 분석결과 아주대학교보다 다양한 영양단계의 종이 채집되었으며, 송장벌레 역시 발견되었다. 이에 따라 예상되는 먹이그물은 아주대학교보다 복잡한 형태를 보였다. 질소 안정 동위원소의 측면에서, 시식을 하는 넓적송장벌레의 영양단계 ( $\delta^{15}\text{N}$  값)가 가장 높게 나타났다. 또한 탄소 안정 동위원소의 측면에서  $\delta^{13}\text{C}$  값이 높게 나타나는 C4 식물 데이터가 존재하지 않으나, 넓적송장벌레 및 민집게벌레의  $\delta^{13}\text{C}$  값이 높게 나타났기 때문에, C4 식물을 먹이원으로 하는 먹이사슬이 존재할 것으로 예상할 수 있었다.

표 6. 광고산 안정 동위원소 결과

종명	$\delta^{13}\text{C}$	$\delta^{15}\text{N}$	$\delta^{13}\text{C}$ 평균	$\delta^{15}\text{N}$ 평균	$\delta^{13}\text{C}$ 표준편차	$\delta^{15}\text{N}$ 표준편차
밤나무제주나방	-27.92	-2.86	-27.92	-2.86	0.00	0.00
대모송장벌레 1	-21	13.25	-23.81	9.38	1.99	2.74
대모송장벌레 2	-25.28	7.41				
대모송장벌레 3	-25.16	7.47				
산뿔대이거저리 1	-25.12	-3.38	-24.18	-2.96	0.70	0.69
산뿔대이거저리 2	-23.96	-1.99				
산뿔대이거저리 3	-23.46	-3.51				
빗살방아벌레 1	-25.95	1	-25.97	1.42	0.02	0.42
빗살방아벌레 2	-25.98	1.84				
털두꺼비하늘소	-25.67	-1.97	-25.67	-1.97	0.00	0.00
딱정벌레과 1	-26.99	0.84	-27.76	0.13	2.01	0.81
딱정벌레과 2	-30.51	0.55				
딱정벌레과 3	-25.78	-1.01				
낙엽 1	-28.89	-4.35	-28.69	-4.77	0.30	0.42
낙엽 2	-28.91	-4.62				
낙엽 3	-28.27	-5.35				
주름조개풀 1	-35.98	-6.98	-34.91	-6.81	1.01	0.69
주름조개풀 2	-35.19	-5.89				
주름조개풀 3	-33.55	-7.55				
떡갈나무 1	-32.78	-2.88	-32.57	-3.71	0.35	0.61
떡갈나무 2	-32.86	-4.34				
떡갈나무 3	-32.08	-3.91				

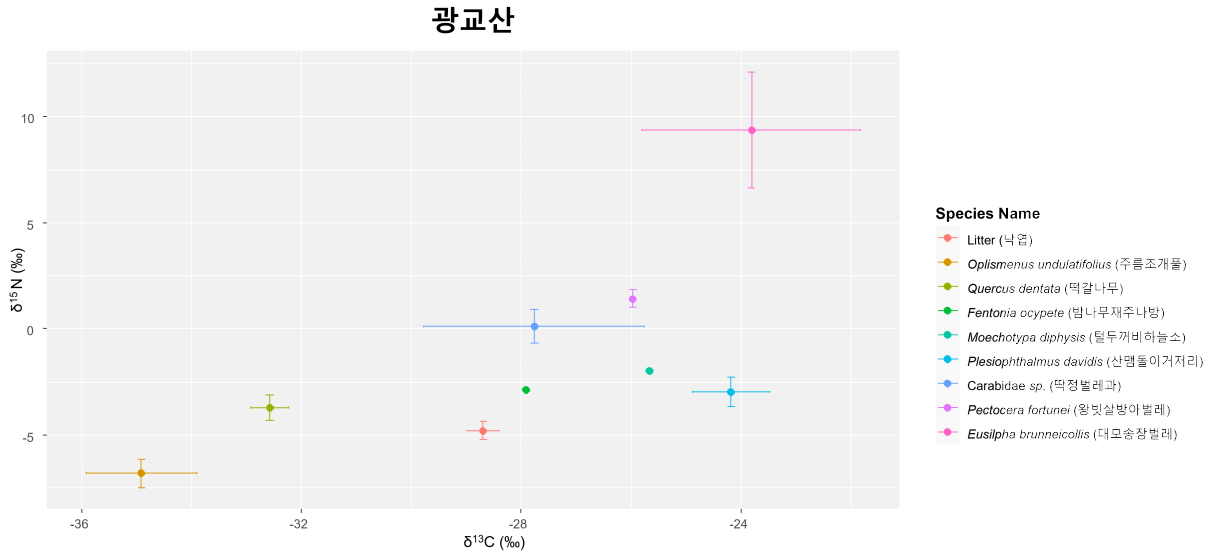


그림 21. 광교산 안정 동위원소 biplot

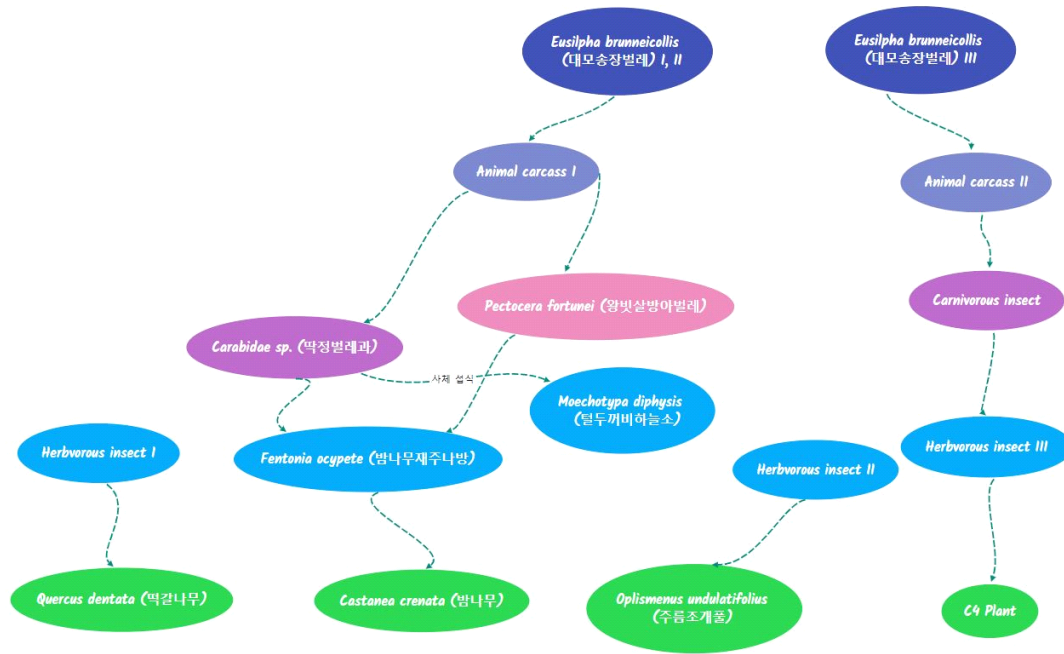


그림 22. 광교산 예상 먹이그물

광교산의 안정 동위원소 분석결과 부곡체육공원보다 다양한 영양단계의 종이 채집되었으며, 송장벌레가 다수 발견되었다. 이에 따라 예상되는 먹이그물은 부곡체육공원보다 복잡한 형태를 보였다. 질소 안정 동위원소의 측면에서, 시식을 하는 대모송장벌레의 영양단계 ( $\delta^{15}\text{N}$  값)가 가장 높게 나타났으며, 그 아래 영양단계의 곤충과의  $\delta^{15}\text{N}$  값 차이가 크기 때문에 그 사이에 다른 동물 종이 존재함을 예상할 수 있다. 또한 탄소 안정 동위원소의 측면에서  $\delta^{13}\text{C}$  값이 높게 나타나는 C4 식물 데이터가 존재하지 않으나, 대모송장벌레의  $\delta^{13}\text{C}$  값이 높게 나타났기 때문에, C4 식물을 먹이원으로 하는 먹이사슬이 존재할 것으로 예상할 수 있었다.

표 7. 안정 동위원소 결과

종명	δ13C	δ15N	δ13C 평균	δ15N 평균	δ13C 표준편차	δ15N 표준편차
낙엽 1	-31.26	-6.03	-31.32	-4.81	0.46	0.91
낙엽 2	-30.8	-3.84				
낙엽 3	-31.91	-4.56				
주름조개풀 1	-23.31	-5.58	-21.23	-5.33	4.05	0.48
주름조개풀 2	-24.81	-5.74				
주름조개풀 3	-15.56	-4.66				
떡갈나무 1	-32.66	-2.65	-32.53	-2.53	0.18	0.15
떡갈나무 2	-32.65	-2.32				
떡갈나무 3	-32.27	-2.63				
노래기 1	-24.59	3.87	-25.48	-0.59	0.69	3.18
노래기 2	-25.58	-3.28				
노래기 3	-26.28	-2.37				
먼지벌레 1	-30.07	1.44	-28.37	2.37	1.29	0.70
먼지벌레 2	-28.09	3.12				
먼지벌레 3	-26.94	2.56				
딱정벌레과 1	-26.78	1.18	-27.44	1.80	0.48	0.89
딱정벌레과 2	-27.92	3.05				
딱정벌레과 3	-27.62	1.16				
보라금풍뎅이 1	-27.36	0.74	-27.35	1.05	0.43	0.45
보라금풍뎅이 2	-27.87	1.68				
보라금풍뎅이 3	-26.82	0.73				
너점박이송장벌레 1	-26.41	4.1	-24.91	4.55	1.07	0.37
너점박이송장벌레 2	-24.33	4.55				
너점박이송장벌레 3	-23.98	5.01				
무당개구리 1	-25.34	1.83	-25.46	1.39	0.12	0.32
무당개구리 2	-25.63	1.12				
무당개구리 3	-25.4	1.21				

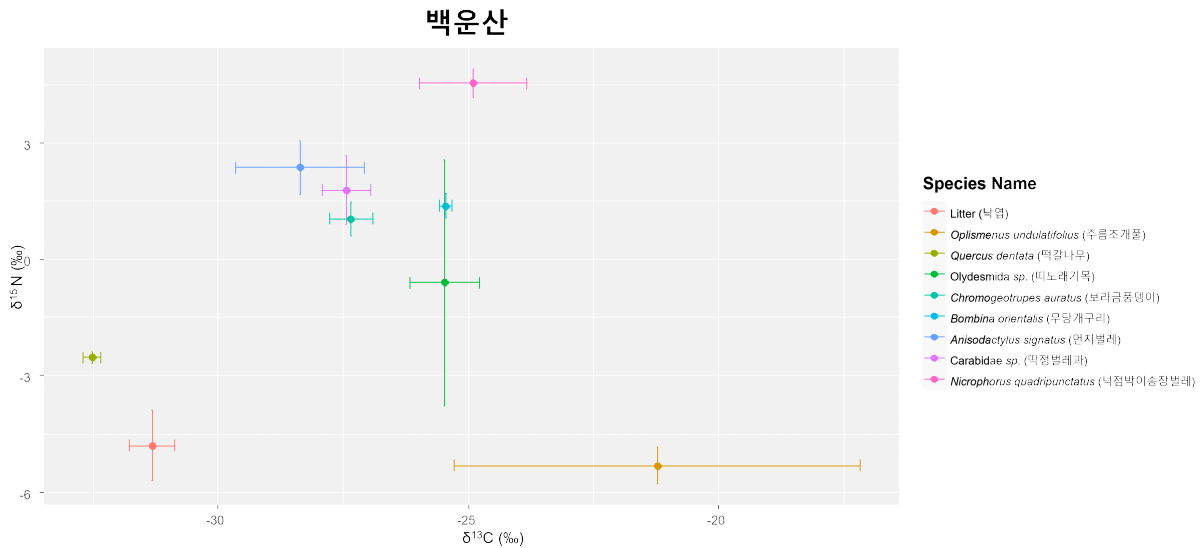


그림 23. 백운산 안정 동위원소 biplot





그림 24. 백운산 예상 먹이그물

백운산의 안정 동위원소 분석결과 가장 다양한 영양단계의 종이 채집되었으며, 가장 많은 송장벌레 개체가 발견되었다. 특히, 상위영양단계에 위치하는 종이 많았으며 해당 구획을 중심으로 관찰 채집을 진행한 결과 pit-fall trap으로 채집하기 어려운 까치살모사, 꼬리치레도롱뇽, 개구리 등과 같은 보다 다양한 종들을 발견할 수 있었다. 채집 상의 위험성 및 멸종위기종 보호를 위해 안정동위원소 분석에는 이용하지 않았다.



그림 25. 백운산에서 관찰된 생물들 (좌측부터 까치살모사, 산개구리류, 꼬리치레도롱뇽)

이에 따라 예상되는 먹이그물은 상위단계에 집중된 형태를 보였다. 따라서 해당 생태계 하위영양 단계에 위치하는 종 또한 다양할 것으로 예상되었다. 질소 안정 동위원소의 측면에서, 시식을 하는 낙점박이송장벌레의 영양단계 ( $\delta^{15}\text{N}$  값)가 가장 높게 나타났고, 선택적으로 시식성을 띠는 보라금풍뎅이와 같은 종들 역시 함께 발견되었으며 이들의 질소안정동위원소 값도 상당히 높은 수준을 보였다. 또한 탄소 안정 동위원소의 측면에서 주름조개풀의 데이터가 넓게 나타났다. 하지만 해당  $\delta^{13}\text{C}$  값 영역의 상위영양단계 생물은 발견하지 못하였기 때문에 주름조개풀을 먹이원으로

하는 상위 영양단계의 종들이 보다 다양하게 존재할 것으로 예상하였다.

### 3. 결론

Linear regression 분석을 사용해 식물 중 다양성 지수와 곤충 중 다양성 지수간의 유사한 추세를 확인했고 이를 기반으로 식물과 곤충 중 다양성 지수와 송장벌레 풍부도 간의 상당히 유사한 경향성을 확인했다. 개발압력이 낮을수록 중 다양성 지수가 높게 나타났고, 중 다양성 지수가 높을수록 송장벌레 풍부도 역시 증가함을 확인하였다. 보다 정밀한 통계적 분석을 위해 correlation test를 사용하였고 중 다양성 지수와 송장벌레 풍부도 간의 높은 수준의 양의 연관성을 확인하였다. 그리고 이 결과는 heat map을 통해서도 확인할 수 있었다.

또한 생태계 중 분포를 확인하기 위해 송장벌레의 장내 잔존 DNA 분석을 시도하였으나 척추동물의 DNA를 검출하지 못하였다. 우선 송장벌레의 소화기관 적출이 다소 어려웠으며 이에 대한 숙련도가 부족하였다. 또한 검정과리를 대상으로 한 장 내 DNA 분석연구(S. Calvignac-Spencer, 2013)를 토대로 하였을 때, 보다 장기간에 걸쳐 다수의 샘플을 바탕으로 한 분석이 필요했고 샘플의 장내 잔존 DNA 보호를 위한 빠른 전처리 과정이 필요하였으나 본 연구에서는 이를 충족하기에 시간적, 인력적 측면에서 현실적인 한계가 존재하였다. 그리고 연구 목적에 부합하는 트랩의 제작과 검증이 예상보다 늦어져 실험을 위한 샘플 확보 시기가 늦어졌고 이로 인해 보다 정확한 DNA 분석을 위한 primer design과 적합한 PCR 조건 설정에 필요한 충분한 시간을 확보하지 못하였다. 따라서 본 연구는 해당 생태계의 먹이그물을 간접적으로 구성하고 DNA 분석의 실현 가능성을 검정하기 위해 안정 동위원소 분석을 채택하였다.

안정 동위원소 분석 결과, 송장벌레가 발견되지 않은 아주대학교를 제외한 모든 연구지역에서 송장벌레의 영양단계 ( $\delta^{15}\text{N}$ )가 가장 높게 나타났고, 하위 영양단계 생물과의 상당한 차이를 보였다. 이는 시식성인 송장벌레가 생태계 내 존재하는 동물의 사체를 섭식하였을 가능성이 높음을 의미한다. 또한 아래의 그림에서 확인할 수 있듯이 송장벌레의 먹이원 ( $\delta^{13}\text{C}$ )이 개체에 따라 다양하게 나타났기 때문에 해당 지역에 서식하는 다양한 동물사체를 섭식하였음을 알 수 있다.

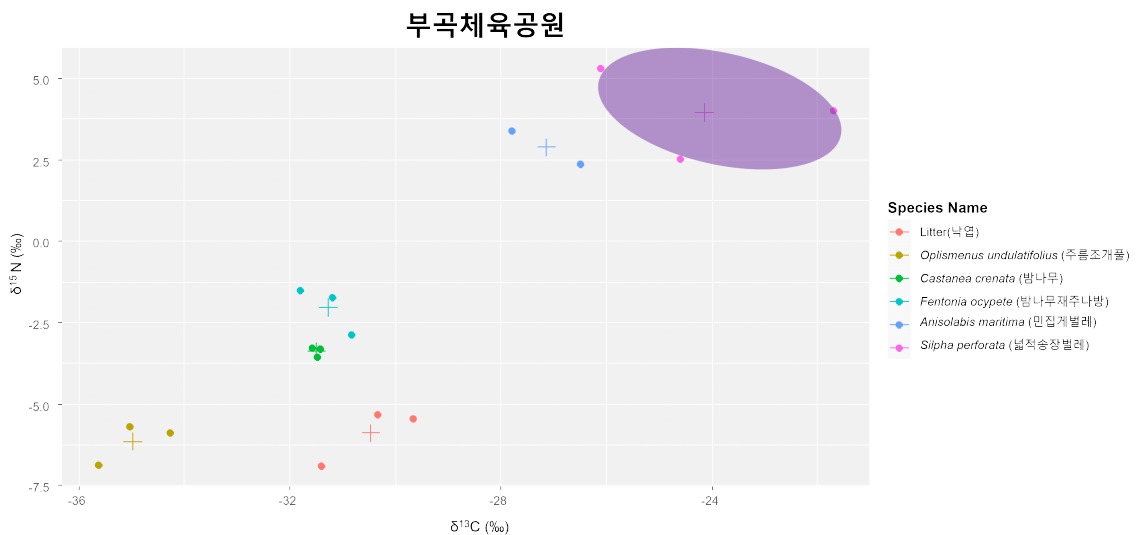


그림 26. 부곡체육공원 송장벌레  $\delta^{13}\text{C}$  범위 (개체별 데이터)

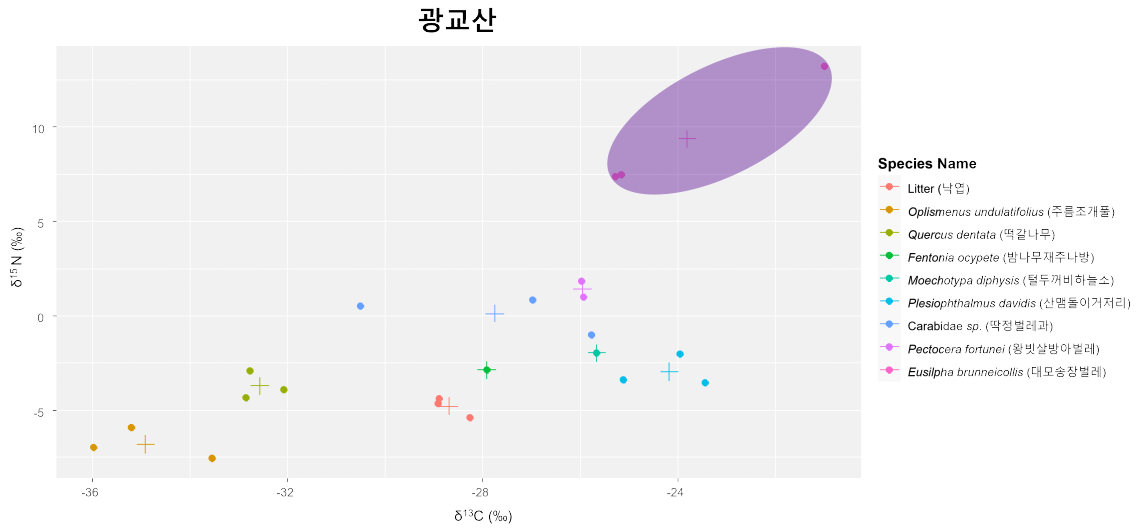


그림 27. 광교산 송장벌레 δ<sup>13</sup>C 범위 (개체별 데이터)

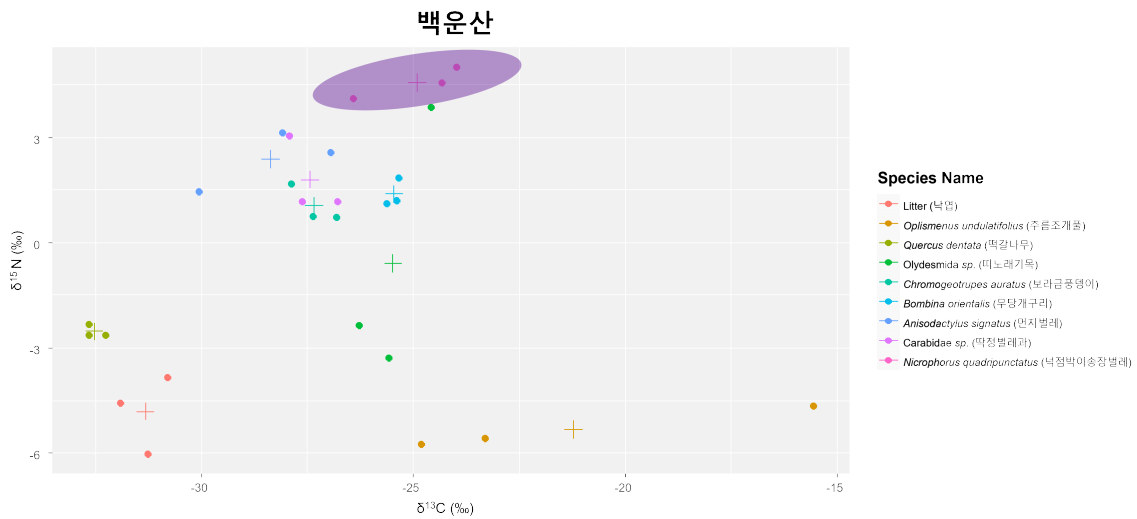


그림 28. 백운산 송장벌레 δ<sup>13</sup>C 범위 (개체별 데이터)

이에 따라, 결과적으로 송장벌레 장 내 잔존 DNA 분석이 가능하다면 해당 생태계 내 존재하는 종의 확인이 가능하고, 먹이그물을 구성할 수 있음을 간접적으로 확인하였다.

따라서 본 연구는 종 다양성 지수와 송장벌레 풍부도 간의 상당한 수준의 양의 상관관계를 확인하였고, 송장벌레 안정 동위원소 분석을 통해 먹이그물을 간접적으로 구성하였다. 이를 근거로 하여 해당 생태계의 종 분포 및 다양성을 검정하는 지표종으로서 송장벌레의 활용 가능성을 제시한다. 이와 같은 연구는 궁극적으로 생태계 종 다양성 연구에 분해자의 활용을 촉진할 수 있을 것으로 예상된다.

참고문헌

- Kalinová, B., H. Podskalská, J. Růžička, M. Hoskovec. 2009. Irresistible bouquet of death-how are burying beetles (Coleoptera: Silphidae: Nicrophorus) attracted by carcasses. *Naturwissenschaften* 96: 889-899.
- Pukowski, E. 1933. *Ökologische Untersuchungen an Necrophorus*. *Zeitschrift für Morphologie und Ökologie der Tiere*. 27: 518-586. SAS-StatView 5.0.1. 1998. SAS institute Inc. Second edition.
- Abbot, C.E. 1927. Experimental data on the olfactory sense of Coleoptera, with special reference to the Necrophori. *Ann.Entomol. Soc. Am.* 20: 207-215.
- Boeckh, J. 1962. Elektrophysiologische Untersuchungen an einzelnen Geruchsrezeptoren auf den Antennen des Totengrabers (Necrophous, Coleoptera). *Z. Vgl. Physiol. Berl.* 46: 212-248.
- Ernst, K.D. 1972. Sensillum coelosphaericum, die Feinstruktur eines neuen olfaktorischen Sensillentypes. *Z Zellforsch Mikrosk Anat.* 132: 95-106.
- Petruska, F. 1975. The effect of predominating winds on the flight of some species of beetles from the group of Silphidae into pitfall traps (Col. Silphidae). *Acta Universitatis Palackianae Olomucensis. Facultas Rerum Natur.* 51: 55-175.
- MacArthur, R. H. and Wilson, E. O. 1967. *The Theory of Island Biogeography*. Princeton, N.J.: Princeton University Press. 38-114
- 김재익, 정현욱, 2005, 개발압력의 국토공간상 이동패턴 분석, 국토연구, 47, 3-16
- 오광식 조영복, 김도성, '비행간섭트랩에 포획된 속리산국립공원내의 송장벌레류 종구성 및 풍부도의 계절적 변동', 한국응용곤충학회지, 50(3), 2011
- 김희발, 김홍태, 민영실, 박대찬, 박동선, 2021, 생명과학을 위한 통계학의 기초와 활용, 라이프사이언스, 112-203
- Calvignac-Spencer. S, Merkel, K. Kutzner, N. Köhl, H. Boesch, C. Kappeler, P.M. . Metzger, S. Schubert, G. Leendert, F.H. 2013, Carrion fly-derived DNA as a tool for comprehensive and cost-effective assessment of mammalian biodiversity, *Mol. Ecol.*, 22, pp. 915-924
- Fry. B, 2007, *Stable Isotope Ecology*, Springer Verlag, 119-182
- Kellogg, E. A. 2013, C4 photosynthesis, *PRIMER*, 23(14), 594-599
- DEAGLE, B. E. Tollit, D. J. Jarman, S. N. Hindell, M.A. Trites, A. W. Gales, N. J. Molecular scatology as a tool to study diet : analysis of prey DNA in scats from captive steller sea lions, *Molecular Ecology*; Vol. 14 Issue 6, MAY 2005
- Adams, M. O. Seifert, C. L. Lehner, L. Truxa, C. Wanek, W. Fiedler, K. 2016, Stable isotope signatures reflect dietary diversity in European forest moths /*Frontiers in Zoology*, p.5
- Penick, C. A. Savage, A. M. Dunn, R. R. 2015, Stable isotopes reveal links between human food inputs and urban ant diet, *THE ROYAL SOCIETY PUBLISHING*, p.4
- Ikeda, H. Kagaya, T. Kubota, K. Abe, T. 2008, Evolutionary Relationships Among Food Habit, Loss of Flight, and Reproductive Traits: Life-History Evolution in the Silphinae (Coleoptera: Silphidae), *EVOLUTION*, p.9