

BSPE16020-053-12

기후변화에 의한 킹조지섬 생태계 변화 예측기반 구축

Long-Term Ecological Researches on King George Island to
Predict Ecosystem Responses to Climate Change

2017. 2. 28

한국해양과학기술원
부설극지연구소

제 출 문

극지연구소장 귀하

본 보고서를 “기후변화에 의한 킹조지섬 생태계 변화 예측기반 구축”과제의 (연차,최종)보고서로 제출합니다.

2017. 2. 28

연 구 책 임 자 : 홍 순 규

참 여 연 구 원	: 김 상희
참 여 연 구 원	: 김 성중
참 여 연 구 원	: 김 옥선
참 여 연 구 원	: 김 정훈
참 여 연 구 원	: 김 지희
참 여 연 구 원	: 김 현철
참 여 연 구 원	: 박 태윤
참 여 연 구 원	: 서태건
참 여 연 구 원	: 우주선
참 여 연 구 원	: 이영미
참 여 연 구 원	: 이주한
참 여 연 구 원	: 이형석
참 여 연 구 원	: 이홍금
참 여 연 구 원	: 정호성
참 여 연 구 원	: 최한구
위탁연구기관명	: 한국생명공학연구원
위탁연구기관명	: 충남대학교
위탁연구책임자	: 김경모
위탁연구책임자	: 신웅기

보고서 초록

과제관리번호	PE16020	해당단계 연구기간	2014.1.1 2016.12.31	~	단계 구분	1단계 / 3단계
<u>연구사업명</u>	중 사업명	기관목적사업				
	세부사업명	기관목적사업				
<u>연구과제명</u>	중 과제명	기관목적사업: 글로벌 이슈대응 과제				
	세부(단위)과제명	기후변화에 의한 킹조지섬 생태계 변화 예측기반 구축				
연구책임자	홍순규	해당단계 참여연구원수	총 : 59 명 내부 : 16 명 외부 : 43 명	해당단계 연구비	정부: 9,424,576 천원 기업: 천원 계: 9,424,576 천원	
연구기관명 및 소속부서명	극지연구소 극지생명과학연구부	참여기업명				
국제공동연구	상대국명 : 뉴질랜드 상대국명 : 노르웨이 상대국명 : 포르투갈 상대국명 : 미국 상대국명 : 칠레	상대국연구기관명 : 와이카토대학교 상대국연구기관명 : 트롬소대학교 상대국연구기관명 : 리스본대학교 상대국연구기관명 : 몬타나주립대학교 상대국연구기관명 : 마갈라네스대학교				
위탁 연구	연구기관명 : 한국생명과학연구원 연구기관명 : 충남대학교	연구책임자 : 김경모 연구책임자 : 신웅기				
요약(연구결과를 중심으로 개조식 500자이내)				보고서 면수		
O 생태계 구성요소 간 상호작용 기작 규명						
<ul style="list-style-type: none"> - 습지, 건조지역, 구조토, 빙하후퇴지역 및 담수호 포함 장기모니터링 지점 셋업 - 식생분포, 미생물 군집구조, 동물상 변화 등 종합적인 생물다양성 변화 모니터링 - 기온, 습도, 광량, 지온, 토양함수율 등 종합적인 환경특성 변화 모니터링 - 무생물적 환경요소와 생물학적 구성요소 간 상호작용 기작 규명 						
O 킹조지섬 서식 생물의 진화적 기원 규명						
<ul style="list-style-type: none"> - 킹조지섬 서식생물의 다양성, 계통지리 및 집단유전학 분석 - 과거기록(호소퇴적물, 화석)을 통한 고생물 분포 분석 						
O 생태계 융합연구 기반기술 개발						
<ul style="list-style-type: none"> - 생물정보학 기반 미생물다양성 및 환경유전체 분석기술 개발 - 환경요인에 따른 식물의 생리반응 지표 유전자 도출 - 생태계 분석자료 DB 구축 						
O 국제공동 연구계획						
<ul style="list-style-type: none"> - SCAR AntEco 프로그램과 공조, 킹조지섬 생태계 장기연구 프로그램으로 정착 - 남극 및 아남극 해조류 계통지리연구 네트워크(SAAC)에 주도적 참여 - 킹조지섬 생태계 연구네트워크 구축 						
O 연구 성과						
<ul style="list-style-type: none"> - SCI(E) 논문 37편 - 선태류 및 지의류의 웹기반 이미지 도감 - 미생물다양성, 환경유전체 및 생리생태학 분야의 선도적 분석기술 - 생태계 관측자료 및 분석자료 DB 						
색인어 (각 5개 이상)	한글	기후변화, 생태계변화, 생태계 작용기작, 생물다양성, 생물진화, 가상생태계				
	영어	climate change, ecosystem change, ecosystem function, biodiversity, evolution, artificial ecosystem				

요 약 문

I. 제 목

기후변화에 의한 킹조지섬 생태계 변화 예측기반 구축

II. 연구개발의 목적 및 필요성

서남극지역은 전지구적인 지구온난화의 영향이 가장 큰 지역 중 하나임. 세종기지가 위치한 킹조지섬을 대상으로 생태계연구의 핵심 기반기술을 개발하고, 지구 기후변화가 생태계에 미치는 영향을 파악함으로써 생태계 변화에 대한 대응방안을 개발하는데 기여하고자 한다.

III. 연구개발의 내용 및 범위

2025년까지 “기후변화에 의한 킹조지섬 생태계 변화 예측기술 개발”을 목표로 1) 생태계 구성요소간 상호작용기작 규명, 2) 기후변화-생물진화 관계 규명, 3) 환경변화에 대한 생물반응 연구, 4) 생태계 융합연구 기반기술 개발을 수행하고자 한다. 이를 위한 기반으로 가상생태계 모델링, 킹조지섬 GIS, 생물다양성 DB를 구축하고자 한다. 본 연구는 크게 3단계로 구성되어 있으며 2011년에서 2013년까지 수행된 장기 모니터링 기반구축 사업의 다음단계로서 2014년부터 2019년까지 6년간 생태계변화 예측 기반 구축 사업을 수행한다. 본 연구단계에서는 핵심기술로서 1) 글로벌 미생물 다양성 종합 DB 구축, 환경유전체 분석기술, 초분광데이터 기반 원격탐사기술, 생물 반응 모델링 기술을 개발하고자 한다. 생태계연구 분야에서는 1) 생태계 변화 장기 모니터링 셋업, 2) 생태계 구성요소간 상호작용기작 규명, 3) 킹조지섬 서식 생물의 진화적 기원 규명을 수행한다.

IV. 연구개발결과

기후변화에 의한 생태계 변화 장기 모니터링을 위하여 장기모니터링 지점을 선정하고, 온도, 습도, 광량, 토양온도, 토양함수율 센서를 설치하였다. 또한 장기 모니터링 지점의 식생분포와 미생물 다양성 조사를 수행하여 환경변화 비교자료를 확보하였다. 생태계연구의 중요한 기초 자료로서 원격탐사를 이용하여 정밀지형도와 식생밀도 분포도를 작성하였고, 현장답사를 통하여 주요 식생위주의 식생분포도를 작성하였다. 미생물 분야에서는 바톤반도 전역에 걸쳐서 균류, 세균, 고세균의 다양성을 조사하여 기본데이터를 확보하였으며, 장기모니터링 지점을 중심으로 섬모충류의 다양성

과 분포 특성을 조사하였다. 이외에도 선태류, 지의류, 조류, 미세조류, 척추동물의 기생충, 조류 기생 짓털진드기 등의 분포특성에 관한 기초자료를 확보하였으며, 현장조사 가이드북을 제작하여 생태연구의 기반을 구축하였다.

해양생태계의 경우 생태계 변화 모니터링을 위한 지점을 선정하여 깊이에 따른 생태계의 입체구조를 조사하였다. 상층의 해조류 우점지역과 깊은 수심의 무척추 동물 서식지 등 입체적인 구조가 선명하게 형성되어 있는 것을 밝혔다. 해조류의 경우 계통분석을 수행하여 *Antaricothamnieae*족의 독립성은 인정되지 않았으며 기존의 *Compsothamnieae*족에 포함시키는 것이 타당한 것으로 확인되었다.

온도, 습도, 광량, 잔설분포 등의 환경요인이 지의류와 원생생물, 미생물의 분포에 미치는 영향을 파악하기 위하여 환경특성과 생물다양성 분포를 비교분석한 결과 바톤반도 지역에서 가장 중요한 환경요소는 수분임이 밝혀졌다. 지의류와 선태류 등 광합성 생물의 경우 잔설의 분포와 이로 인한 빛의 이용정도가 분포에 중요한 영향을 미치는 것으로 나타났다. 균류의 경우 고도가 높아질수록 다양성이 낮아지는 경향을 보였으며, 이는 고도 차이에 의한 총체적인 환경의 변화와 연관이 있을 것으로 파악된다.

화석과 호수퇴적물 분석을 통해 바톤반도지역의 생태계는 빠른 속도로 변화하고 있음을 밝혔으며, 분자계통분석과 집단유전학적 분석과 연계하여 이 지역의 환경변화가 생태계 구성과 작용에 어떤 영향을 주는지 이해하는데 중요한 자료를 제공해 줄 것으로 기대된다.

킹조지섬 생태계의 구성과 생물반응을 이해하기 위해서는 외부로부터의 생물유입과 더불어 환경변화에 대한 생물반응을 이해하여야 한다. 이를 위한 기초연구로서 환경변화에 대한 낫깃털이끼와 *Cladonia gracilis* 지의류의 광합성과 유전자발현을 분석하였다. 광합성량에 가장 큰 영향을 주는 환경요소는 두 생물 모두 습도인 것으로 나타났으며, 서로 다른 환경에서 차등적으로 발현하는 유전자를 선별하였다. 낫깃털이끼의 경우 Rubisco small subunit와 ELIP 단백질의 발현량이 증가하는 것을 확인하였다. *Cladonia gracilis*의 경우 지의체의 상부와 하부, 콜로니의 중앙부와 바깥부분의 미세조류 구성에서 차이가 나는 것으로 나타났으며, 바톤반도 내에서 습도의 차이에 따라 서로 다른 유전형이 우점하는 것으로 관찰되었다. 이는 환경적응과 선택이 미환경에 따라서 발생할 수 있으며 선택의 대상은 유전형 수준에서도 발생하는 것을 의미한다. 토양과 담수호의 마이크로코즘 실험을 통하여 미생물의 반응을 조사하였으며, 남극에서 부족한 영양분으로 알려진 질소와 탄소의 첨가에 의해서 미생물군집의 변화가 크게 발생하는 것으로 나타났다.

남극생태연구의 기초로서 균류다양성 분석 표준염기서열 데이터베이스를 개선하였으며, 트랜스크립트 분석 파이프라인을 구축하였다. 또한 ANTOS 체제의 국제협력 네트워크의 중요기여자로서 환경변수 데이터베이스를 구축하였다.

V. 연구개발결과의 활용계획

식생도, 식생밀도 분포도, 잔설 분포도, 균류, 세균, 고세균 등의 미생물 다양성 분포도, 무척추동물, 기생동물, 미세조류 등의 생물다양성 정보와 온도, 습도, 광량, 토양수분, 토양온도 등의 환경요소 등은 생태계 연구의 기초자료로서 본 연구단계에서 구축된 자료는 심도있는 생태계 연구를 위한 기반이다. 또한 생물다양성 분석과 생태계 작용 분석을 위한 데이터베이스와 분석도구 등을 환경변화에 의한 생태계 구성의 변화와 생물반응 연구의 도구로 유용하게 활용될 예정이다.

본 연구결과를 기반으로 2017년-2019년 동안 3년간 육상생태계 연구과제, “환경 변화에 대한 킹조지섬 주요 육상생물의 생물반응 모델링기술 개발(연구책임자: 홍순규)”이 선정되었으며, 해양생태계의 경우 “남극반도 연안해양시스템 변화 2050 전망 연구(연구책임자: 안인영)” 과제로 발전하였다. 두 과제를 활용하여 남극반도 지역의 육상생태계와 해양생태계 연구가 고도화될 것으로 기대된다.

S U M M A R Y

(영 문 요 약 문)

I. Title

Long-Term Ecological Researches on King George Island to Predict Ecosystem Responses to Climate Change

II. Purpose and Necessity of R&D

West Antarctic area is one of the most affected areas by climate changes in the world. We intended to contribute to understand responses and changes of ecosystems to climate change by developing platform technologies to study ecosystems and provide biodiversity information and ecosystem functioning with Barton Peninsula as a model ecosystem.

III. Contents and Extent of R&D

Long-term research goal of this project until 2025 is to develop technologies to predict what will happen on the Antarctic ecosystems by climate changes. For this purpose, this project is composed of four main contents of studies, 1) understanding interaction among ecosystem components, 2) understanding relationships between climate change and evolution of organisms, 3) biological response to environmental change, and 4) development of platform technologies to analyze ecosystem components and biological responses. For this period of studies during 2014 to 2016, we focused on 1) set-up long-term ecological monitoring, 2) understanding interaction mechanisms among ecosystem components, and 3) diversity and evolutionary origin of KGI inhabitating organisms.

IV. R&D Results

For long-term monitoring of ecosystem changes, we selected representative sites of high altitude dry condition, low altitude wet ecosystems, stone circles, coastal and inland ecosystems, and lake. Several sensors to detect temperature, humidity, light intensity, soil temperature, soil moisture were installed on each monitoring sites. As a baseline information at T0, we surveyed biodiversity of

mosses, lichens, invertebrates, fungi, microalgae, bacteria, and archaea. Field guide books were prepared for lichens and mosses. Vegetation density map was constructed by satellite images and UAV images and geo-topology map was prepared from the same images, too. Map of major vegetation was prepared by field survey for whole Barton Peninsula.

Coastal marine ecosystems were studied by direct observation and sampling by scuba diving for several selected sites for long-term monitoring. Vertical stratification of marine organisms were quite clear depending on the water depth and light penetration. Phylogenetic analyses of marine algae revealed that Antarcticothamnieae tribe is not an independent lineage, instead it is included in Compsothamnieae tribe.

Environmental conditions affected biodiversity distribution and community structures. Among many environmental factors, water availability was the most important factor for all kinds of organisms. In case of lichens and mosses, which photosynthesize, snow remain was another important environmental factor because it protects from sunlight and affect light availability. In case of soil fungi, altitude was very important environmental factor.

Studies of ancient organisms recovered from fossil and sediment cores provided insights on ancient ecosystems. It indicated that KGI ecosystems are more vulnerable than expected and it will change very fast when climate changes in this area.

To understand changes and responses of ecosystems to environmental changes, understanding geographical migration and adaptation to specific environment are the most important issues. We studied physiological responses and genetic responses of *Sanionia uncinata*, a moss species, and *Cladonia gracilis*, a lichen species. The most important environmental factors on photosynthesis was water availability to both of the moss and lichen species. When *S. uncinata* was dried, Rubisco small subunit and ELIP proteins were overexpressed compared to wet condition. Microbial community and microalgal species in *C. gracilis* was quite variable depending on the vertical position of a thallus and position in a colony. Different genotypes were observed in different sites even among the Barton Peninsula. It may imply that different micro-environment can act on different genotypes of the same lichen species.

We developed several databases, including MycoDE, a reference sequence database for fast accurate identification of fungal sequences and ANTOS environmental data. We hope to contribute Antarctic ecology community by providing these databases.

V. Application Plans of R&D Results

Baseline knowledges for vegetation distribution, vegetation density, geo-topology, microbial community structures depending on different

environments are highly important start point to move forward to understand changes and responses of Antarctic ecosystems according to climate changes. Our new research projects, "Modeling responses of terrestrial organisms to environmental changes on King George Island (PI: Soon Gyu Hong) and "Studies of coastal and ocean ecosystem (PI: In Young Ahn) based on these knowledges were approved by KOPRI and understandning of Antarctic ecosystems will be improved well.

C O N T E N T S

(영 문 목 차)

Chapter 1 Introduction	7
Chapter 2 Current R&D Status in Korea and Other Nations	10
Chapter 3 R&D Implementation Contents and Results	11
Chapter 4 Degree of R&D Goal Achievement and Degree of Contribution to Outside Research Institute	135
Chapter 5 Application Plans of R&D Results	151
Chapter 6 References	154

목 차

제 1 장 서론	7
제 2 장 국내외 기술개발 현황	10
제 3 장 연구개발수행 내용 및 결과	11
제 4장 연구개발목표 달성을 및 대외기여도	135
제 5 장 연구개발결과의 활용계획	151
제 6 장 연구개발과정에서 수집한 해외과학기술정보	153
제 7 장 참고문헌	154

제 1 장 서론

제 1 절. 연구개발의 목적

킹조지섬을 포함한 서남극지역은 전지구적인 지구온난화의 영향이 가장 큰 지역 중 하나이다. 본 과제에서는 세종기지가 위치한 킹조지섬을 대상으로 생태계연구의 핵심 기반기술을 개발하고, 지구 기후변화가 생태계에 미치는 영향을 파악함으로써 생태계 변화에 대한 대응방안을 개발하는데 기여하고자 한다.

제 2 절. 연구개발의 필요성

1. 2025 극지연구소 비전 및 발전전략

극지연구소는 극지연구의 글로벌 선도기관으로 발전하기 위하여 도전과 열정, 개방과 협력, 수월성 등을 연구소 핵심가치로 설정하였으며, 글로벌 이슈대응을 위해 생명현상 및 생태계 연구분야에서 극지육상생태계 장기모니터링, 생물다양성, 생물지리 변화양상 연구, 극지연안 해양생태계 기후변화 적응·평가 등을 중요 연구주제로 설정하였다. 또한 극지인프라 구축-운영 부분에서 극지과학 정보 및 자료 공유체계 구축이 중요업무로 선정되었다. 본 연구에서는 킹조지섬을 연구대상으로 기후변화에 의한 육상생태계 및 해양생태계의 반응 및 변화 규명을 주요 연구주제로 설정하였으며, 생태연구자료 DB 등 생태연구자료 공유 및 확산을 위한 연구인프라 구축을 주요 연구목표로 설정하였다.

2. 남극연구활동진행기본계획(2012~2016)

남극연구활동의 중장기 추진 방향으로 ‘남극연구활동 확대·강화로 국제사회 선도’가 선정되었다. 또한, 남극연구활동의 글로벌 수준 도약을 위해서 글로벌 이슈 대응을 위한 남극 기후변화 연구가 주요미션으로 포함되어 있으며, 기후 변화에 따른 극지 생태계 영향 파악 연구가 주요 연구주제로 선정되었다. 본 연구에서는 기후변화 대응기술 개발을 위한 선결 과제인 생태계변화 예측기술 개발을 장기목표로 설정하였으며, 글로벌 수준의 연구수행을 위하여 생태계 연구를 위한 첨단 기반기술 개발을 주요 연구목표로 설정하였다. 이를 활용하여 국내·외 생태계연구 네트워크 구축 및 선도를 목표로 하였다.

3. 박근혜 정부 140대 국정과제

‘해양 신성장동력 창출 및 체계적 해양관리(과제 13)’ 과제에서 ‘남극 장보고기지 건설, 북극 항로개척 및 극지에서의 기초·응용 연구확대 등 극지에 대한 전략적 개발·활용 추진’이 중요 미션으로 선정되었다. 또한, ‘기상이변 등 기후변화 적응(과제 99)’ 과제의 세부과제로서 ‘기후·생태변화 모니터링 시스템 구축·운영 및 생물자원 조사 발굴, 위해외래종 등 관리 강화’가 중요 미션으로 선정되었다. 본 연구에서는 기후변화에 의한 생태계 변화 예측기술 개발을 장기연구목표로 설정하였으며, 기후변화가 빠른 속도로 진행되고 있는 남극생태계를 대상으

로 선제적인 연구를 수행함으로써 한반도 기후변화 대응 기술 개발에 기여할 수 있을 것으로 사료된다.

제 3 절. 연구개발의 범위

2025년까지 “기후변화에 의한 킹조지섬 생태계 변화 예측기술 개발”을 목표로 1) 생태계 구성요소간 상호작용기작 규명, 2) 기후변화-생물진화 관계 규명, 3) 환경변화에 대한 생물반응 연구, 4) 생태계 융합연구 기반기술 개발을 수행하고자 한다. 이를 위한 기반으로 가상생태계 모델링, 킹조지섬 GIS, 생물다양성 DB를 구축하고자 한다.



Figure 1. Long-term research goal and vision

본 연구는 크게 3단계로 구성되어 있으며 2011년에서 2013년까지 수행된 장기모니터링 기반구축 사업의 다음단계로서 2014년부터 2019년까지 6년간 생태계변화 예측 기반 구축 사업을 수행한다. 본 연구단계에서는 핵심기술로서 1) 글로벌 미생물다양성 종합 DB 구축, 환경유전체 분석기술, 초분광데이터 기반 원격탐사기술, 생물반응 모델링 기술을 개발하고자 한다. 생태계연구 분야에서는 1) 생태계 변화 장기 모니터링 셋업, 2) 생태계 구성요소간 상호작용기작 규명, 3) 킹조지섬 서식 생물의 진화적 기원 규명을 수행한다.



Figure 2. Strategic plan for long-term ecological studies until 2025

본 과제는 1) 생태계 구성요소 간 상호작용 기작 규명, 2) 킹조지섬 서식 생물의 진화적 기원 규명, 3) 생태계 융합연구 기반기술 개발 등 세 개의 세부과제로 구성되어 있다. 연구대상 환경으로는 육상생태계와 연안생태계를 포함하고 있으며, 대상생물로는 선태류, 지의류, 무척추동물, 미세조류, 원생생물, 균류, 세균, 고세균 등 킹조지섬에 서식하는 거의 대부분의 생물군을 연구대상으로 한다. 또한 지온, 기온, 잔설, 광량, 지화학, 가스발생 등 무기환경 요소에 대한 연구를 수행하여 환경변화 기작과 환경-생물간 상호작용을 이해하고자 한다.



Figure 3. Research plan for next three years

제 2 장 국내외 기술개발 현황

제 1 절. 국내 기술개발 현황

1988년 세종기지가 설립된 이후 남극 연안생태계에 대한 연구는 지속적으로 수행되어 왔다.

- 1.
- 가.
- (1)
- (가)

제 2 절. 남극과학위원회 과학연구프로그램 (SCAR SRP)

- 2012년 새로 개편된 SCAR SRP에는 기후연구 프로그램인 AntClim, PAIS 및 생태계 및 생물반응 연구 프로그램인 AntEco와 Ant-ERA이 포함되어 기후변화와 생태계 변화 연구가 주요 연구주제로 부각됨
- AntEco는 남극의 생물다양성 및 생태계 작용기작의 이해, 기후변화에 의한 생태계 변화 예측을 연구목표로 함
- Ant-ERA는 환경변화 스트레스에 대한 생물반응에 연구초점을 맞추고 있으며, 분자수준, 개체수준 및 군집수준까지 다양한 측면에서 생물반응을 이해하는 것을 목표로 함
- 본 연구는 AntEco 및 Ant-ERA와 연구목표를 공유하고 있으며 AntEco 사무국으로부터 지지와 협조 의사 확인

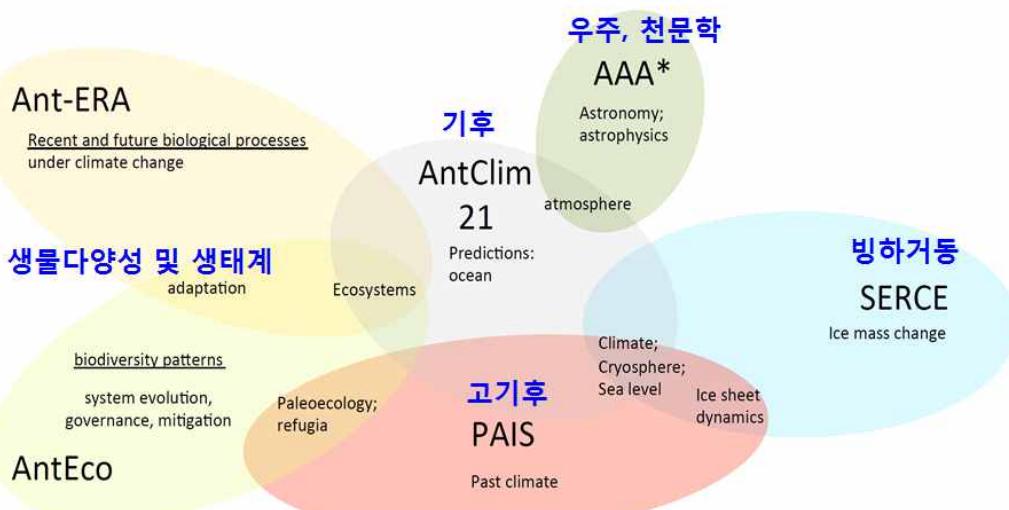


Figure 4. SCAR SRP

제 3 장 연구개발수행 내용 및 결과

연구방법 개요

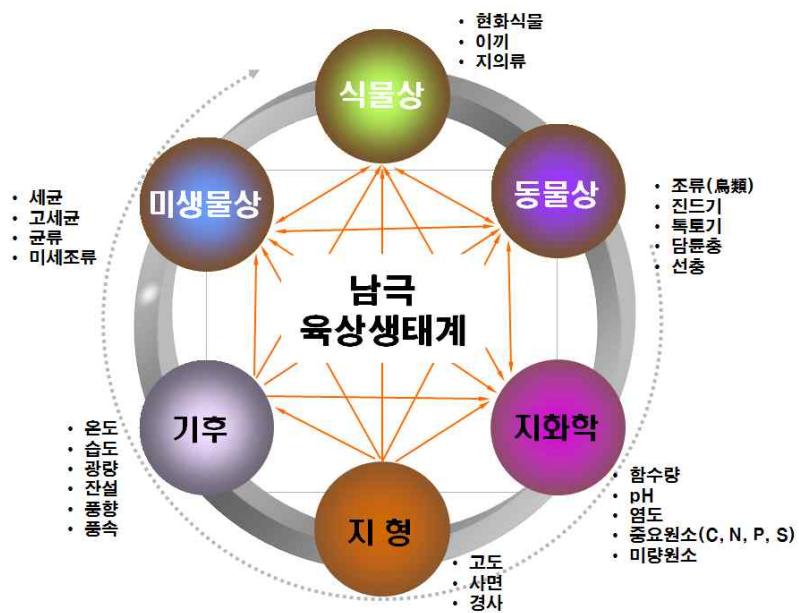


Figure 5. Interaction among components of Antarctic terrestrial ecosystems.

- 본 과제는 1단계(2011년~2013년)의 기반 조사를 토대로 장기모니터링 지점을 선정하고, 생태계의 기본 구성요소인 식물, 동물, 미생물, 기후, 지형, 지화학의 상호작용 기작 규명 (Fig. 5)
- 남극 육상생태계를 구성하는 지형 특성으로 고도, 경사, 사면 등을 연구 대상에 포함
- 남극 육상생태계를 구성하는 기후 특성으로 온도, 습도, 광량, 잔설, 풍향 및 풍속 등을 연구 대상에 포함
- 남극 육상생태계를 구성하는 지화학적인 특성으로 함수량, pH, 염도, 중요원소 (C, N, P, S) 및 미량원소를 연구 대상에 포함
- 남극 육상생태계를 구성하는 미생물상으로 세균, 고세균 및 진핵미생물을 연구대상으로 포함
- 남극 육상생태계를 구성하는 식물상으로 현화식물, 이끼 및 지의류를 연구대상으로 포함
- 남극 육상생태계를 구성하는 동물상은 조류의 둉지분포 패턴을 이해하여, 진드기, 톡토기, 선충 등의 무척추 동물을 연구 대상으로 포함

제 1 절. 킹조지섬 장기모니터링 (KGI-LTER) 셋업

요약: 바톤반도는 서남극에 위치하고 있으며, 남극의 대륙에 비하여 기후변화에 민감하게 반응하는 지역이다. 남극은 극한의 생육조건으로 간단한 생태계구조를 가지고 있으며, 물질순환이 매우 느린 것으로 알려져 있다. 그럼에도 불구하고 바톤반도는 습지, 건조지역, 구조토, 빙하후퇴지역, 담수호 등 다양한 미소생태계가 존재하여 생물과 무생물의 상호관계를 연구하기에 적합한 지역이다. 육상 생태계변화를 안정적이고 장기적으로 모니터링하기 위하여 미소기후 관찰과 생지화학적 특성 분석이 동반된 안정적인 데이터 수집이 필수적이다. 본 과제에서는 다양한 육상생태계에서 장기모니터링 지점을 선정하고, 선정한 지점에 미소기후 데이터 수집장치 (데이터로거)를 설치하여 기후변화에 따른 육상 생태계변화연구를 위한 기초적인 데이터 수집을 위한 준비를 하였다. 남극 육상 토양생태계의 환경변화 특성관측을 위하여 표층의 기온, 상대습도, 지온과 수분함량을 측정하는 센서와 지표아래 활동층의 깊이에 따라 지온 및 수분함량을 측정하는 센서를 설치하여 환경변화 데이터를 수집하는 장기모니터링 10지점을 설정하였으며, 1년마다 현장에서 데이터를 회수하였다. 담수생태계 연구를 위하여 바톤반도 육상에 위치한 호수와 습지를 선정하였다. 호수와 습지의 중앙부에 수위, 전기전도도, 수온을 측정하는 로거를 설치하였으며, 호수의 유입과 유출부에는 전기전도도와 수온을 측정하는 로거를 설치하였으며, 데이터는 호수와 습지가 녹아서 드러나는 여름철에 2년마다 교체, 설치하였다.

1. 서론

남극의 육상생태계는 극저온환경이며, 일년동안 백야와 혹야, 물의 동결(freezing)과 해동(thawing)이 연주기로 발생한다. 이러한 극한의 생육조건으로 인하여 남극의 육상환경은 선택·지의류를 제외한 식생이 거의 존재하지 않는다. 초식동물과 곤충의 서식이 불가능하고, 무척추동물이 매우 간헐적으로 관찰되는 상대적으로 간단한 생태계구조를 가지고 있다. 따라서 아열대 지방이나 온대지방에 비하여, 토양 내로의 영양염류 유입이 적고, 물질 순환이 매우 느리며, 그 구조 또한 매우 단순하다. 최근 분자생물학적방법을 이용한 미생물 연구가 남극에서 활발히 진행되면서, 남극의 토양환경에 예상 외로 매우 다양한 미생물이 존재함을 확인하였다. 또한 생태계에서의 미생물 역할이 다른 대륙보다 상대적으로 중요함이 강조되는 연구결과가 보고되고 있다(Barrett *et al.*, 2006; Lee *et al.*, 2011).

세종기지가 위치한 바톤반도는 서남극 남극반도 북쪽에 위치하고 있다. 서남극은 대륙이 위치한 동남극보다 기후변화에 민감하게 반응하는 지역이다. 최근 지구온난화와 이상기후현상으로 인하여 환경변화에 대한 관심이 증대되고 있으며, 환경변화가 토양미생물 생태계에 미치는 영향에 대한 연구도 많이 진행되고 있다. 바톤반도는 고도, 경사, 사면 등의 지형학적인 측면에서 매우 다양한 형태로 존재하며, 습지, 건조지역, 구조토, 빙하후퇴지역, 담수호 등 다양한 미소생태계가 형성되어 있어 생물학적 요소와 무생물학적 요소의 관계를 연구하기에 적절한 지역이다. 육상 생태계변화를 모니터링하기 위하여 미소기후 관찰과 생지화학적 특성 분석이 동반된 모니터링이 갖추어져야만 장기적이고 안정적인 데이터를 수집할 수 있다.

본 과제에서는 1단계(2011년~2013년)의 기반조사를 토대로 다양한 육상생태계에 장기모니터링 지점을 선정하고, 선정한 지점에 미소기후 데이터 수집장치 (데이터로거)를 설치하여 기후변화에 따른 육상 생태계변화연구에 미소기후변화 자료로 사용할 수 있도록 하고자 하였다.

2. 장기모니터링지점 선정 및 레이터로거 설치

가. 연구지역

세종기지($62^{\circ} 13' S$, $58^{\circ} 47' W$)가 위치하고 있는 바톤반도(Barton Peninsula)는 남쉐틀랜드군도에서 가장 큰 킹조지섬의 남서쪽에 위치하고 있다. 킹조지섬의 연평균 기온은 $-3.0\sim-0.5^{\circ}C$ 이고, 낮기온이 영상으로 유지되는 여름철이 짧기 때문에 육상 하부에는 영구동토(permafrost)가 발달하고 상부에는 활동층(active layer)이 형성된다. 세종기지 부근 토양의 pH는 전반적으로 산성토-약산성토의 성질로 알려져 있다. 겨울동안 쌓였던 눈이 여름에 녹으면서 Ca^{2+} , K^{+} , Mg^{2+} 와 Na^{+} 등의 염기가 물과 함께 용탈되는 염기용탈 현상도 토양반응에 중요한 역할을 했을 것으로 판단된다(Kim *et al.*, 2009).

바톤반도의 육상생태계는 습지, 건조 고지대, 구조토, 호수등 다양한 생태계로 이루어져 있다. 습지는 바톤반도의 여름철 동안 가장 역동적으로 변화하는 지역 중 하나이다. 눈이 녹아 습지를 형성하며, 이와 함께 용출되는 여러 가지 형태의 화합물은 다양한 식생의 성장을 촉진 한다. 건조 고지대는 다른 생태계보다 상대적으로 수분함량이 적고 생물의 분포가 단순하여 생물과 환경요인 간 상호작용 파악에 매우 용이한 생태계이다. 구조토(patterned ground)는 수분을 함유한 퇴적물의 결빙과 해동이 반복되는 주빙하환경에서 주로 관찰된다. 분포지역의 지형 특성(특히 사면의 경사도)과 형성기작의 차이에 따라 원형(circles), 다각형(polygons), 줄무늬(stripe) 모양 등 여러 가지 다양한 표면 구조가 나타난다. 호수는 여름철 기간(1월~2월)동안 영상의 기온으로 올라갔을 때 눈이 녹아서 모여드는 곳에 드러나며, 수심 2m부터 50cm까지 다양하게 형성되어 있다. 여름철 기간 외에는 얼음으로 얼어있다.

나. 장기모니터링 지점 선정

토양미생물과 토양미기후와의 상관관계를 연구하고, 환경변화에 따른 토양미생물 변화를 관측하기 위하여 반톤반도 내 다양한 생태계 10지점을 토양 장기모니터링 지점으로 선정하였다. 토양 모니터링 지점은 해안가(KGL21), 열수변질대(KGL22), 산정상의 구조토지대(KGL23, 24), 구조토발달 지역(KGL25), 내륙 건조지역(KGL26), 경사지(KGL27), 구릉지대(KGL28), 호숫가(KGL29), 습지형성 지역(KGL30)으로 각기 다른 지형과 생태계를 형성하고 있다 (Fig. 1).

담수에 대한 장기모니터링지점은 1월~2월을 제외한 시기에는 얼어 있지만, 여름철에는 수심 2m이고 주변 호숫가에는 식생이 발달하는 호수와 여름철마다 눈이 많이 녹아서 형성되는 습지로 선정하였다. 호수는 유입과 유출, 중심부로 나누었으며, 습지는 중심부에 대하여 그 변화 추이를 관찰하였다.



Figure 6. King George Island – Long Term Ecological Research (KGI-LTER) sites (left) and data logger installation diagram through soil depths

다. 데이터 로거 설치 및 데이터 수집

장기모니터링 지점은 각기 다른 지형과 기후를 가지고 있기 때문에 활동층(active layer)이 각기 다르게 형성되어 있다. 장기모니터링 지역의 토양 환경변화 데이터 수집을 위하여 데이터 로거는 Onset HOBO Data Logger를 사용하였으며, 활동층의 깊이에 따라 지온과 수분향량 센서를 설치하였다. 그리고 모니터링지역의 표층 미기후 변화 관측은 지표면의 기온, 상대습도, 광량(광합성유효파장) 센서와 표층토의 온도, 수분함량 센서를 설치하여 데이터를 수집하였다. 데이터 로거의 설치 정보는 Table 1과 같다. 데이터 로거는 미기후정보를 1분마다 sampling하여 10분마다 로깅하고, 1년 동안 기록된 데이터는 현장에서 수집하고, 배터리 교체 및 로거 보수를 진행하였다.

Table 1. GPS and microclimate data logger installation information of monitoring point of soil surface layer in Barton Peninsula

지점	위도	경도	센서 설치깊이	센서 종류
KGL21	62° 13' 21.9" S	58° 47' 00.1" W	표층	기온, 상대습도, 광량, 지온, 수분함량
			15cm, 30cm, 50cm, 100cm, 150cm, 180cm	지온, 수분함량
KGL22	62° 13' 6.9" S	58° 44' 35.2" W	표층	기온, 상대습도, 광량, 지온, 수분함량
			10cm, 20cm, 40cm, 80cm	지온, 수분함량
KGL23	62° 13' 21.0" S	58° 44' 47.0" W	표층	기온, 상대습도, 광량, 지온, 수분함량
			20cm, 50cm	지온, 수분함량

KGL24	62° 13' 23.2" S	58° 44' 49.8" W	표층	기온, 상대습도, 광량, 지온, 수분함량
			20cm, 50cm	지온, 수분함량
KGL25	62° 13' 51.0" S	58° 46' 31.1" W	표층	기온, 상대습도, 광량, 지온, 수분함량
			10cm, 30cm, 50cm, 70cm	지온, 수분함량
KGL26	62° 14' 3.4" S	58° 44' 31.3" W	표층	기온, 상대습도, 광량, 지온, 수분함량
			10cm, 20cm, 40cm, 80cm	지온, 수분함량
KGL27	62° 13' 55.2" S	58° 43' 10.9" W	표층	기온, 상대습도, 광량, 지온, 수분함량
			10cm, 20cm, 40cm, 60cm	지온, 수분함량
KGL28	62° 14' 3.5" S	58° 46' 23.1" W	표층	기온, 상대습도, 광량, 지온, 수분함량
			10cm, 20cm, 50cm	지온, 수분함량
KGL29	62° 13' 55.2" S	58° 43' 10.9" W	표층	기온, 상대습도, 광량, 지온, 수분함량
			10cm, 20cm, 40cm, 60cm	지온, 수분함량
KGL30	62° 14' 17.0" S	58° 43' 46.6" W	표층	기온, 상대습도, 광량, 지온, 수분함량
			10cm, 20cm, 40cm, 60cm	지온, 수분함량

담수 생태계의 환경변화 관측을 위하여 설치한 데이터 로거의 정보는 Table 2와 같다. 호수의 유입과 유출부분은 수온과 전기전도도 로거를 설치하였으며, 중앙부분은 수온, 전기전도도와 수위측정 로거를 설치하였다. 호수의 로거 설치 사진은 Fig. 2와 같다. 습지의 중앙부에는 수온, 전기전도도와 수위 측정로거를 설치하였다. 담수 데이터 로거의 데이터 로깅은 60분마다 이루어 졌으며, 2년에 한번씩 로거를 교체하였다.

Table 2. GPS and microclimate data logger installation information of monitoring point of Fresh Water in Barton Peninsula

지점	위도	경도	설치 로거
호수 중앙	62° 14' 23.386" S	58° 44' 40.541" W	수위, 수온, 전기전도도
호수 유입			수온, 전기전도도
호수 유출			수온, 전기전도도
습지 중앙	62° 14' 08.138" S	58° 46' 09.673" W	수위, 수온, 전기전도도

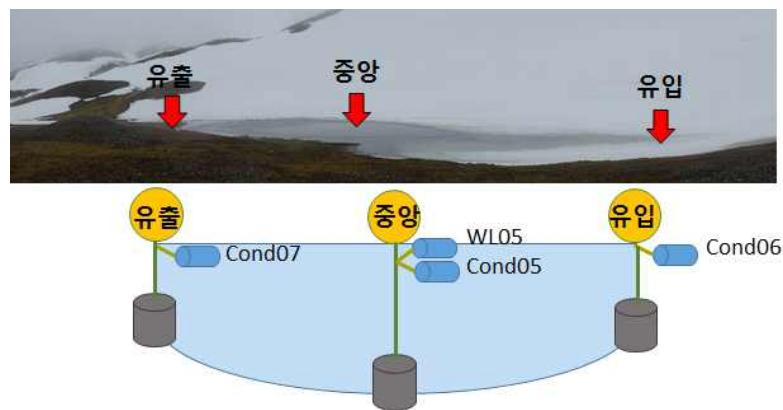


Figure 7. Data logger installation diagram of the lake

3. 결론

남극 육상 토양생태계의 환경변화 특성관측을 위하여 표층의 기온, 상대습도, 지온과 수분함량을 측정하는 센서와 지표아래 활동층의 깊이에 따라 지온 및 수분함량을 측정하는 센서를 설치하여 환경변화 데이터를 수집하는 장기모니터링 10지점을 설정하였다. 데이터 로거의 데이터는 10분마다 로깅되어 저장되며, 1년마다 현장에서 데이터를 수집하였다. 담수생태계는 환경변화 특성관측은 바톤반도 육상에 위치한 호수와 습지를 선정하였다. 호수와 습지의 중앙부에 수위, 전기전도도, 수온을 측정하는 로거를 설치하였으며, 호수의 유입과 유출부에는 전기전도도와 수온을 측정하는 로거를 설치하였다. 환경변화 데이터는 1시간마다 로깅되며, 2년 동안 수집 저장된다. 담수 환경변화 데이터로거는 호수와 습지가 녹아서 드러나는 여름철에 교체, 설치하였다.

제 2 절. 원격탐사를 이용한 식생분포 조사

1. 환경요인 변화 분석

바톤반도에서 지표 식생의 변화 탐지를 위하여 인공위성과 무인기 등 다양한 플랫폼을 활용한 원격탐사를 통해 고해상도 광학 영상 자료를 획득하고 분포 분석을 수행하였다. 식생의 분포에 영향을 미치는 요인을 파악하기 위하여 주요한 환경 요소 중 하나인 수분 공급원을 결정하는 눈 피복 분포 정도를 분석하였다. 또한 식생 분포에 영향을 미치며 지형기복 특성을 기반으로 하는 태양광 에너지 지표 누적량, 지표 수계 분포 확률 및 지표 수계 흐름 누적량의 환경 요소들에 대하여 개별 요소의 영향 정도 평가를 목적으로 환경 요소 모델링 기법을 구현하였다.

가. 바톤반도 식생분포 모니터링

바톤반도에서 식생의 지표 분포 정도를 평가하고 모니터링하기 위하여 서로 다른 시기에 획득된 고해상도 광학 위성영상을 활용하였다. KOMPSAT-2와 Quickbird의 두 위성에서 각각 획득된 영상으로부터 식생과 나지(암석/토양)의 혼합비율 분류 분석을 수행하였고, 시기별 식생 분포/밀도로부터 연간 변동성의 파악이 가능함을 확인하였다.

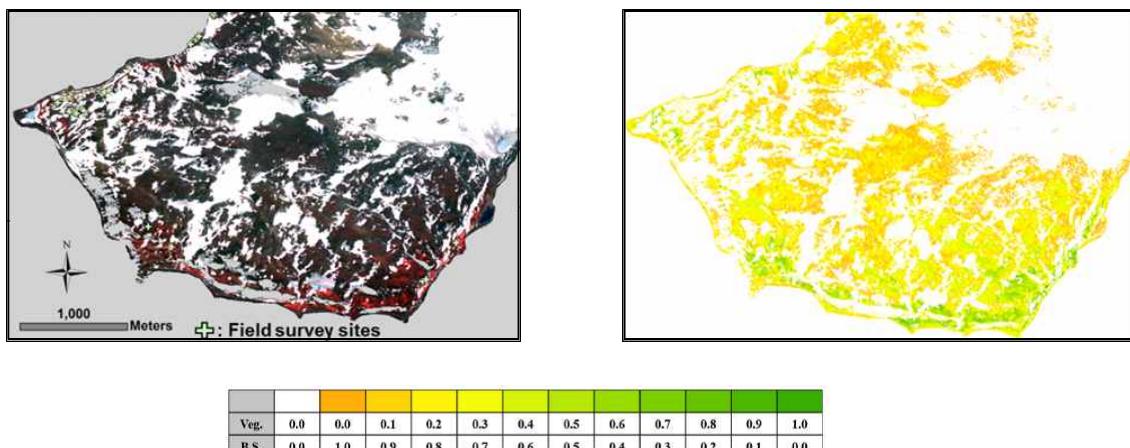


Figure 8. 2012년 2월 KOMPSAT-2 영상을 이용해 작성한 식생분포도

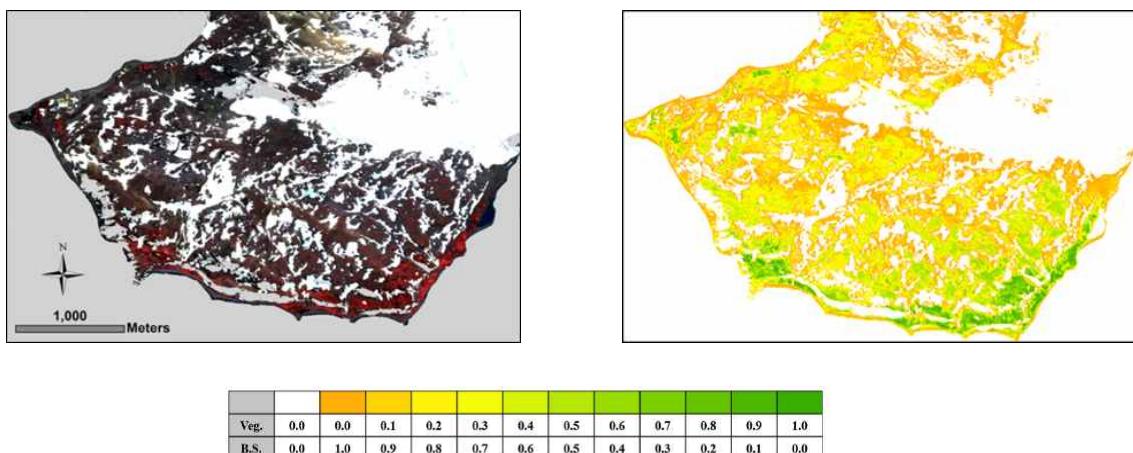


Figure 9. 2006년 12월 Quickbird 영상을 이용해 작성한 식생분포도

단일 개체의 크기가 작은 바톤반도의 식생 특성을 고려하고 보다 세밀한 관측을 위하여 인공위성보다 저고도에서 고해상도의 영상 자료 획득이 가능한 회전익 방식의 무인기 (unmanned aerial vehicle, UAV)를 활용하였다. 바톤반도 내에서 3.1 km²의 영역에 대한 약 1,500매의 영상 촬영을 수행하였고 모자이킹 과정을 거친 후 공간해상도 약 3 cm의 고해상도 영상을 제작하였다.

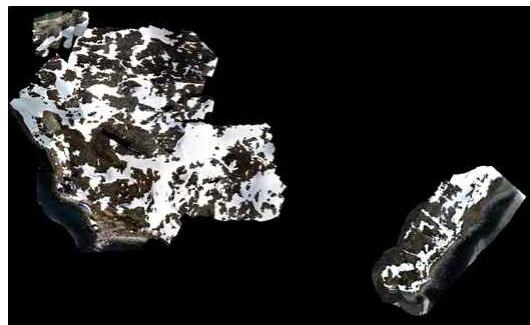


Figure 10. Mosaic image UAV 획득
영상의 모자이킹 결과

제작된 고해상도 무인기 모자이크 영상을 활용하여 바톤반도 내 남극특별보호구역 No. 171 인근 지역에 대한 식생지도를 작성하였다. 무인기 영상을 활용할 경우 구름이 분포하는 등 광학 인공위성 센서를 활용한 영상의 획득이 어려운 기상 상황에서도 구름이 위치한 고도 아래에서 상대적으로 저고도 비행을 통하여 영상 자료의 획득이 가능하기 때문에 효율적인 분석에 필요한 최적 시기의 식생분포 패턴 모니터링 및 위성영상에 비하여 상대적으로 고해상도의 정밀한 분석이 가능한 장점이 있다.

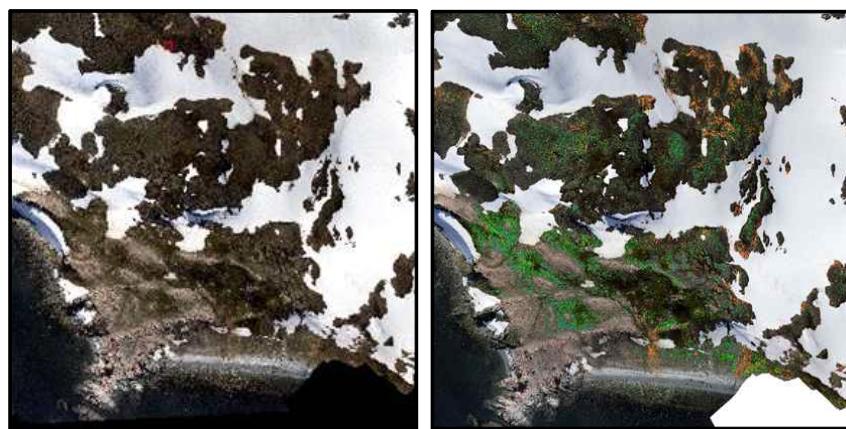


Figure 11. 남극특별보호구역 No. 171 인근 분석 대상 지역 및 식생분포 매핑 결과

무인기보다 낮은 고도에서 운용이 가능하며 상대적으로 큰 중량의 센서를 탑재하고 장시간 동안 영상 획득이 가능한 헬리카이트(helikite) 플랫폼을 활용하여 고해상도 영상과 미소 수치지표모델 원격 획득방법을 구현하였다. 헬리카이트에는 2대의 가시광 영역 RGB 디지털카메라와 1대의 근적외선(near-infrared, NIR) 영역 디지털카메라가 일정 간격으로 견고한 기하를 유지하도록 장착된 센서 패키지를 탑재하여 동일 지점에서 동시에 영상 획득이 가능하도록 하였고, 정밀한 영상정합과 합성을 통한 4밴드 다중분광 영상이 획득될 수 있는 영상처리 프로토콜을 구현하였다.

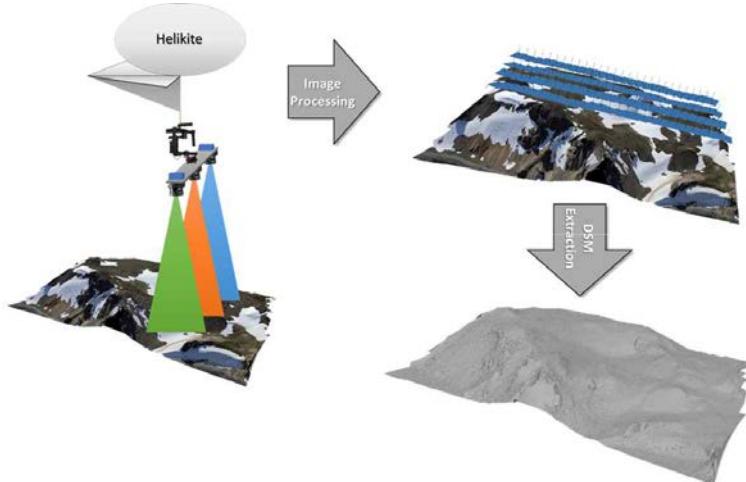


Figure 12. 헬리카이트 기반 고해상도 영상과 미소 수치 지표모델 원격획득 및 모니터링 방법

바톤반도 내 식생 모니터링 지역에서 헬리카이트 탑재 센서로부터 획득된 개별 영상들을 이용하여 모자이크된 다중분광 영상을 제작하였고, 가시광과 근적외선 파장 영역의 영상을 중첩한 다중분광 영상으로부터 식생 밀도 및 활력도와 연관된 식생지수(normalized difference vegetation index, NDVI) 지도를 작성하였다. 모자이크 영상은 단일 개체 및 군집의 크기가 작

은 극지 분포 식생의 탐지에 적합하도록 약 4 mm의 공간해상도로 제작하였다.

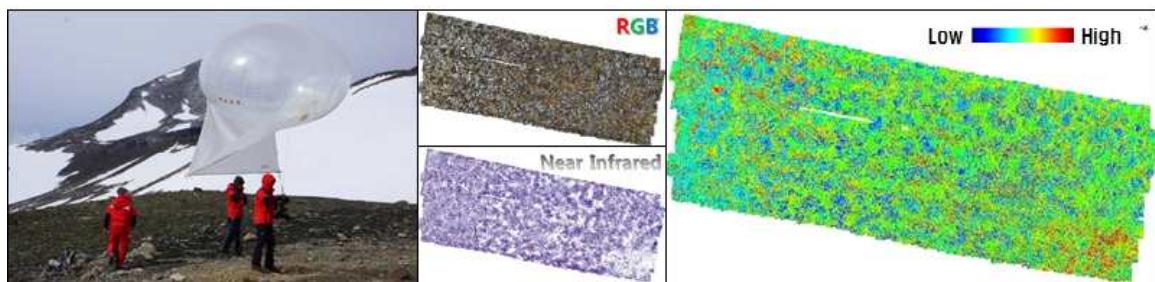


Figure 13. 헬리카이트 활용 가시광 및 근적외선 파장 영상 획득을 통한 식생 지수 매핑 기법

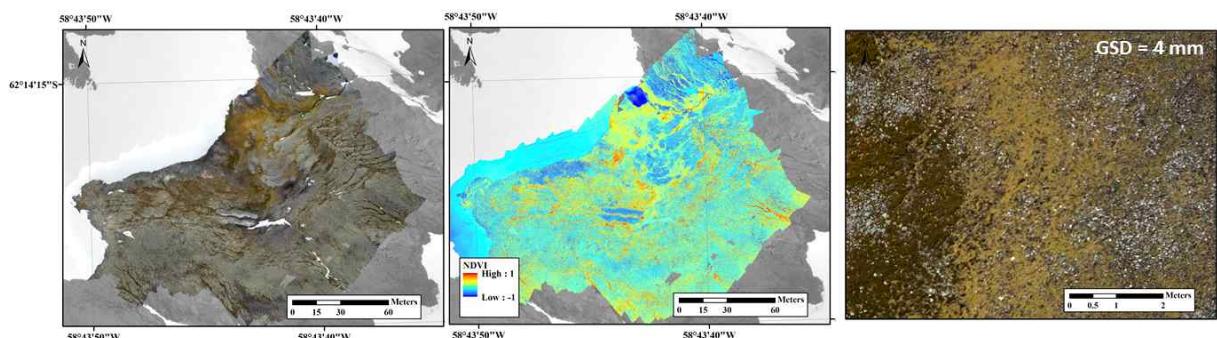


Figure 14. KGL02 모니터링 지역 가시광 모자이크 영상 및 식생지수 지도 작성

나. 바톤반도 환경요인 분석

식생 분포에 영향을 미치는 주요 요인 중 하나는 수분이며 이의 공급원 역할을 하는 눈의 분포 패턴을 모니터링하기 위하여 다중 시기 Landsat 위성영상과 눈지수(snow index)를 활용한 분석을 수행하였다. 위성 영상은 1986년부터 2012년 사이에 취득된 영상 가운데 구름이 없는 고품질의 15시기 영상을 선별하여 이용하였고 중첩분석을 수행하여 바톤반도 지점별 평균 눈지수를 산출하였다.

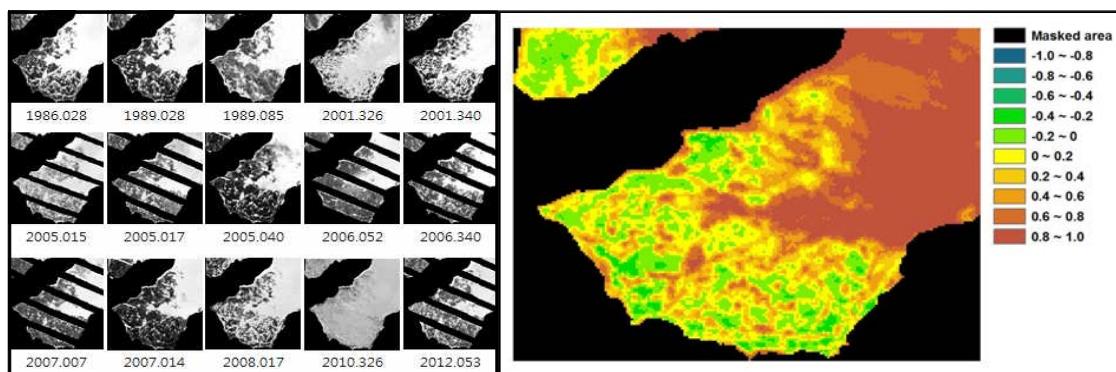


Figure 15. 다중시기 Landsat 위성영상을 이용한 시기별 눈지수 산정 및 평균 지수값 산출

지형 기복이 주요한 결정 요인으로 작용하는 환경 요소인 태양광 에너지 지표 누적량, 지표 수계 분포 확률 및 지표 수계 흐름 누적량의 모델링을 위해서는 수치지표모델(digital surface model, DSM)이 필요하다. 바톤반도 전역에 대하여 정밀한 모델링을 위한 고해상도 수치지표모델 구축을 목표로 회전익 무인기에 비하여 운용 시간이 긴 고정익(fixed-wing) 방식의 무인기를 활용하여 약 6,700매의 고해상도 영상을 획득하였고, structure from motion (SfM) 분석 기법을 이용하여 약 5.2 cm 공간해상도의 모자이크 영상과 약 10.4 cm 공간해상도의 미세지형도를 제작하였다.

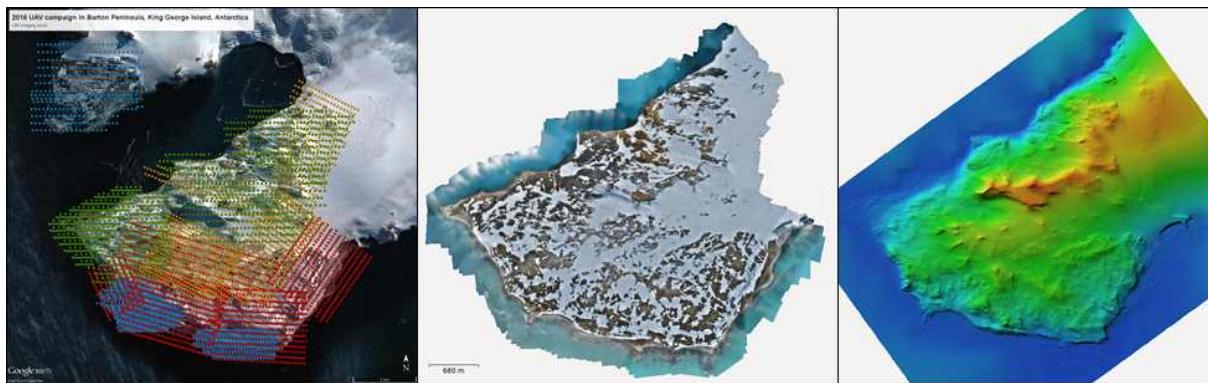


Figure 16. 바톤반도 전역 고해상도 무인기 영상 획득 및 모자이크 영상과 광역 미세지형도 제작

수치지표모델을 이용하여 태양광 에너지 지표 누적량, 지표 수계 분포 확률 및 지표 수계 흐름 누적량 모델링을 수행할 수 있는 모듈을 구현하였다. 바톤반도의 지표는 기반암의 물리적 풍화로부터 비롯된 쇄석이 주요하게 피복을 구성하고 있다. 따라서 불규칙한 소규모 지형으로부터 비롯되는 수계 흐름 방향에 대한 불확실성을 고려하기 위하여 수계 분포 모델링 시 Monte carlo 방법을 포함시켰고 수계 형성 가능성을 확률적으로 나타낼 수 있도록 모델을 구현하였다.

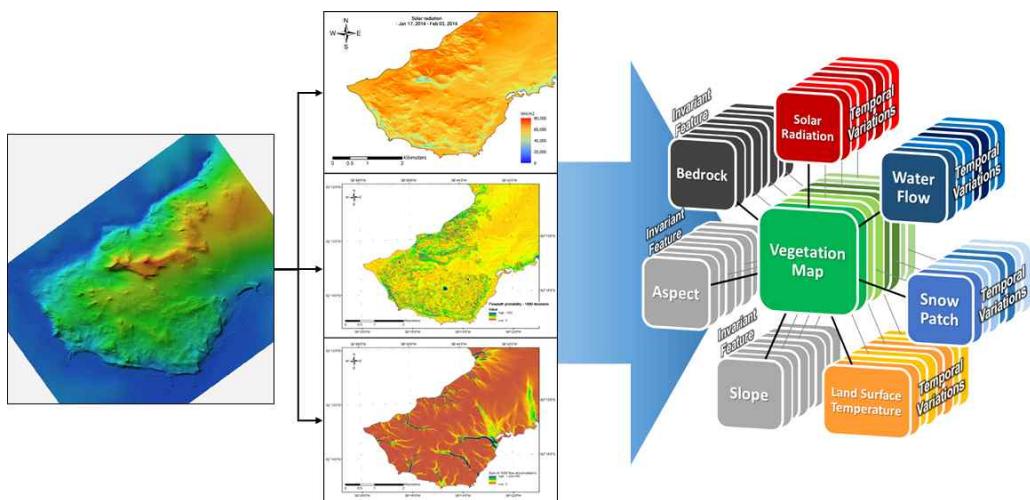


Figure 17. 수치지표모델을 이용한 환경 요소 모델링 기법 구현

제 3 절. 식생분포 변화 연구

1. 서 론

남극반도와 주변 도서를 포함한 서남극 지역은 남극 기후변화가 가장 빠르게 진행되고 있는 지역으로 지구 온난화에 의한 효과가 가장 뚜렷하게 감지되고 있는 지역이다 (Steig et al. 2009). 이러한 기후온난화는 남극 지역의 지형변화와 환경변화를 초래하여 종의 분포에 영향을 미칠 수 있으며, 남극 생태계는 그 민감성 때문에 작은 환경변화에 대해서도 크게 영향을 받을 수 있다 (Lewis Smith 1984, 1990, Longton 1988, Kennedy 1995). 또한 기후변화에 따른 남극 생태계와 이를 이루고 있는 종에 대한 연구는 전지구 기후변화에 대한 이해를 돋는데 필요하다(Convey et al. 2009, Turner et al. 2009, Convey 2010).

남극세종과학기지는 서남극지역 중에서도 해양성남극역의 남쉐틀랜드군도 킹조지섬에 위치하고 있어 기후온난화와 이로 인한 환경변화 연구는 물론 여기에 서식하고 있는 생물과 이들이 이루고 있는 생태계의 반응 연구의 최적지이다. 남극 킹조지섬은 최근 수십 년에 걸쳐 다양한 환경변화를 겪고 있으며, 기후변화에 의한 온도변화, 빙하의 축소, 자외선의 증가 등을 경험하고 있다(Robinson et al. 2003).

본 연구에서는 환경변화에 대한 바톤반도의 식생분포의 변화 양상을 파악하기 위하여 바톤반도 전역에 대한 식생도를 작성하고자 하였다. 또한 바톤반도는 빙하로부터 노출된 지역이 매우 협소함 (약 4 km X 3 km)에도 불구하고 작은 봉우리와 능선, 계곡, 평지, 해안 등으로 구성된 복잡한 지형을 이루고 있어 지형적 특성과 이로 인한 환경구배에 따른 다양한 식생분포를 보이고 있다. 또한 극지역 육상생태계를 이루는 독특한 환경으로서 구조토와 최근 빙하후퇴지역에 대한 연구가 가능한 지역이다. 이러한 바톤반도의 지역특성을 바탕으로 환경 특성에 따른 육상식생의 분포와 환경요인과의 상관관계를 조사하여 향후 기후변화로 인한 환경요인의 변화와 이에 대한 식생분포 수준의 생태계 반응연구의 기반을 마련하고자 하였다.

2. 재료 및 방법

가. 식생분포도 작성

남극세종과학기지가 위치한 바톤반도 일대의 빙하 피복지역을 제외한 전지역을 대상으로 식생분포도를 작성하였다. 식생분포도 작성을 위한 조사는 2012년부터 2015년까지 하계 현장조사 기간에 수행되었으며 지형도, 휴대용 GPS 등을 활용하여 작성하였다.

나. 환경요인과 식생분포간 상관관계 조사

(1) 조사 지역 및 방형구 조사

가) 건조지역의 환경요인과 식생분포간의 상관관계 조사

건조지역 장기관측지역으로 선정된 백제봉일대와 그 주변의 가야봉일대의 식생분포와 환경요인간의 상관관계 조사를 위하여 지역 특성에 따라 각각 70m x 75m plot과 70m x 40m plot을 설치하고 방형구법 (기본 방형구 크기 0.5 m x 0.5 m)을 적용하여 식생 분포 분석과 환경요인을 조사하였다 (그림 18).

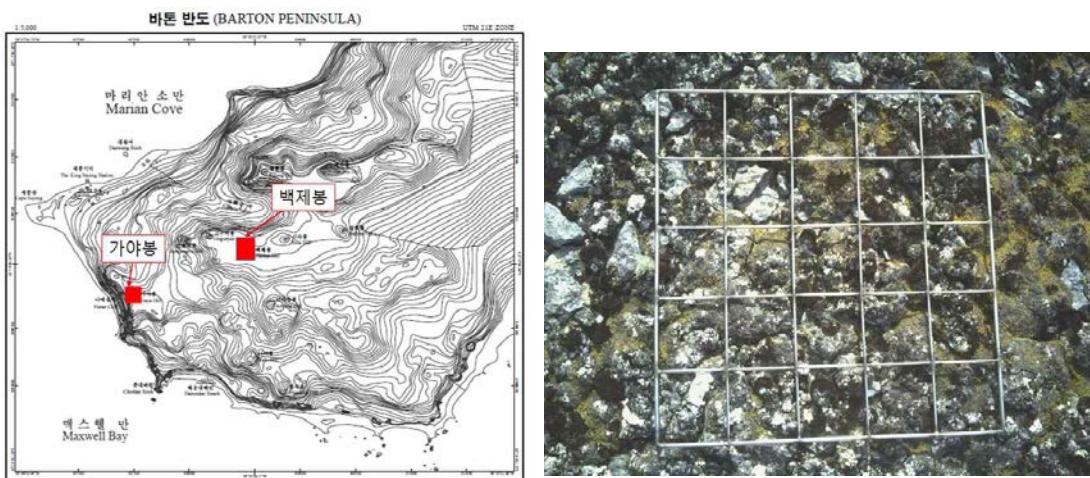


Figure 18. Location of survey area (Gaya Hill and Baekje Hill) and a quadrat ($0.5\text{ m} \times 0.5\text{ m}$)

나) 해안가 습지의 환경요인과 식생분포간의 상관관계 조사

세종과학기지 인근 해안가에 육상식생 중점조사 plot ($25\text{m} \times 40\text{m}$)을 설치하고 눈녹음과 식생분포 간 상관관계 조사 및 분석하였다 (Fig. 19). 조사 plot은 $5\text{m} \times 5\text{m}$ 크기의 54개 격자로 나누어 $0.5\text{m} \times 0.5\text{m}$ 크기의 방형구를 설치하여 분석이 이루어졌다. 식생분포에 대한 눈녹음 현상의 영향을 파악하기 위하여 2015년 1월 14일부터 2월 28일까지 7주 동안을 4개의 시기로 나누어 조사하였다. 조사 시기 중 2월 18일에 눈녹음이 최고에 달하였다 (Fig. 20).



Figure 19. 눈녹음과 식생분포 간
상관관계 분석을 위한 조사 지역

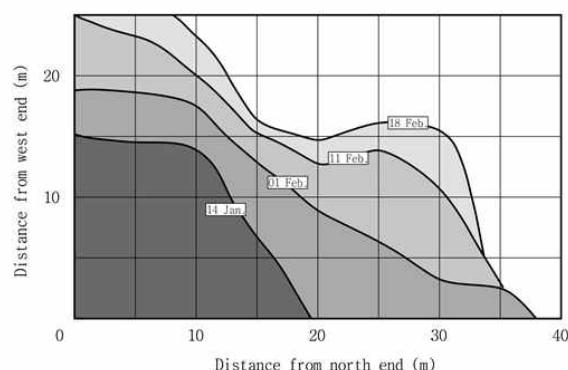


Figure 20. 시기별 snow cover 흐름 양상

다) 구조토 식생조사

백제봉과 세종봉 일대 구조토 형성 지역에 50 m 선형 plot을 설치하고 방형구법 (기본 방형구 크기 0.5 m × 0.5 m)을 적용하여 식생 분포 분석 및 식생분포도를 작성하였다. 복잡한 구조토 지형의 식생분포도 작성을 위해서는 지형에 따라 10cm × 10cm, 20cm × 20cm, 그리고 기본 방형구 0.5m × 0.5m의 방형구를 탄력적으로 적용하였다 (Fig. 21). 각 plot에 대한 우점종의 공간분포도 작성을 통한 환경요인과 종 분포간의 상관관계 분석(Pearson Correlation Coefficient)을 수행하였다.



Figure 21. 사면에 발달한 구조토와 구조토 식생분포 조사

라) 빙하후퇴지 초기 식생천이 조사

바톤반도와 포터소만의 경계 지역은 빙하가 후퇴하여 새로운 기질이 노출되고 있는 지역으로 식생분포변화와 환경요인 조사를 위하여 약 100×100m²의 정방형 plot(영구방형구)를 설치하고, 5m 간격의 미소격자로 구분한 후, 각 격자의 모서리에서 식생의 구조, 입지요인 및 동물의 영향 등을 조사하였다 (Fig. 22). 식생조사는 0.5 m × 0.5 m의 방형구에 출현하는 지의류, 이끼류 및 현화식물의 키와, 피도를 측정하고, 이를 바탕으로 군집의 구조를 파악하였다. 한편, 식물체의 분산과 시비효과와 밀접한 관계에 있는 새 등지의 영향 조사를 위하여 새 등지와 인접한 지소에서는 약 1m 간격으로 세분하여, 미지형과 식생의 분포 간의 상관관계를 분석하였다.

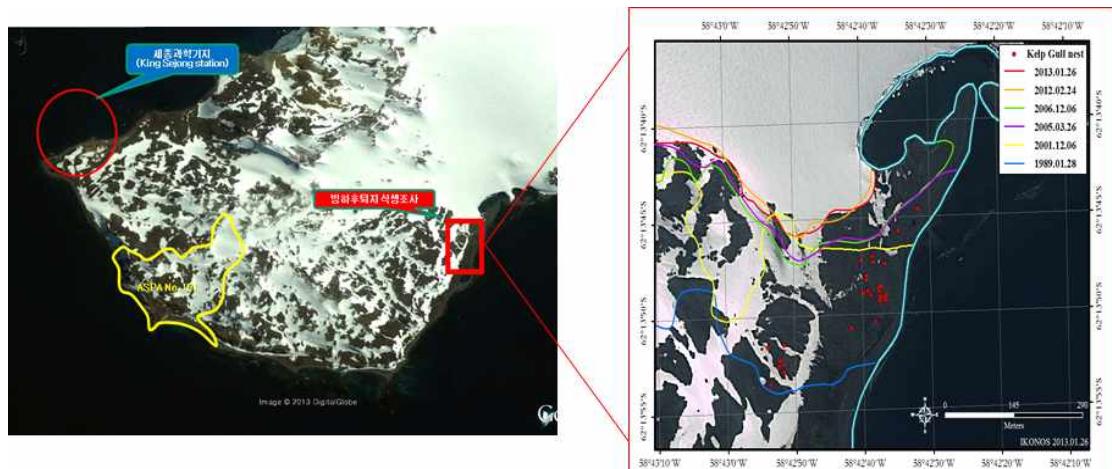


Figure 22. 킹조지섬 바톤반도 포터소만에서의 빙하 후퇴양상 (1989–2013년)

(2) 환경요인 조사

각 조사 plot에서의 지형은 조사 격자와 방형구별로 조사하였고 상대 고도를 측정하였다. 눈쌓임의 깊이는 철재자를 이용하였고 환경요인으로 해발고도, 사면, 미세지형의 방향, 기질을 구성, 토양 수분 등을 측정하였다 (Table 29).

Table 3. Criteria for classification categories of the environmental variables

Environmental variables	Category									
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
Microaspect (dg)	0~22.5, 337.5 ~360.0	22.5 ~67.5	67.5 ~112.5	112.5 ~157.5	157.5 ~202. 5	202.5 ~247.5	247.5 ~292.5	292.5 ~337.5	-	-
Microaspect	N	NE	E	SE	S	SW	W	NW	-	-
Inclination(dg)	0~5	5~10	10~15	15~20	20~2 5 lower slope	25~30	30~35	>35	-	-
Topology	summit	ridge	upper slope	middle slope	arid valley	arid valley	stream flow	pond or wet land	-	-
Microtopolgy	upper slope	middle slope	lower slope	arid valley	-	-	-	-	-	-
Substrate	rock	boulder	boulder-cobble	cobble	cobble-pebble	pebble	pebble-fine grain	coastal sand	fine grain	humus
Wind exposure	very strong	strong	moderate	weak	very weak	-	-	-	-	-
Moisture	very arid	arid	moderate	slightly wet	wet	very wet	snow	-	-	-
Snow cover duration (week)	0	2	4	5	>6	-	-	-	-	-

(3) 식생자료 획득 및 분석

각 기본 방형구($0.5 \text{ m} \times 0.5 \text{ m}$)를 각 조사 포인트로하여 식생의 키, 피도를 측정하고 각 방형구의 식생을 고해상도로 촬영(12 mega pixel이상)하여 각 종의 피도등급 계산에 활용하였다. 식생의 구분은 높은 피도등급을 나타내는 우점종으로 대표하여 구분하였으며, 중요도는 각 종의 상대빈도와 상대 피도의 합으로 계산하여 백분율로 나타내었다. 분석에 사용한 각 방형구에서 얻어진 데이터들은 식생 데이터와 환경데이터들을 MS Excel 2010 (Microsoft, Raymond, WA, USA)를 사용하여 정리하였다. 각 방형구에서 식생은 지의류와 이끼류로 나누어 모든 분류군을 계산하였다. 종종부도(species richness, 각 방형구에서의 출현종의 수), 우점도 (C, Simpson 1949), 균등도(evenness, J, Pielou 1969)와 종다양성 지수 등은 아래와 같은식을 따랐다. S는 각 방형구의 전체 종수이며 P_i 는 종 I의 상대 중요도 값이다 (Krohne 2001).

$$C = \sum (P_i)2 \quad (\text{Eq. 1})$$

$$H' = - \sum (P_i \ln P_i) \quad (\text{Eq. 2})$$

$$J = H'/\ln (S) \quad (\text{Eq. 3})$$

통계 분석은 SYSTAT ver. 12.0 (SYSTAT Software Inc., San Jose, CA, USA)를 사용하였다. 눈녹는 시기에 의존하는 군집간의 평균비교를 위해 one-way ANOVA를 수행하였다. 주요 종들의 공간분포에 영향을 미치는 주요 환경요인을 분석하기 DCA분석을 수행하였다.

3. 결 과

가. 바톤반도 식생분포도

바톤반도에 대한 식생분포도는 본 연구를 통해 조사된 지역과 2007년 김 등에 의해 세종기지 주변을 대상으로 작성된 식생도, 2009년 남극특별보호구역(ASPA 171)으로 지정된 펭귄군서지 주변의 Narebski point의 관리계획 수립시 작성된 식생분포도를 참고하여 2014년 수정관리계획에 포함된 식생도(환경부 2014)를 통합하여 작성하였다. 특별보호구역 ASPA 171은 붉은색의 구획으로 표시하였다 (그림 6).

바톤반도의 식생은 각 군집의 우점종을 기준으로 크게 약 10개의 군집 형태로 구분할 수 있으며, 구릉과 봉우리의 우점분류군은 *Usnea*속이며 *Usnea*속과 주요 이끼류, 각상지의류, *Himantormia*와 같은 주요 지의류가 associations을 이루는 특징을 보였다. 융설수가 유입되는 해안습지, 웅덩이 주변, 그리고 융설수의 이동로 주변에는 *Sanionia*속과 *Andreaea*속의 이끼류가 우점하는 군집이 관찰되었고 식생의 분포는 미소 지형특성과 이에 따른 수분구배 등에 의해 결정되는 것으로 보인다.

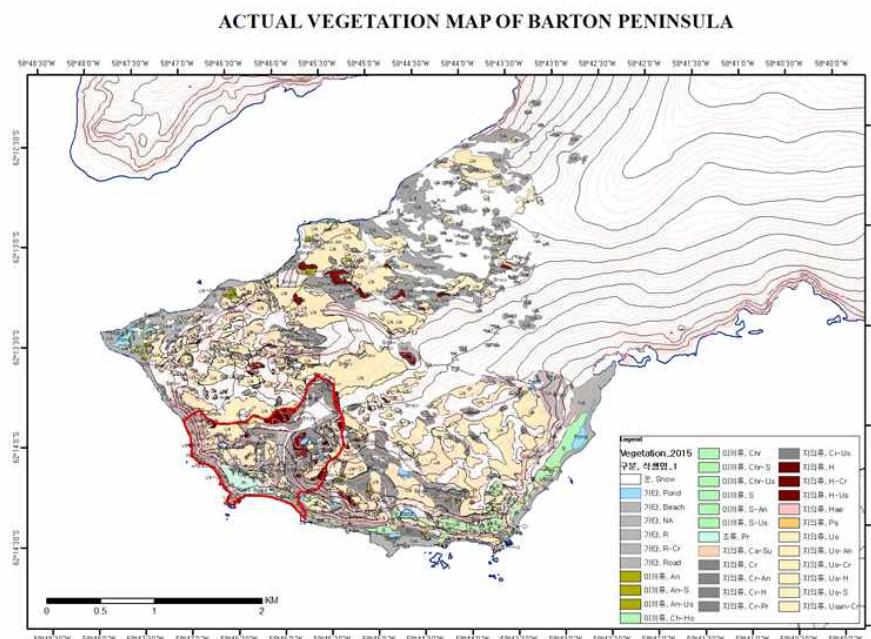


Figure 23. 바톤반도의 현존식생도(Kim et al. 2007, 환경부 2014,
본연구 조사기간 2012-2015)

나. 건조지역 식생분포와 환경요인과의 상관관계

(1) 가야봉의 식생분포와 환경요인간의 상관관계

가야봉 지역의 중점조사지를 포함하여 환경요인과 식생분포 간 상관관계 조사 및 분석결과 주요 식물군집의 종분포에 영향을 미치는 주요 요인은 공간 규모에 따라 차이를 보이며, 우점종이 있는 소규모 패치($5m \times 5m$)에서는 종간경쟁과 종내경쟁이 종 다양성과 밀접한 관계를 보였다. 새의 영향과 미소지형의 차이로 인한 수분구배가 종의 공간분포와 밀접한 상관관계가

있음을 확인할 수 있었다 (그림 7과 표 2). 지의류의 피도와 종밀도는 토양수분함량과 음의 상관관계를 보인 반면 이끼류의 피도와 종밀도는 양의 상관관계를 보였다. 새의 등지로부터의 거리가 가까울수록 녹조류인 *Prasiola crispa*의 피도가 높게 나타났으며, 이는 새의 분변에 의한 시비효과로 보인다.

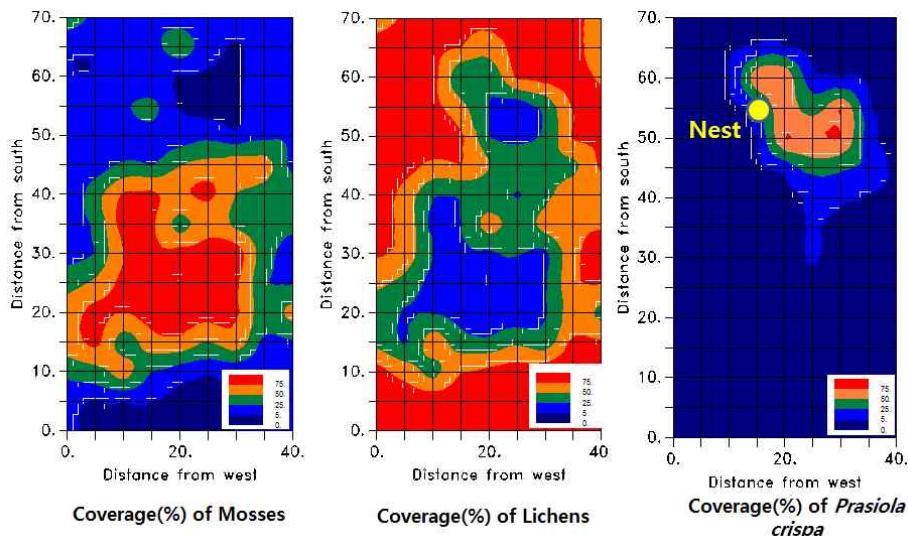


Figure 24. 가야봉 인근 경사지의 우점 식생별 공간분포

Table 4. 식생지수와 환경요인간의 Pearson 상관계수

식생의 속성/ 입지요인	사면방위	미지형등급	새 등지로부터 거리	기질등급	토양수분등급
지의류의 피도 (%)	-0.37 **	-0.26	0.02	-0.32 *	-0.56 ***
이끼류의 피도 (%)	0.31	0.41 ***	0.24	0.49 ***	0.77 ***
조류의 피도 (%)	0.19	-0.20	-0.44 ***	-0.08	-0.20
지의류의 종밀도 (No./0.25cm ²)	-0.32 *	-0.12	0.08	-0.14	-0.36 **
이끼류의 종밀도 (No./0.25cm ²)	0.27	0.13	0.13	0.22	0.48 ***
종다양도 지수 (H')	-0.02	-0.15	-0.24	-0.16	-0.33 *
<i>Usnea aurantiaco-atra</i>	-0.34 *	-0.26	-0.08	-0.17	-0.47 ***
<i>Andreaea gainii</i>	0.06	0.33 *	0.12	0.12	0.49 ***
<i>Usnea antarctica</i>	-0.21	-0.19	-0.15	-0.07	-0.36 **
<i>Ochlorella frigida</i>	0.09	-0.12	-0.08	0.08	0.17
crustose lichens	-0.11	0.32 *	0.16	-0.13	-0.01
<i>Prasiola crispa</i>	0.20	-0.20	-0.42 ***	-0.06	-0.18
<i>Psoroma hypnorum</i>	0.30	0.01	0.05	0.32 *	0.28
<i>Sanionia georgicounicinata</i>	0.33 *	0.06	0.17	0.42 ***	0.39 **
<i>Sphaerophorus globosus</i>	-0.23	-0.22	-0.03	0.03	-0.27
<i>Himantormia lugubris</i>	0.13	-0.11	0.05	0.01	0.10
<i>Andreaea rugalis</i>	0.07	0.11	0.10	0.06	0.21

(2) 백제봉의 식생분포와 환경요인간의 상관관계

바톤반도에 우점하는 지의류인 *Himantormia lugubris*와 *Usnea* spp.가 우점하고 있는 백제봉 지역을 선정하여 두 종의 분포원인을 파악하기 위하여 각각의 생태적 지위 폭과 중복 지역을 분석한 결과 두 종의 공간분포에 영향을 미치는 가장 큰 요인은 눈이 녹는 시기, 바람이 부는 방향, 기질의 크기 그리고 두 종간의 경쟁관계로 나타났다 (Fig. 25).

한편, 백제봉 영구방형구에서 *Himantormia lugubris* 개체군의 공간분포에 환경요인이 미치는 영향을 분석하기 위해서 다중회귀분석을 실시하였다. 이때 종속변수는 *H. lugubris*개체군의 활력도 이었으며, 독립변수는 수분(moisture)의 구배, 지형(topology), *Usnea* spp.의 피도

(coverage) 그리고 사면경사(slope) 이었다 (Table 5).

다중회귀분석결과, *H. lugubris*개체군의 분포에는 지형에 따른 눈의 재배치에 의한 수분의 구배가 가장 큰 영향을 미치는 것으로 확인되었다.

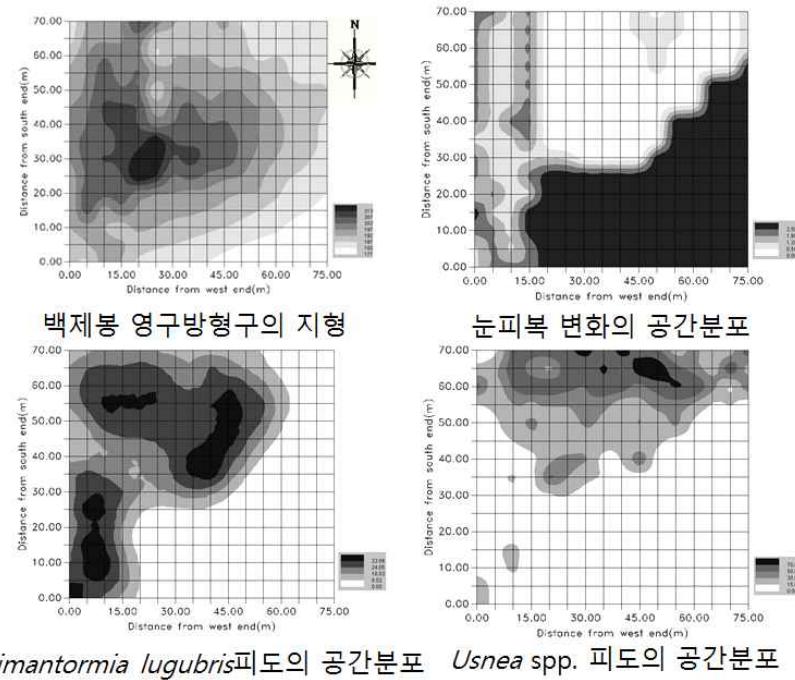


Figure 25. 백제봉 영구방형구에서 환경요인과 *Himantormia lugubris* 및 *Usnea* spp.의 공간분포

Table 5. 백제봉 영구방형구에서 *Himantormia lugubris* 개체군의 공간분포에 관한 다중회귀분석

Variables	Regression coefficients	Partial r ²	Cumulative r ²	Tolerance	P
Constant	78.809				0.000
Moisture	-9.441	0.564	0.564	0.655	0.000
Topology	-6.756	0.066	0.630	0.856	0.000
Coverage of <i>Usnea</i> spp.	-0.203	0.024	0.654	0.574	0.000
Slope	1.384	0.008	0.662	0.954	0.021

다. 해안가 지역 눈녹음 현상과 식생분포 상관관계

바톤반도 세종과학기지 인근 해안가에서 눈녹음과 식생분포 간 상관관계 조사 및 분석하였다. 해안가에서 눈이 녹기 시작하는 장소의 식생은 Snow algae 우점형, Crustose-*Andreaea* 우점형, *Andreaea* 우점형 그리고 *Usnea* 우점형의 4개 집단으로 구분되었다 (Fig. 26).

Fig. 26는 눈으로 덮여 있는 지역을 제외한 총 29개 지점의 식생자료를 이용하여 DCA서열을 분석한 결과를 나타내고 있다. I축과 II축의 eigenvalue 값은 각각 0.5687과 0.1918이었다. I축과 II축의 분산 설명력은 각각 50.5%와 17.0%이었으며, 이들의 전분산합은 67.5%이었다. 각 미소방형구들은 I축 상에서 3개의 그룹으로 구분되는데, 가장 왼쪽에는 *Usnea* 우점형이 위치하고, 중간에 *Andreaea* 우점형, 가장 오른쪽에는 Crustose-*Andreaea* 우점형이 위치하고 있다. II축 상

에서는 2개의 그룹으로 구분되는데, 위쪽에는 *Usnea* 우점형이 위치하고, 아래쪽에는 *Andreaea* 우점형과 *Crustose-Andreaea* 우점형이 위치하였다.

DCA 축값과 환경요인 간의 상관분석을 실시한 결과, DCA I축과 밀접한 상관이 있는 환경요인은 고도, 미지형, 기질의 입자크기, 눈으로 덮여 있는 기간이었으며, DCA II축과 밀접한 상관이 있는 환경요인은 고도와 기질의 입자크기로 나타났다. 따라서 해안가 저지대에서 눈녹음이 시작되는 장소의 식생분포에 영향을 미치는 주요인은 눈이 녹은 후에 지표면이 노출되는 기간과 기질의 입자크기, 그리고 이를 야기하는 고도, 미지형 등의 차이인 것으로 판단된다 (Table 6). 한편, 그림에는 나타내지는 않았으나, 눈이 녹은 후에 노출되는 기간이 길어질수록 식물종의 다양성이 높아지는 방향으로 천이가 진행되는 것으로 확인되었다.

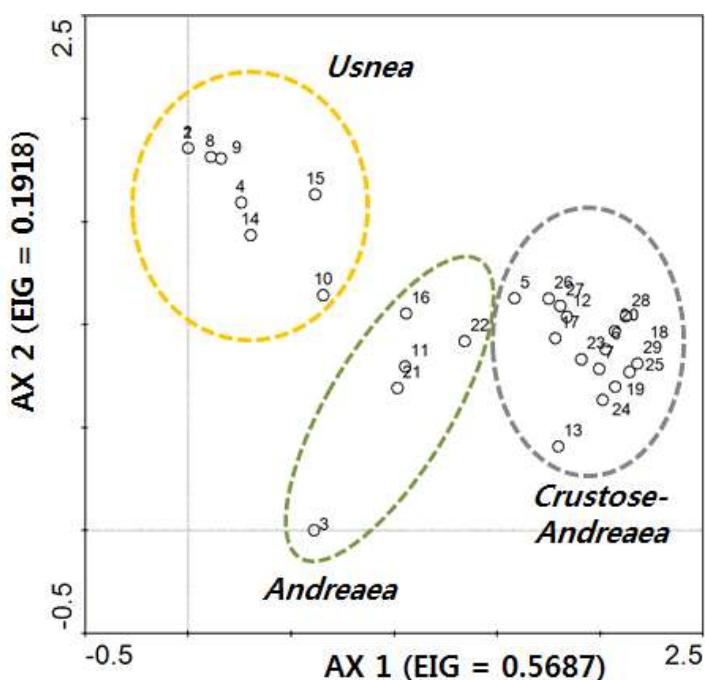


Figure 26. 바톤반도의 해안가에서 눈이녹기 시작하는 지역 식생의 공간분포에 관한 DCA분석결과

Table 6. DCA 축 값과 환경요인 간의 pearson's 상관계수(* p<0.05, ** p<0.01, ***p<0.001)

Environmental factors / Axis	DCA1	DCA2
Altitude	-0.625*	0.567*
Aspect	-0.052	0.247
Inclination	0.240	-0.302
Micro topology	0.720***	-0.451
Substrate	-0.697***	0.543*
Moisture	-0.183	-0.113
Wind exposure	0.326	-0.332
Snow cover duration	0.819***	-0.380

라. 구조토의 식생분포

구조토의 성상과 식생분포에 따라서 3개 유형으로 구분할 수 있었다 (Fig. 27). 각 유형별로 전체식생의 키, 피도, 그리고 우점하는 식생의 유형이 다르게 나타났다. 상대적으로 저지대에 형성된 구조토는 긴 원형을 이루며 매우 작은 크기의 기질 입자로 구성되어 있었다. 구조토의 식생은 키가 작고 피도가 낮게 나타났다. 중간고도에 형성된 원형의 구조토에는 식생의 키는 작으나 전체적으로 피도가 높은 편이고 이끼류의 피도가 높게 나타났다. III 구간의 높은 고도에 형성된 원형구조토는 매우 큰 기질 입자로 구성되어있고 식생피도가 높으며 식생의 크기가 큰 *Usnea* spp.의 피도가 높게 나타났다. 이 지역에서 식생의 분포에 영향을 미치는 주요한 요인 및 생태학적 의미는 정밀한 추가 조사 및 분석을 실시한 후에 제시할 예정이다.

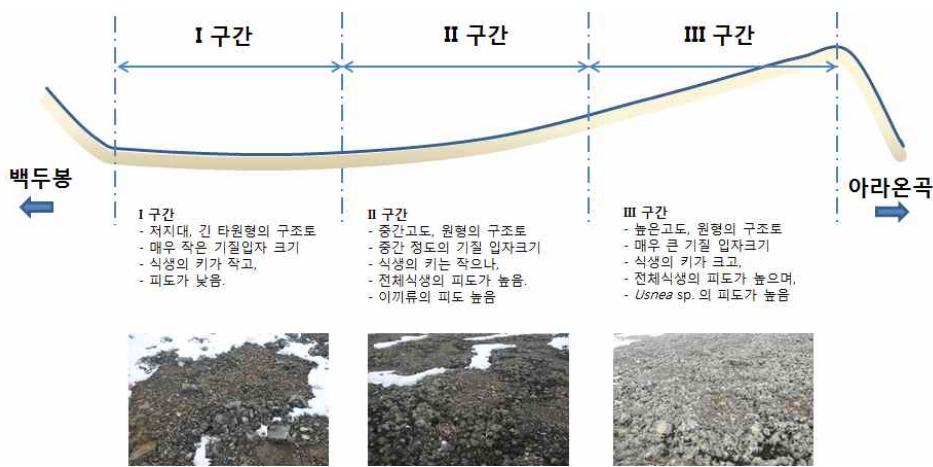


Figure 27. 백두봉 일대 구조토의 식생분포

마. 빙하후퇴지역의 초기 육상식생 천이 조사

포터소만과 인접한 빙하후퇴지역에서 미지형, 입지요인, 새의 등지로부터의 거리, 그리고 이끼류와 지의류의 공간분포의 상관관계를 비교 분석하였다 (Fig. 28). 지의류와 이끼류의 종밀도와 피도는 빙원으로부터 멀리 떨어진 곳에 위치한 새의 등지 주변에 높게 나타났으며, 특히 해안방향의 사면부에 분포하였다. 이끼류의 밀도는 수로와 가깝고 오목한 지형일수록 피도가 높은 것으로 나타나 이들의 분포를 결정하는 주요환경요인은 토양수분함량으로 판단된다. 결론적으로, 조사 지역에서의 식생분포는 지형에 따른 수분의 공간분포와 새에 의한 식생의 산포와 영양물질 첨가 등이 주요한 환경요인으로 보인다.



Figure 28. 포터소만의 빙하 후퇴지에서 식생의 정착과 천이

4. 결론 및 고찰

바톤반도 식생분포를 결정하는 환경요인으로는 기질특성과 지형 등의 영향과 상관관계가 높은 수분 공급이 가장 중요한 요인으로 나타났다. 수분은 다른 환경요인에 비해 극지역 식물 분포를 결정하는 주요 제한요인으로 작용하고 있다(Favero-Longo et al. 2012). 또한 생물학적 순환이 매우 느리게 이루어지는 남극 환경 특성상 펭귄과 같은 조류의 분변으로 인한 시비효과에 의해 군집구조가 영향을 받는 것으로 나타났다. 특히 최근 남극반도지역의 급격한 온난화와 함께 진행된 포터소만의 빙하후퇴에 따른 새로운 노출지에서의 남방큰재갈매기(Kelp gull)의 등지형성은 이 지역 식생천이의 주요 요인 중 하나로 볼 수 있다. 남방큰재갈매기는 식생이 비교적 잘 발달된 주변지역으로부터 등지재료로서 다양한 지의류와 이끼류를 비롯하여 남극개미자리(*Colobanthus quitensis*)와 남극좀새풀(*Deschampsia antarctica*)과 같은 현화식물을 유입하는 것으로 보이며, 타 지역에서도 조류에 의한 현화식물의 분산이 관찰되고 있다(Parnikoza et al. 2012).

바톤반도의 현존식생도와 현재까지 획득된 장기모니터링 지역에서의 식생분포와 주요 환경요인과의 상관관계 결과를 바탕으로 해양성남극지역의 기후변화와 이에 따른 환경요인 변화에 대해 육상식생이 군집 수준에서 어떻게 반응하고 적응하는지, 기후온난화로 인한 빙하후퇴로 형성된 새로운 노출지에서 어떠한 방향으로 천이가 진행될 것인지에 대하여 다각적이고 지속적인 연구를 수행할 계획이다.

제 4 절. 환경요인 차이에 따른 지의류 분포패턴 분석

요약: 바톤반도는 작은 크기에 비하여 다양한 지형이 존재한다. 이것은 지역별 환경특성 차이를 유발하고 육상식생의 분포, 미생물 군집, 형태 및 유전적 다양성에 영향을 준다. 남극 육상 생태계에는 지의류가 매우 우점하여 존재하는데 그 중 *Cladonia gracilis*는 바톤반도 내 습지 지역에서 우점하며 이끼기반 지의류로 성장이 빠르고 서식지에 따라 형태적 다양성이 매우 높아 분포패턴과 유전적 다양성 연구에 적합하다. *C. gracilis*의 미환경에 따른 미생물 군집을 확인하기 위하여 장기 모니터링 사이트(KGL01)에서 지의류를 중심, 중간, 가장자리로 나누고, 각 지의체를 상층, 중층, 하층으로 나누어 공생미생물 분포패턴 분석하였다. UV에 직접적으로 노출되어 건조가 지속되는 상층부와 가장자리는 유사한 패턴을 보이고 하층부와 중심부분에 비해 세균군집구조가 단순하였다. *Cyanobacteria*는 습하고 UV가 덜 노출되는 하층부에 집중하여 존재하는 경향성을 보였다. *C. gracilis*의 유전적 다양성은 바톤반도 5지역을 대상으로 *C. gracilis complex*의 유전형을 분석하였고 유전형에 따라 형태적 변이가 관찰되었으며, 지역에 따라 우점하는 유전형의 차별성이 관찰되었다. 5 지역의 여름철 일별 상대습도의 평균은 최대 16%, 기질의 습도는 최대 0.2 m³/m³의 차이를 보임에 따라 유전형 별로 선호하는 환경 특성이 다를 것이라 판단된다.

1. 서론

바톤반도는 작은 크기에 비해서 다양한 지형이 존재하고 이것은 지역의 환경특성 차이를 유발하여 육상식생의 분포, 미생물 군집, 유전적 다양성 및 형태적 다양성에 영향을 준다. 바톤반도의 주요 식생 분포는 고지대, 저지대, 사면에 따라 차이를 보인다. 바톤반도의 육상생태계를 이루는 주요한 식생 중 하나는 지의류이다. 지의류는 높은 생태학적 유연성을 가지기 때문에 다른 기후 조건에서도 잘 적응하며 살아갈 수 있다(Kershaw 1985). 지의류는 전 지구적으로 존재하지만 고산지대 또는 극지역과 같은 관속식물들과의 경쟁이 적은 곳에서도 초기에 정착하여 서식하면서 탄소와 질소 순환을 하여 다른 생물체들의 유입을 촉진한다(Kappen and Valladares 2007; Domaschke et al. 2013). 넓은 분포 범위를 가지는 많은 지의류 종들은 온도보다는 수분 요인이 더 중요하며(Gauslla 2014), 바톤반도 내의 지의류 분포 패턴을 분석한 이전 연구에서도 다양한 물리·화학적 요인들 중 토양수분이 선택류 기반 지의류 분포에 중요한 요인임을 확인하였다. 수분은 지의류가 극한 지역에서 잘 서식할 수 있는 주요한 특징이기도 하다. 지의류는 주위의 수분과 지의체의 수분양을 일치시키는 poikilohydry한 성질을 가진다. 또한 건조 내성이 있기 때문에 수분양이 낮은 곳에서는 지의체의 수분양도 함께 낮아지고 그 이후에 재수화 되었을 때에도 정상적인 대사 활동이 가능하다(Fernandez-Marin 2016). 지의류에 따라 수분의 요구도에 차이가 있고 이는 지의류 분포 패턴에도 영향을 미친다. 지의류 *Cladonia gracilis*는 코스모폴리탄 종에 속하고 바톤반도의 특정 환경의 선택류 위에 넓게 분포하며 종 다양성이 높다. *C. gracilis*의 콜로니는 가늘고 긴 지의체들로 이루어져 있고 이 군락이 이끼위에 서식하는데 이런 특징은 직접 외부에 노출되는 위쪽부분과 이끼에 접촉하고 직접적으로 외부에 노출되지 않는 아래쪽 부분의 UV, 수분, 온도 등의 미환경 차이를 야기한다. 이러한 특징들은 환경요인 차이에 따른 지의류의 미생물 군집과 분포를 확인할 수 있는 좋은 예이다. 이에 따라 선택류 기반의 지의류인 *C. gracilis*에서의 공생미생물 분포를 확인하고 그들의 서식위치에 따른 유전형 분포를 알아보고자 한다.

2. 재료 및 방법

가. 연구지역, 시료채취 및 처리

*C. gracilis*의 공생미생물 분포 확인을 위하여 습지 지역인 KGL01 사이트에서 총 3 콜로니에 대해 시료를 채취하였다. 시료 채취를 위하여 콜로니는 크게 세 부분인, 콜로니의 가장 안쪽의 4 cm 이내 중심(center)부분, 가장 바깥쪽의 2 cm 이내 가장자리(margin) 부분, 안쪽과 바깥쪽의 중간(intermediate)부분으로 나누고 각 부분을 채취하여 현장에서 바로 100% EtOH에 고정하였다. 현장에서 채취한 세 부분의 온전한 지의체를 실험실에서 현미경 검정을 통해 불순물을 제거 한 뒤 0.85% NaCl로 반복적으로 세척하였다(Lee et al. 2014). 이후 외부에 직접적으로 노출되고 갈색을 띠는 상층(top)부분, squamule이 많이 부착되어있고 연두색을 띠는 중층(mid)부분, 이끼에 접착되어 있고 매우 옅은 갈색을 띠며 squamule이 거의 붙어있지 않은 하층(bottom)부분으로 나누어 각 부분을 0.5 cm씩 잘라 나누어 주었다. *C. gracilis*의 유전형을 분석하기 위하여 장기모니터링 사이트 중 습지지역으로 이끼가 서식하고 이끼 기반의 지의류가 서식하는 5 사이트를 선정하였다. 총 105개의 시료를 현장에서 바로 100% EtOH에 고정하였다. 현장에서 채취한 EtOH에 고정된 지의체를 실험실에서 현미경검정을 통해 불순물을 제거 한 뒤 0.85% NaCl로 반복적으로 세척하였다(Lee et al. 2014).

나. DNA 추출 및 PCR

동결건조를 통해 샘플을 건조시킨 뒤 TissueLyserII(Qiagen, Germany)로 파쇄한 후, Exgen soil DNA mini kit(GeneAll, Korea)를 통해 DNA를 추출하였다. 추출한 DNA는 균류 다양성분석과 유전형 분석을 위해 LSU rRNA 유전자 프라이머인 바코드가 붙은 LSU26f-LSU657r로 PCR하였다. 세균 다양성 분석을 위해 16S rRNA 유전자 univassal 프라이머인 바코드가 붙은 27F-519R을 이용하여 PCR하였다. 시퀀싱은 Roche 454-Titanium Plus를 사용하여 분석하였다.

다. 환경데이터

미기후를 측정하기 위하여 HOBO data logger와 대기온습도 센서, 광합성유효파장측정 센서, 기질습도센서, 기질온도센서(Onset, United States)를 사이트에 설치하였다. 기후측정은 1분마다 수집되고 10분마다 데이터를 저장하였다. 수집한 데이터는 HOBOware로 추출하였다.

3. 결과 및 토의

가. *Cladonia gracilis*의 공생미생물 분포

*C. gracilis*를 총 9부분으로 나누어 진행하였다. 각 부분의 미생물 다양성을 분석한 결과 상층부분보다 중층, 하층부분의 미생물 다양성이 더 높았다. 가장자리부분과 중심부분은 상층과 하층에서는 큰 차이가 없었지만 중층부분에서는 중심으로 갈수록 하층부분과 비슷한 경향을 보였고, 가장자리로 갈수록 상층부분과 비슷해지는 경향을 보였다. 전반적으로 *Proteobacteria*, *Acidobacteria*가 우점하였고, 특히 *Alphaproteobacteria*의 *Rhodospillales*와 *Rhizobiales*가 매우 높은 부분을 차지하였다. 상층부분은 *Proteobacteria*와 *Acidobacteria*가 대부분을 차지했고, 중층과 하층부분은 *Cyanobacteria*와 *Actinobacteria*가 우점했고 *Verrucomicrobia*와

*Planctomycetes*도 존재하였다. 조류의 경우 하층에 비해 상층에서 높은 비율로 확인할 수 있었다. 곰팡이의 경우 대부분은 *Cladonia* 형성 곰팡이가 높은 비율을 차지했지만 이 밖의 *Lecanoromycetes*와 *Dothideomycetes*, *Leotiomycetes*에 속하는 균류도 적은 비율로 검출되었다.

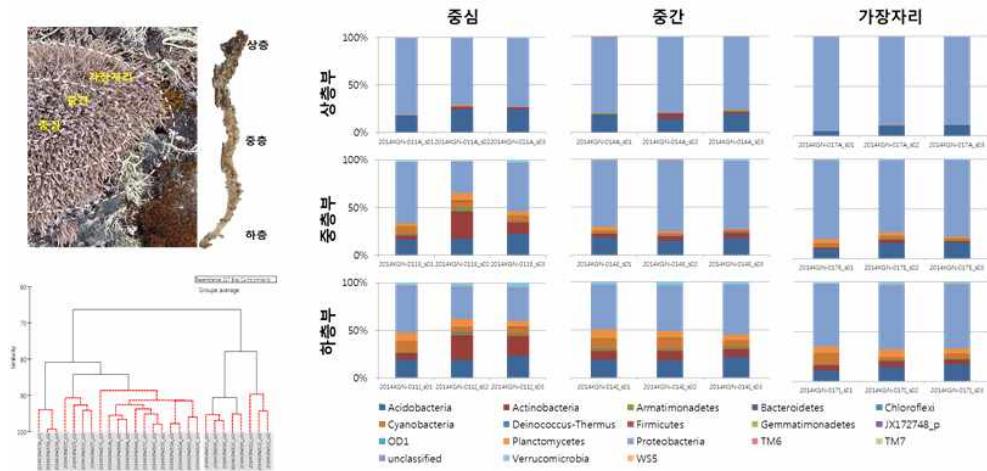


Figure 29. 지의류 내 공생세균 분포 패턴 분석

나. *Cladonia gracilis*의 유전형 분포

총 5개의 사이트에서 105개의 시료를 획득하였고, 지의류 형성 곰팡이의 LSU 시퀀스를 확인한 결과 4개의 시퀀스 타입이 1개에서 5개의 염기서열의 차이를 보였다. 9개의 시료에서는 두 개의 유사 시퀀스가 높은 비율로 확인되었는데 둘 다 70%를 넘지 않았다. 이 중 시퀀스 유사도가 99% 이상이 되는 두 개의 시퀀스 타입(GT1, GT2)에 대해 지역에 따른 발생 빈도를 확인하였다. GT1은 KGL03, KGL05에서 높은 비율로 확인되었고, GT2는 KGL01에서 우점하였다. 5 지역의 여름철 일별 상대습도의 평균은 최대 16%차이가 났고 기질의 습도는 최대 0.2 m³/m³의 차이를 보였다.

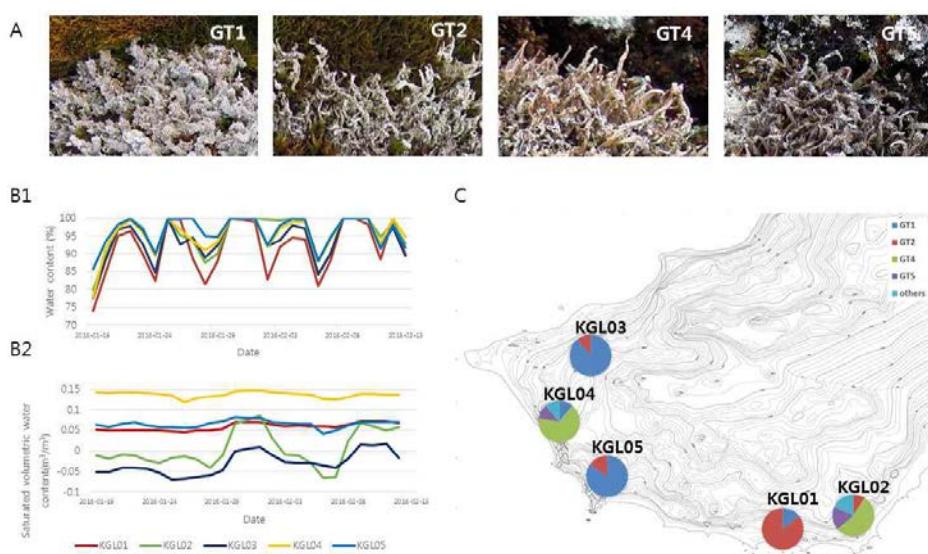


Figure 30. *Cladonia gracilis*의 환경차이에 따른 지의류의 유전형별 지역분포. (A) 유전형 별 형태, (B1) 지역별 상대습도, (B2) 지역별 기질의 함수율, (C) 유전형별 지역분포

4. 결론

*C. gracilis*의 조류는 상대적으로 하층부에 비해 상층 및 중층부에 높은 비율로 검출되었다. 이것은 광합성으로 유기물을 합성하는 조류가 더 쉽게 광을 획득하기 위함일지도 모른다. 또한 지의류 형성 조류는 대기의 수분만으로도 광합성이 가능하기 때문에 상층과 중층에 위치하면서 자신과 곰팡이에게 제공할 충분한 유기물을 생성할 것이다. 반면 *Cyanobacteria*는 중층 및 하층부에 주요하게 검출되었는데 이것은 아마도 *Cyanobacteria*의 수분요구도가 높기 때문에 외부 환경이 급격하게 건조해져도 이끼로부터 꾸준한 수분을 획득할 수 있는 하층쪽에 위치하는 것이 더 유리하기 때문일 것이다. 이와 같은 결과로 지의류 내의 수분에 따라 공생 미생물의 경향이 변화할 수 있고, 각 지역의 수분획득 가능성에 따라 미생물의 군집차이가 있을 수 있음을 시사한다. *C. gracilis*의 서식 지역에 따라 유전적, 형태적 차이가 있고 각 지역의 상대 습도와 기질의 습도는 차이가 있다. 이것은 유전형별로 선호하는 환경특성이 다를 것이라 판단되며 이것은 빛 보상점, 광합성을, 엽록소양 조류의 수 등의 차이도 유발 할 수 있다 (Sonesson et al. 1992, Sancho et al. 2000). 앞으로의 연구에서 더 많은 시료와 연간 환경데이터의 분석이 필요하다.

제 5 절. 바톤반도 주변 토양의 균류 다양성 연구

요약: 토양 내에 존재하는 균류는 토양 환경 중에 영양분을 제공하고, 유기물을 분해하는데 있어 중요한 역할을 하며, 균류의 다양성은 토양 건전성을 평가하는데 있어 가장 핵심적인 항목이다. 지금까지 남극 균류에 대한 연구는 식생과 연관된 균류나 특정 균류의 생리활성물질 연구에 집중되어 왔으며, 아직까지 전반적인 남극 환경 내에 존재하는 균류의 분포나 다양성에 대해서는 연구된 바가 많지 않다. 본 연구에서는 세종기지가 위치한 킹조지섬 바톤반도와 위버반도에서 채취한 토양시료를 대상으로 토양 내 균류의 군집구조와 다양성 연구를 진행하였다. 또한 환경요인과 균류 군집구조 간의 상관관계가 있는지를 파악하고자 하였다. 획득한 대다수의 균류 26S rRNA 유전자가 데이터베이스의 한계 및 정보의 부족으로 인해 동정될 수 없었으나, 본 연구는 킹조지섬 바톤반도와 위버반도의 토양 시료 내 존재하는 균류의 군집구조와 다양성 연구에 기초 자료를 제공한 의의가 있다. 남극 토양의 균류 군집구조에 가장 큰 영향을 미치는 환경요인은 고도인 것으로 확인되며, 종합적으로는 균류의 군집구조와 다양성의 차이는 지역적, 국지적 환경 차이에 의한 것으로 판단된다.

1. 서론

균류는 매우 중요한 미생물 자원으로, 특히 토양 내에 존재하는 균류는 토양 환경 중에 영양분을 제공하고, 유기물을 분해하는데 있어 중요한 역할을 하며, 균류의 다양성은 토양 건전성을 평가하는데 있어 가장 핵심적인 항목으로 평가된다 (Arenz and Blanchette, 2011). 지금까지 다양한 남극 환경에 존재하는 균류에 대한 연구가 수행되어 왔고 (Ding *et al.*, 2016), 이를 통해 많은 신종 및 유용 균류가 발견되었을 뿐 아니라 균류 다양성이 놀랄 만큼 높은 것이 밝혀졌다. 그러나 대다수의 연구들이 식생과 연관된 균류나 특정 균류의 생리활성물질 연구에 집중되어 왔으며 (Ruisi *et al.*, 2007; Ding *et al.*, 2016), 아직까지 전반적인 남극 환경 내에 존재하는 균류의 분포나 다양성에 대해서는 연구된 바가 많지 않다. 생물의 공간 분포 패턴은 생물 다양성과 생태계의 복잡성을 조절하는 메커니즘을 이해함에 있어 중요한 정보를 제공하므로 (Green *et al.*, 2004) 남극 균류의 기능과 생태를 이해하는 데 있어 분포, 군집구조, 다양성에 대한 연구는 필수적이다. 본 연구에서는 세종기지가 위치한 킹조지섬 바톤반도와 위버반도에서 채취한 토양시료를 대상으로 균류의 군집구조와 다양성 연구를 진행하였다. 또한 환경요인과 균류 군집구조 간의 상관관계가 있는지를 파악하고자 하였다.

2. 재료 및 방법

가. 연구지역 및 시료확보

토양시료는 세종기지 주변인 킹조지섬 바톤반도와 위버반도에서 1단계 (2011년~2013년)의 기초조사 시 채취한 총 257개 샘플에 대하여 균류 다양성 연구를 진행하였다. 시료채취는 각 연구지점 (Fig. 3)의 주변 3곳의 토양을 상부 (0-3cm)와 하부 (3-10cm)로 구분하여 채취하였다. 채취한 토양시료는 균류 다양성연구를 위하여 채취 후 8시간 이내에 gDNA고정을 위하여 100% Ethanol을 첨가한 후 -80°C에 보관하였다.

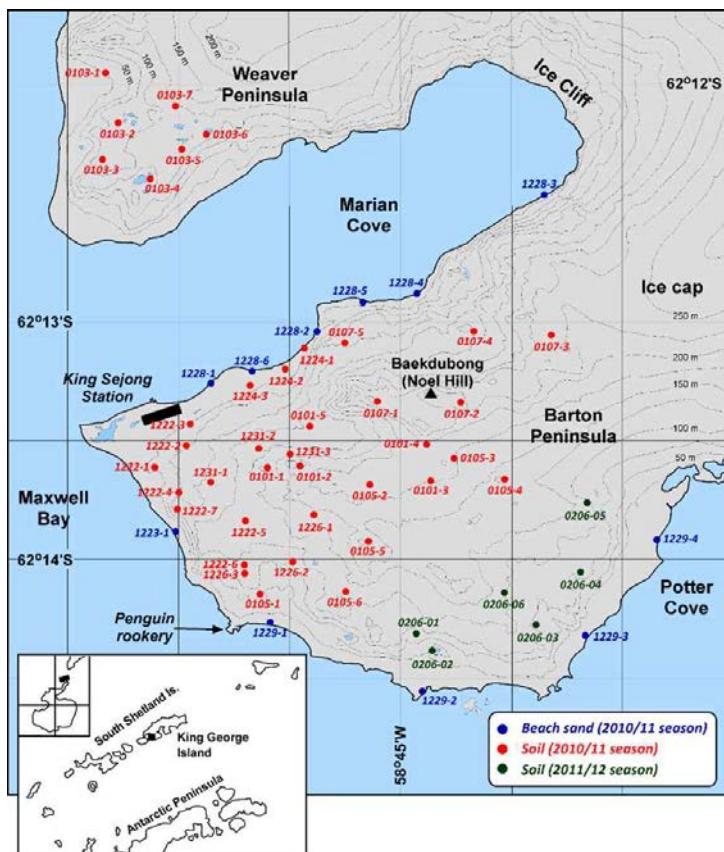


Figure 31. Sampling sites in King George Island

나. gDNA 추출 및 균류 유전자 염기서열 분석

토양시료 0.3 g을 MP bio Fast DNA® SPIN KIT (MP Biomedicals., United States)를 이용하여 토양시료 내 존재하는 gDNA를 추출하였다. 시료에서 추출한 gDNA는 1% agarose gel에서 전기영동을 통하여 확인한 후, PCR을 수행하였다. 균류의 26S rRNA (LSU) gene의 검출 조건을 확인하기 위하여 test-PCR을 먼저 수행하였다. Test-PCR의 시약 조건은 DNA template에 AmpONETM Taq DNA polymerase (1.5 units), 10 × buffer ($MgCl_2$ 25 mM 포함), dNTP mixture (각 2.5 mM), 그리고 primer LSU26F (5'-ACC CGC TGA ACT TAA GCA TAT-3')와 LSU657R (5'-CTT GGT CCG TGT TTC AAG AC-3')를 첨가하여 총량을 25 μ l가 되게 하였다. PCR 반응 조건은 94°C에서 5분간 초기 denaturation 후, 94°C에서 1분간 denaturation, 56°C에서 1분간 annealing, 72°C에서 1분간 extension반응을 총 30회 반복하였다. 마지막으로 72°C에서 5분간 extension반응을 진행하였다. PCR 시약 조건과 반응 조건이 적절한 것으로 확인되어 다음 단계를 수행하였다.

총 257개 시료에 대하여 서로 다른 barcode가 붙은 LSU primer set (26F-657R)를 이용하여 PCR을 수행하였다. 각 시료마다 3 반복으로 PCR 반응을 수행하였다. PCR 반응 후, 반응물에 포함 된 잔여물들을 제거하고, Pyrosequencing 수행에 사용 할 정제한 시료들을 pooling 후, Roche 454 FLX-Titanium를 사용하여 분석하였다.

다. 균류 염기서열 전처리 및 동정과 통계분석

파이로시퀀싱 수행에 의해서 얻어진 염기서열은 PyroTrimmer (Oh et al., 2012)를 활용하여 품질이 낮은 염기서열에 대한 filtering과 clipping을 수행하였다. 염기서열의 3' 부터 5 bp 윈도우에서 염기 품질지수가 평균 20 이하인 경우 삭제하였으며, 염기서열의 길이가 300 bp

이하인 염기서열은 제거하였다. 선별된 염기서열에 대하여 USFinder (Hong et al., unpublished) 소프트웨어를 사용하여 unique한 염기서열을 선별하였고, UCHIME 프로그램 (Edgar et al., 2011)의 de novo chimera detection 기능을 활용하여 chimera를 제거하였다. 총 257개의 시료 중, 1,000개 이상의 염기서열이 얻어진 시료를 대상으로 각각 1,000개의 염기서열을 resampling 하였고, 이를 대상으로 추후 분석을 수행하였다. CLUSTALW을 이용하여 99% similarity cutoff로 염기서열의 클러스터링을 수행하였고, OTU, Chao1, Shannon, Simpson 등의 생물다양성 지수를 계산하였다. RDP의 LSU reference sequence와 RDP classifier 프로그램을 활용하여 염기서열의 동정을 수행하여 계층적 분류정보를 확보하였다. 또한 R 프로그램의 vegan 패키지를 이용하여 환경요인과의 상관관계를 분석하였다. 통계적으로 유의미한 결과를 얻기 위해, 1,000개 이상의 염기서열이 확보된 148개의 시료 중 균류의 26S rRNA 염기서열 수가 200개 이상인 시료들만 선별하여 군집구조와 환경요인 간의 상관관계를 분석하였다.

3. 결과 및 토의

가. 균류 군집 연구

총 257개의 시료들 중, 1,000개 이상의 염기서열이 확보된 시료의 개수는 148개로, 확보된 LSU 염기서열의 총수는 600,835개였으며, 시료별로 1,004 - 17,158개의 염기서열이 얻어졌다. 진핵미생물의 26S rRNA를 증폭할 수 있는 primer의 특성 상, 확보된 염기서열 중 균류의 26S rRNA가 한 개도 포함되지 않은 시료도 있었다 (2개). 많게는 47.9% 까지 균류의 26S rRNA가 한 시료에서 얻어졌고, 시료 당 평균 23.1%의 염기서열이 균류에 속하였다. OTU 수는 7,368개였고, 이 중 1,308개만이 균류에 속하였고, 대부분은 unclassified에 속하였다 (4,474개). 균류의 26S rRNA 염기서열만을 대상으로 했을 때, phylum level에서 적계는 35.7%에서 많게는 79.8% 까지 unclassified로 분류가 되었고, class level에서는 53.2% - 93.3%가 unclassified로 분류가 되었다. Unclassified로 분류된 염기서열 중 일부는 식물, 미세조류, 원생동물 등 다른 생물군에 속할 가능성을 배제할 수 없으나, 이중 일부는 지금까지 발견되지 않았던 새로운 종류의 균류일 가능성성이 있다. 또한 보다 정확한 균류의 계층적 분류 정보를 확보하기 위해 많은 연구가 필요할 것으로 판단된다.

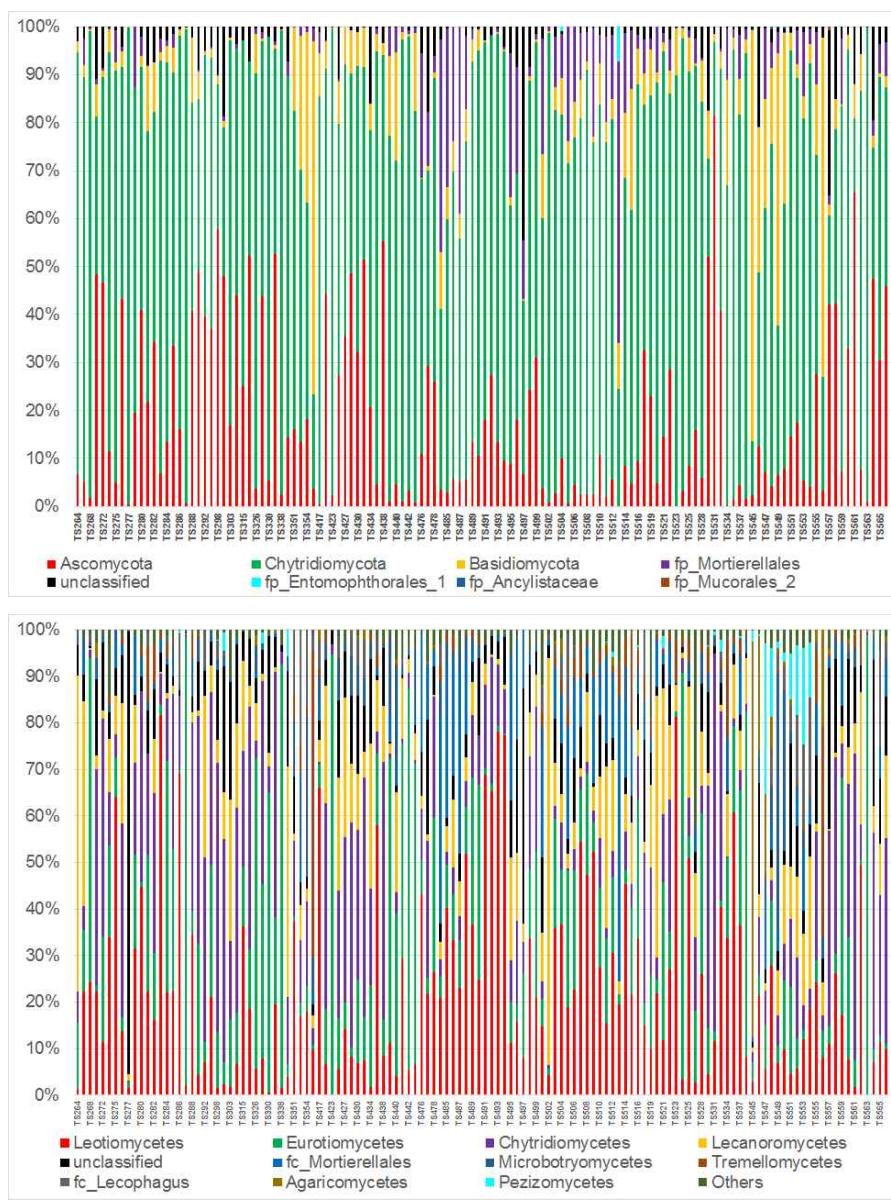


Figure 32. Fungal community structures at phylum level (up) and at class level (down)

Unclassified를 제외하고 높은 비중을 차지하는 분류군은 *Lecanoromycetes*였다 (Fig. 32). *Lecanoromycetes*는 일반적으로 지의류를 형성하는 군류로서 표층 시료에서 높은 비율을 차지하는 경우가 많았다. 이러한 경우는 시료채취 시 관찰된 soil crust와 연관성이 있을 것으로 추측되며, 지의류 공생관계를 형성하고 있을 가능성이 높은 것으로 판단된다. 그러나 빛이 투과되기 힘들 것으로 판단되는 깊은 층의 토양에서도 *Lecanoromycetes*에 속한 군류가 높은 빈도로 존재하는 경우도 많이 발견되었기 때문에 지의류 공생이외에 다른 생식방법에 의한 군류의 서식이 예상된다. 다음으로 높은 빈도를 차지하고 있는 군류는 *Chytridiomycetes*, *Dothideomycetes*, *Saccharomycetes*, *Blastocladiomycetes*, *Leotiomycetes* 등으로 나타났다.

나. 군류 군집구조/다양성과 환경요인 간의 상관관계 연구

상기한 바와 같이 7,368개의 OTU 중 1,308개가 군류에 속했고, 118개 시료의 군류 OTU 을 대상으로 Bray-Curtis dissimilarity를 계산하였고, 이를 바탕으로 Non-metric

multidimensional scaling (NMDS) 분석을 수행하였다. 상관관계가 높은 ($p < 0.001$) 환경 요인은 R 패키지 중 하나인 vegan의 envfit 기능을 이용하여 NMDS 그래프 상에 나타내었다. 남극 토양의 균류 군집구조에 가장 큰 영향을 미치는 환경인자는 고도인 것으로 확인되었다 (ANOSIM R: 0.4994, $p < 0.001$). 고도가 낮은 지역이 상대적으로 종 풍부도 (richness)가 높음을 알 수 있었다 (Fig. 33). 위도는 균류 군집구조와 상관관계가 없었던 반면, 경도는 균류 군집구조와 상관관계가 있는 것으로 나타났다. 이를 종합적으로 고려했을 때, 균류의 군집구조와 다양성의 차이는 지역적, 국지적 환경 차이에 의한 것으로 예상된다.

4. 결론

생물의 공간 분포 패턴은 생물 다양성과 생태계의 복잡성을 조절하는 메커니즘을 이해함에 있어 중요한 정보를 제공하므로, 남극 균류의 공간적 분포, 군집구조, 다양성에 대한 연구는 기능과 생태를 이해하는 데 있어 필수적이다. 획득한 대다수의 균류 26S rRNA 유전자가 데이터베이스의 한계 및 정보의 부족으로 인해 동정될 수 없었으나, 본 연구는 킹조지섬 바톤반도와 위버반도의 토양 시료 내 존재하는 균류의 군집구조와 다양성 연구에 기초 자료를 제공한 의의가 있다. 남극 토양의 균류 군집구조에 가장 큰 영향을 미치는 환경인자는 고도인 것으로 판단되며, 종합적으로는 균류의 군집구조와 다양성의 차이는 지역적, 국지적 환경 차이에 의한 것으로 판단된다.

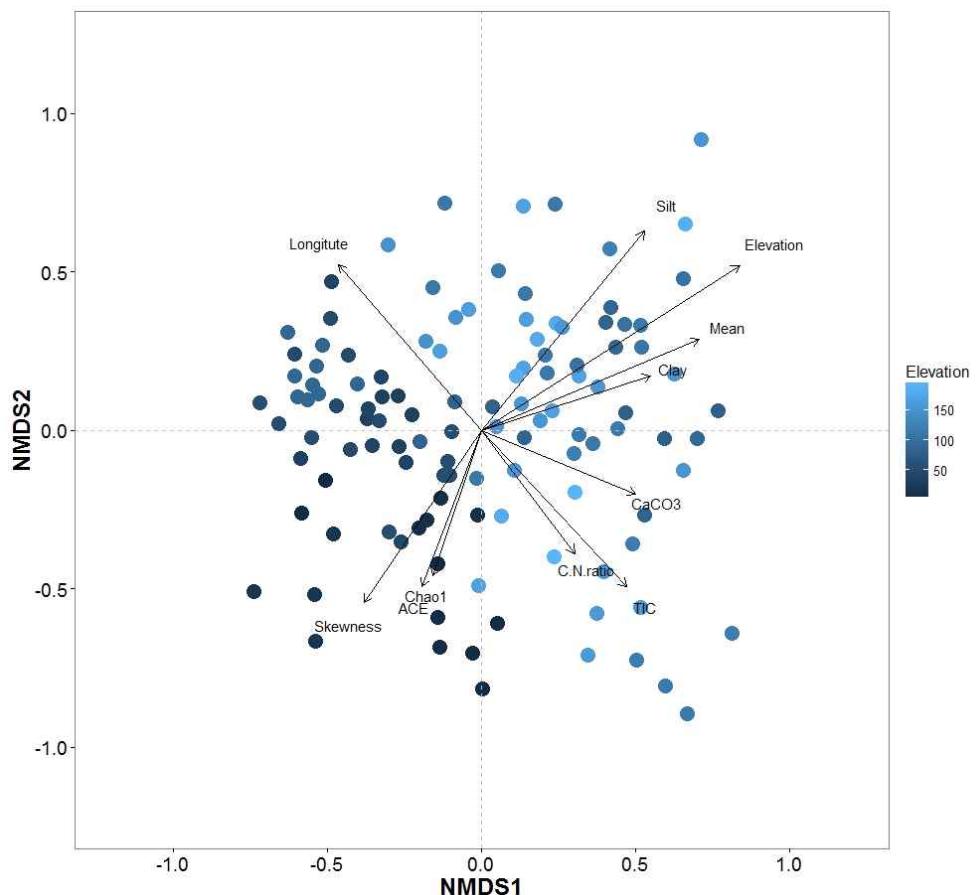


Figure 33. Non-metric multidimensional scaling (NMDS) ordinations of fungal community composition. Correlated and significant environmental variables were overlaid onto the NMDS space.

제 6 절. 바톤반도 토양 세균 군집구조의 연변화

요약: 남극은 전지구상에서 기후변화에 가장 빠르게 반응하는 대륙 중의 하나이다. 지의류나 이끼류와 같이 바톤반도의 환경변화를 육안으로 감지하기 가장 좋은 식생으로 대표된다. 대조적으로 미생물은 육안으로 관찰하기 어려우므로 환경변화의 민감성을 대표하는 생물군으로서는 간과되어 왔다. 그럼에도 불구하고 미생물은 환경이 변화하였을 때 가장 빠르게 반응함은 물론이며, 남극과 같이 단순한 생태계를 이루는 지역에서는 물질순환에 대한 기여도가 상대적으로 높을 것으로 예상된다. 본 연구에서는 바톤반도 육상 장기모니터링 지점을 선정한 후, 2014/15년과 2015/16년의 2년 간 12지점에서 채취한 토양시료에서의 세균군집 구조를 분석하였다. 그 결과, *Actinobacteria*가 전체적으로 모든 지점에서 우점하였으며, *Gammaproteobacteria*와 *Chloroflexi*는 지점 특이적으로 우점하는 것이 관찰되었다. 세균 군집의 연간 변화는 크게 나타나지 않았지만, 특정지역에서는 *Actinobacteria*가 2년차에 증가하는 것을 확인하였다. 이는 연변화에 의한 것이라 결론내리기는 시기 상조이며, 향후 다년간의 시료 채집 후 세균 군집 변화를 관찰한다면, 기후변화에 따른 바톤반도에서의 세균군집 변화가 어떻게 진행되는지를 확인할 수 있을 것으로 기대된다.

1. 서론

온대지방이나 열대지방의 경우 육상 생태계의 생물 다양성은 매우 높고 생물 간의 상호작용이 매우 복잡하기 때문에 생태계 변화를 모니터링 하는 데에는 많은 어려움이 있다. 반면, 남극 육상생태계는 구조적인 면에서나, 기능적인 면에서 상대적으로 매우 단순하다. 또한 기후변화에 매우 민감하게 반응하므로 생물의 다양성과 생태계 천이과정 관찰하기에는 매우 적합한 *in situ* 모델이 될 수 있는 장점을 지니고 있다 (Convey & Stevens, 2007). 킹지조선에 위치하고 있는 바톤반도는 고도, 경사, 사면 등의 지형학적인 측면에서 매우 다양한 형태로 존재하며, 습지, 건조지역, 구조토, 빙하후퇴지역, 담수호 등 다양한 미소생태계가 형성되어 있다. 최근 지구온난화와 이상기후현상으로 인하여 환경변화에 대한 관심이 증대되고 있으며, 그 중, 기후변화가 남극토양 미생물에 미치는 영향에 대한 연구도 많은 관심을 받고 있다 (Rinnan *et al.*, 2009). 이러한 기후변화에 따른 생물의 변화를 모니터링하기 위하여는 미소기후 관찰과 생지화학적 특성 분석이 동반된 생물 변화 모니터링이 갖추어져야만 장기적이고 안정적인 데이터를 수집할 수 있으며, 이렇게 수집된 데이터의 축적은 생태계 모델링을 통하여 향후 기후가 변화할 때의 생물분포나 다양성이 어떻게 변화해 나갈지에 대한 시나리오를 마련해 줄 수 있다. 본 과제에서는 바톤반도 육상미생물의 변화를 모니터링 하기 위하여 총 12지점을 선정하여 연변화에 대한 모니터링을 장기적으로 진행하고자 한다. 그 일환으로 본 연구에서는 2년동안 채집된 토양을 대상으로 토양군집구조를 분석하였다.

2. 재료 및 방법

가. 토양 시료채취

토양시료는 바톤반도 장기모니터링 지점 12지역을 대상으로 (Fig. 9) 2014/15년과 2015/16년의 남극 하계기간동안 채취하였다. 각 지점에서는 3곳을 선정하여 표층토 (0-3 cm)를

총 72개 채집하였다. 채집한 토양은 gDNA 고정을 위해서 약 0.3g 씩 100% EtOH 0.6 ml를 첨가한 후 -80°C에서 보관하였다.



Figure 34. Monitoring points for studying soil ecosystem change

나. gDNA추출 및 세균의 16S rRNA증폭

gDNA를 고정시킨 토양시료의 0.3g을 MP bio Fast DNA® SPIN KIT (MP Biomedicals., United States)를 이용하여 토양 내 존재하는 gDNA를 추출하였다. 시료에서 추출한 gDNA는 1% agarose gel에서 전기영동을 통하여 확인하였다. 세균의 유전자 증폭은 16S rRNA primer 27F-519R를 사용하여 증폭하였다. PCR 조건은 DNA template에 TransGen Biotech EasyTaq DNA polymerase (5 units), 10 × Easy Taq buffer ($MgCl_2$ 25 mM 포함), dNTP mixture (각 2.5 mM), dH₂O, 그리고 primer barcode 27F-5191R를 첨가하여 총량을 25 μ l가 되게 하였다. PCR 반응은 94°C에서 5분간 초기 denaturation 후, 94°C에서 1분간 denaturation, 50°C에서 1분간 annealing, 72°C에서 1분 30초 간 extension반응하였다. 이러한 denaturation-annealing-extension 반응을 총 25회 반복하였다. PCR 결과는 1% agarose gel에서 전기영동으로 확인하였다. 증폭된 세균의 16S rRNA 염기서열은 파이로시퀀싱 방법을 활용하여 염기서열 분석을 수행하여 비교분석 하였다.

다. 세균군집분석

파이로시퀀싱 방법에 의해서 얻어진 염기서열은 PyroTrimmer (Oh *et al.*, 2012)를 활용하여 품질이 낮은 염기서열에 대한 filtering과 clipping을 수행하였다. 선별된 염기서열은 UCHIME 프로그램 (Edgar *et al.*, 2011)의 *de novo* chimera detection 기능을 활용하여 chimera 염기서열을 제거하였다. CLUSTAL을 이용하여 세균 다양성 분석을 위하여 97% 유사도로 clustering하였으며, clustering후 대표 염기서열을 뽑아 EzTaxon-e (Kim *et al.*, 2012) DB 기반으로 동정을 수행하여 계층 적 분류정보를 확보하였다.

3. 결과 및 토의

가. 토양 세균군집의 연변화

각각 2014/15년과 2015/16년에 12지역에서 총 72개의 시료에 대하여 대용량 염기서열 분석하였다. 총 12지역에 대한 2년간에 대한 24개의 지점에 대한 군집분석을 실시하였고, 그 중 21개의 지역에 대한 군집분석 결과를 확인하였다. 군집분석결과 바톤반도 전체적으로 *Actinobacteria*가 11.3% ~ 55%로 우점하였다. *Gamma-proteobacteria*는 KGL 21 (21.6%~23.4%)에서 *Chloroflexi*는 KGL 30 (48.9%~49%)지점에서 높게 관찰되는 것으로 보아, 이 두 그룹은 지점 특이적으로 우점하는 것이 관찰되었다 (Fig. 10). *Actinobacteria*는 이미 남극대륙에 널리 퍼져있음이 잘 알려져 있다 (Babalola *et al.*, 2009). 2년간의 비교 결과 전체적으로 *Actinobacteria*가 25 지점에서는 18.9%에서 46.5%, 33지점에서는 28%에서 52.4%로 2차년도에 증가함을 확인할 수 있었다. KGL23, KGL24, KGL25 지점을 제외한 지점에서는 연변화는 크게 없음을 확인하였다. 세균군집의 연변화가 가장 많이 타나난 KGL23, KGL24와 KGL25지점은 위치는 다르지만, 구조토가 형성되어 있는 지점이다. 세 지점 지점 모두 같은 시기에 약간 비율의 차이는 있지만, 유사한 군집분포를 보이는 것을 확인하였다. 하지만 연변화를 보면 *Gammaproteobacteria*의 분포가 평균 37.2%에서 1.5%로 크게 감소하였고, *Actinobacteri*는 평균 20.7%에서 39.3%로 증가함을 보였다. 구조토의 발달은 주변기후와 수분함량에 밀접한 관계가 있는 것으로 알려져 있다. 구조토가 발달한 KGL23, KGL24와 KGL25지점의 급격한 세균군집 연변화 결과를 보았을 때, 토양미생물이 기후와 수분함량에 크게 영향을 받는 것으로 사료된다.

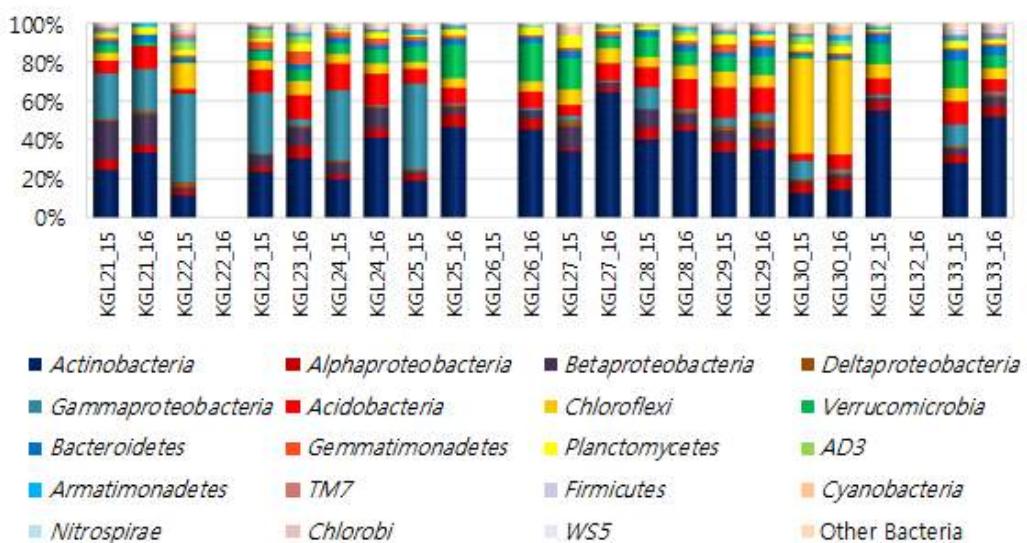


Figure 35. Soil bacterial community changes for two years.

4. 결론

본 연구에서는 바톤반도 토양모니터링 지점에서 2년간 채집된 토양시료에서 세균군집 변화 분석을 수행하였다. 전반적으로 *Actinobacteria*가 우점하는 것을 확인하였고, 몇몇 지점에서는 1, 2차년도에 변화가 없었지만, 다른 지역에서는 변화가 관찰되었다. 이는 세균군집 분포가 연간 기후변화에 따라 변한 것이라 결론 내리기에는 데이터가 상당히 부족하다. 하지만 장기간의 군집 변화를 모니터링 할 경우에는 기후변화와의 상관성 분석이 가능할 것이다. 이는 생태계 모델링을 통하여 기후변화에 의한 생물분포 변화 시나리오 도출도 가능할 것이라 기대된다.

제 7 절. 바톤반도 주변 토양의 고세균 다양성 연구

요약: 고세균은 최근 생물의 염기서열증폭을 기본으로 하는 분자생물학적기법이 발달하면서 다양한 환경에 존재하고 있는 것으로 알려졌다. 또한 고세균의 새로운 기능적 마커와 probe의 개발로 암모니아 산화 고세균 등 배양이 어려운 새로운 분류군이 많이 연구되고 있다. 하지만 아직까지 육상생태계에서의 고세균에 대한 이해는 많이 부족하다. 본 연구에서는 남극 바톤반도 토양의 고세균의 효율적인 연구방법에 대하여 선정한 후 고세균 군집과 다양성 분석에 대하여 연구하였다. 대용량염기서열 분석방법을 통하여 남극의 바톤반도 125개 토양시료로부터 총 285,279 reads를 얻었고, 97% 유사도를 기준으로 189의 OTUs로 분류되었다. 고세균의 군집 분석 결과 *Thaumarchaeota*의 Group1b가 99.99% 이상 우점하는 것으로 나타났다. 토양의 깊이 (상부 0~3cm, 하부 3~10cm)에 따른 군집 차이는 없으며, 암모니아 산화에 기여하는 것으로 알려진 *Nitrososphaera*가 바톤반도 토양전체에 분포하는 것으로 나타났다. 이러한 연구결과는 남극토양 생태계에서 고세균이 질소 순환과 탄소 순환과 같은 생지화학적 순환에 기여하는 것으로 유추할 수 있으며, 추후 육상생태계에서의 고세균의 생태학적 기능 연구에 중요한 자료로 활용될 것으로 사료 된다.

1. 서론

고세균은 열수구, 해수, 고염의 퇴적토, 담수 퇴적토 그리고 토양 등 다양한 환경에 존재하고 있다 (Bates *et al.*, 2011). 최근 생물의 염기서열증폭을 기본으로 하는 분자생물학적기법이 발달하면서 새로운 기능적 마커와 probe의 개발로 암모니아 산화 그룹 등 배양이 어려운 고세균의 새로운 분류군이 연구되고 있다 (Walker *et al.*, 2010). 하지만 아직까지 육상생태에서의 고세균에 대한 이해는 많이 부족하며, 사전에 이루어진 연구들은 농업지역 토양이나 사막 등 시료나 연구지역이 많이 제한되어 있다.

지금까지 알려진 토양 고세균의 전형적인 우점 그룹은 *Crenarchaeota*에 속한 그룹으로 토양의 질화작용에 중요한 역할을 하는 것으로 알려져 있다 (Auguet *et al.*, 2009). 최근 연구에서는 매우 다양한 환경에서 고세균의 군집이 pH, 고도 또는 기후와 식생에 따라 영향을 받는 것으로 밝혀졌다.

본 연구에서는 바톤반도 토양에서 생물량이 적은 고세균을 연구하기 위한 효율적인 primer set과 PCR 조건을 비교평가하였다. 선정된 최적의 방법을 토대로 PCR을 수행과 파이로시퀀싱을 진행하여 고세균 다양성 및 군집구조 분석을 수행하였다.

2. 재료 및 방법

가. 연구시료확보와 gDNA 추출

토양시료는 세종기지 주변 바톤반도에서 상부 (0-3cm)와 하부 (3-10cm)로 구분하여 총 125개 토양을 채취하였고, 채취 후 8시간 이내에 새로 내 존재하는 gDNA 고정을 위하여 100% Ethanol을 첨가한 후 -80°C에서 보관하였다. gDNA를 고정시킨 토양시료의 0.3g을 MP bio Fast DNA® SPIN KIT (MP Biomedicals., United States)를 이용하여 토양 내 존재하는 gDNA를 추출하였다. 시료에서 추출한 gDNA는 1% agarose gel에서 전기영동을 통하여 확인하였다.

나. 고세균 다양성 분석을 위한 primer set 선정 사전연구

고세균의 유전자의 효율적인 증폭 방법을 찾기 위하여, 18개의 토양시료를 대상으로 두 가지 방법으로 진행하였다. 1) Universal primer set (barcode 787F-1391R)을 사용하여 원핵생물군집을 얻은 뒤, 고세균만을 선별하여 군집구조를 분석하는 방법과 2) Nested PCR approach. 고세균 대상으로 하는 primer set 중 1400bp를 먼저 증폭한 후, 이를 template로 사용하여 파이로시퀀싱을 위한 primer set으로 500bp를 증폭하는 방법. 고세균 다양성을 분석하기 위한 primer 정보는 Table 3과 같다.

1) Universal primer set 사용 DNA template에 Takara EX *Taq* DNA polymerase (2.5 units), 10 × buffer ($MgCl_2$ 25 mM), dNTP mixture (각 2.5 mM), 그리고 primer barcode 787F-1391R를 첨가하여 총량을 25 μ l가 되게 하였다. PCR 반응은 94°C에서 5분간 초기 denaturation 후, 94°C에서 1분간 denaturation, 55°C에서 1분간 annealing, 72°C에서 1분 30초간 extension반응하였다. 이러한 denaturation-annealing-extension 반응을 총 25회 반복하였다.

2) Nested PCR 접근방법 (A2Fb-U1406R, barcode AR21F-barcode A518R) : 1차 반응은 DNA template에 Takara EX *Taq* DNA polymerase (2.5 units), 10 × buffer ($MgCl_2$ 25 mM 포함), dNTP mixture (각 2.5 mM), 그리고 primer A2Fb-U1406R을 첨가하여 총량을 25 μ l가 되게 하였다. PCR 반응은 94°C에서 5분간 초기 denaturation 후, 94°C에서 1분간 denaturation, 55°C에서 1분간 annealing, 72°C에서 1분 30초간 extension반응하였다. 이러한 denaturation-annealing-extension 반응을 PCR bias를 줄이기 위하여 총 15회 반복하였다. 2차 반응은 1차의 정제산물 5~10ng을 template로 사용하여 시약조건을 동일하게 하여, primer set은 고세균 특이적인 barcode AR21F-barcode A518R를 사용하였다. 반응 조건은 denaturation-annealing-extension 반응을 총 25회 반복하였다. PCR 결과는 1% agarose gel에서 전기영동으로 확인하였다. 두 가지 방법으로 증폭된 고세균의 16S rRNA 유전자 염기서열은 파이로시퀀싱 분석을 수행하여 최적의 방법을 평가하였다.

Table 7. Primers information for analysis of archaeal community

프라이머	대상 분류군	염기서열
uni787F	원핵생물	ATTAGATACCCNGGTAG
1391R	원핵생물	ACGGGCGGTGWGTRC
A2Fb	고세균	TTCCGGTTGATCCTGCCGGA
U1406R	고세균	GACGGGCGGTGTGTRCA
Arch21F	고세균	TTCYGGTTGATCCYGCCRGA
Arch518R	고세균	GGTDTTACCGCGGGCKGCTG

다. 고세균의 16S rRNA 증폭 및 염기서열 분석

사전연구 비교분석 결과, Nested PCR primer set (A2Fb-U1406R, barcode AR21F-barcode A518R)방법이 남극 토양 고세균 다양성 연구에 더 효율적인 것으로 선정 되었다. 따라서 남극 토양시료 125개에 대하여 Nested PCR primer set방법으로 고세균 군집구조를 분석하였다.

라. 고세균 군집분석

파이로시퀀싱 방법에 의해서 얻어진 염기서열은 PyroTrimmer (Oh et al., 2012)를 활용하여 품질이 낮은 염기서열에 대한 filtering과 clipping을 수행하였다. 선별된 염기서열은 UCHIME 프로그램 (Edgar et al., 2011)의 *de novo* chimera detection 기능을 활용하여 chimera 염기서열을 제거하였다. CLUSTOM을 이용하여 세균 다양성 분석을 위하여 97% 유사도로 clustering하였으며, clustering 후 대표 염기서열을 뽑아 EzTaxon-e (Kim et al., 2012) DB 기반으로 동정을 수행하여 계층적 분류정보를 확보하였다.

3. 결과 및 토의

가. 고세균 다양성 분석을 위한 primer set 선정

남극 바톤반도 토양에 존재하는 고세균의 생체량이 세균에 비하여 상대적으로 적기 때문에, 염기서열증폭산물을 얻는데 매우 어려움이 많다. 따라서 효율적인 고세균 분석을 위하여, 최적의 PCR 조건을 찾는 것 또한 상당한 노력을 수반한다. 이미 고세균을 검출하기 위하여 많은 유전자 마커가 개발이 되어 있으나, 특정 그룹마다의 검출 민감도와 특이성이 다르므로 시료마다 적용하는 primer set 자체도 시료마다 상이성을 보인다.

총 18개 시료에 대하여 2가지 barcode-primer를 이용하여 대용량 염기서열 분석 결과, 비교 가능한 염기서열결과를 얻은 10개 시료에 대하여 군집분석을 실시하였다 (Fig. 36, Table 8). 원핵생물의 염기서열 증폭을 타켓으로 하는 Universal primer set (barcode 787F-1390R)은 획득한 염기서열의 96.5%는 세균으로 검출되었으며, 고세균은 3.5%만을 차지하였다. 검출된 고세균의 군집을 보았을 때 *Euryarchaeota*가 0.4%, 나머지 99.6%가 *Thaumarchaeota*로 나타났다. Nested PCR의 경우에는 세균이 검출되긴 하였지만, 그 비율이 1% 미만으로 매우 낮았다. 검출된 고세균의 군집은 *Euryarchaeota*가 0.01%, 나머지 99.99%가 *Thaumarchaeota*로 나타났다.

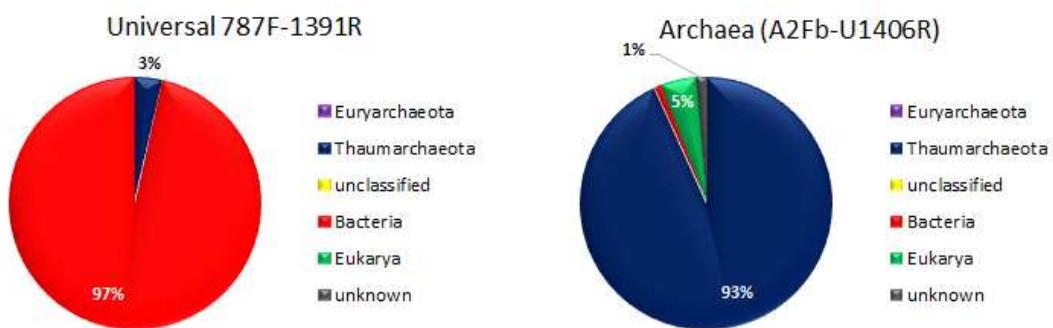


Figure 36. Comparison of nucleotide sequence analysis between two primers 787F-1931R and A2Fb-U1406R

Table 8. Total read numbers of NGS results using Prokaryote universal primer and Archaea specific primer

Domain	Phylum	Prokaryote Universal 787F-1391R	Archaea Specific (A2Fb-U1406R)
Archaea	Euryarchaeota	6	10
	Thaumarchaeota	1385	17171
	unclassified	0	3
Bacteria		38680	177
Eukarya		10	836
unknown		7	237
Total		40088	18393

고세균 군집 분석 결과, 동일한 시료에서의 두 가지 접근법을 사용하였을 때 고세균의 군집구조의 차이가 많은 것을 확인하였다. 원핵미생물의 세균/고세균의 상대적인 비율을 함께 보고자 할 경우에는 Universal primer set의 사용이 바람직하나, 상대적으로 고세균의 비율이 매우 적게 검출되었고, 본 연구에서는 고세균의 군집구조만을 분석하기 위함이므로 nested PCR 접근법이 더 적합할 것으로 판단되었다. 다만, nested PCR의 경우 PCR bias가 발생할 가능성이 상대적으로 높으므로 cycle의 수를 줄이는 등 bias를 최소화하는 노력이 필요하다.

나. 바톤반도 고세균의 군집 및 다양성 분석

남극 바톤반도 125개 토양시료에 대하여 고세균 특이 primer A2Fb-U1406R로 1차 증폭한 후, AR21F-A519R로 nested PCR 진행하였다. NGS 염기서열 분석결과, 남극 바톤반도 토양시료에서는 고세균 *Thaumarchaeota*의 Group1b가 99.99% 이상 우점하는 것으로 나타났다 (Fig. 37). *Thaumarchaeota* (또는 *Thaumarchaeota*)는 2008년에 새롭게 제안된 고세균의 phylum으로 지금까지 알려진 *Thaumarchaeota*의 종은 *Nitrosopumilus maritimus*, *Nitrososphaera viennensis* 및 *Nitrososphaera gargensis*로 이 종은 모두 암모니아 산화에 기여하고, 생태계에서 질소 순환과 탄소 순환과 같은 생지화학적 순환에 중요한 역할을 한다고 알려져 있다.

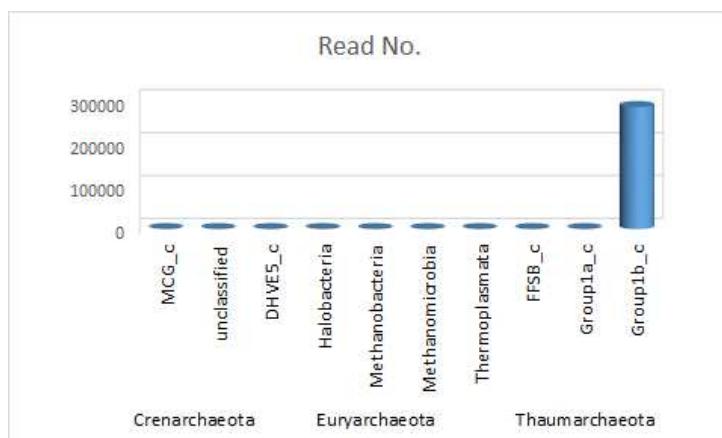


Figure 37. Archaeal diversity results in soil of the Antarctic barton peninsula

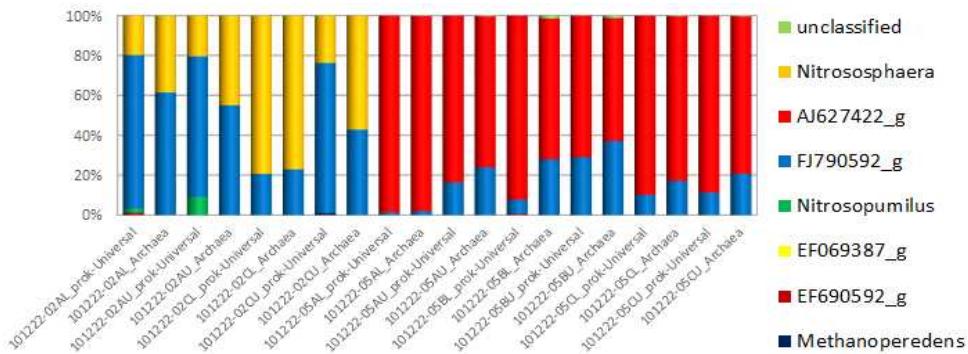


Figure 38. Archaea community structure at the genus level

바톤반도 토양에서도 생태계의 질소와 탄소의 순환에 큰 영향을 주는 *Thaumarchaeota*의 Group1b가 존재하고 있음을 확인하였다 (Fig. 37, 38). 지금까지 알려진 고세균의 연구는 해양 환경에서의 *Thaumarchaeota*의 Group1b에 대한 연구가 대부분이다. 남극의 바톤반도 토양환경에서의 고세균의 다양성은 높지 않으나, 아직까지 많이 연구되지 않은 *Thaumarchaeota*를 발견함에 큰 의미가 있다. 추가적인 연구를 통하여 남극 토양의 질소와 탄소순환에 대한 고세균의 역할을 밝히는 연구는 과학적 가치가 매우 높을 것으로 예상된다. 또한, 환경요인과의 상관관계 분석을 향후 수행할 경우, 고세균 군집 구조를 결정하는 중요한 환경요인이 무엇인지 알 수 있을 것으로 기대한다.

4. 결론

본 연구에서는 남극의 킹조지섬 바톤반도 주변 토양시료에서 고세균의 다양성과 군집분석을 수행하였다. 남극의 토양은 세균에 비하여 상대적으로 고세균의 생체량이 적기 때문에, 효율적인 고세균 연구 방법을 정립하였다. 바톤반도 토양의 고세균은 생태계에서 질소 순환과 탄소 순환과 같은 생물지화학적 순환에 중요한 역할을 하는 고세균이 99% 이상으로 나타났다. 고세균의 다양성은 높지 않으나, 생태계에서 탄소, 질소순환에 중요한 역할을 하는 *Thaumarchaeota*의 비율이 매우 높았으며, 이는 바톤반도 육상생태계에서의 *Thaumarchaeota*의 생태학적 기능이 매우 중요할 것으로 예상된다.

제 8 절. 생태계 구성요소 간 상호작용 기작 규명 (원생생물)

1. 서론

남극의 해양 섬모충류는 2005년에 Petz 교수의 논문에 따르면 최소 161종이 기록되었고 Wilbert와 Song 교수가 2008년에 종을 더 추가하였다. 토양 섬모충의 경우 1996년에 Foissner에 의해 61종이 보고 되었다. Signy 섬부터 남극 대륙까지 토양 섬모충 연구한 것으로 연구 결과 아남극권에서의 섬모충이 51종으로 가장 많았고 남극 반도 16종, 남극대륙 14종을 기록하였다. Petz et. al. (2007) 의 논문에서도 역시 아남극권이 남극 대륙보다 섬모충의 종수가 더 높게 나타났고 이와 같은 연구 자료를 통해 상대적으로 따뜻한 아남극권의 섬모충 다양성이 높게 나타난 것을 확인할 수 있었다. 따라서 섬모충류 모니터링을 통해 다양성의 증가를 계산한다면 기후변화를 예측에 추가적인 자료가 될 것이라고 생각된다.

2. 재료 및 방법

가. 채집방법

섬모충은 토양 입자에 붙어 휴면기를 취하거나 살고 있다. 채집 시 약 30X30cm 가량의 표면에서 토양을 채집하였고 이끼가 있는 경우 표면 토 이끼만 채집해 양파 이끼를 모두 채집하여 배양에 이용하였다. 채집한 샘플의 무게는 약 500g에서 가능하면 1kg 으로 채집하였다. 담수 및 해수 채집은 고여 있는 물에 와류를 일으켜 채수병에 담아 실험실 환경에서 배양하는 방법을 사용하였다.

나. 배양방법

토양시료의 경우 Foissner (2002a, b)의 non-flooded 배양 방법을 이용하여 휴지 포자낭을 발아시키는 방법으로 종 다양성을 확인하였다. 담수와 해수 시료의 경우 원생생물의 먹이가 될 세균과 균류의 영양인 쌀과 밀을 담수 혹은 해수에 넣어 배양 접시에 준비하고 수개체의 섬모충을 넣어서 적응 배양 시켰다.

다. 표본제작 방법

섬모류와 편모류의 표본은 프로타콜(Protargol) 염색에 의한 슬라이드 표본이 가장 보편적으로 프로타콜 염색 법 역시 다양한 종류가 있으나 Foissner에 A method를 예를 들어 설명하였다 (Foissner 1991).

- a. 고정: Bouin's solution (Sigma, HT10132)을 이용하여 섬모충을 1:1 비율로 고정 시킨다. 시료를 장기 보관 할 경우 시료 50ml에 Lugol solution (Sigma, 32922) 1ml로 고정, 혹은 Glutaraldehyde solution (Sigma, G7526)로 최종 4%로 고정하여 냉장 보관한다.
- b. 부착: 알부민을 이용하여 섬모충을 유리 슬라이드에 부착시킨다.
- c. 탈수: 알콜을 이용하여 슬라이드에 있는 수분을 탈수 시킨다.
- d. 표백: potassium permanganate (Junsei, 24165)와 Oxalic acid (Sigma, O0376)를 이용하여 섬모충을 표백과정을 진행 한다.
- e. 침투: Protargol 용액을 섬모충류에 침투시킨다. (60도에서 15분)
- f. 발색: hydroquinone developer (Foissner, 1991)를 이용하여 섬모충류를 발색시킨다.
- g. 밀봉: Permount (Fisher Scientific, 147604) 용액을 이용하여 시료를 밀봉한다.

3. 결과

가. 생물다양성 변화분석

(1) 무척추 동물 분석기술 확립 및 외래종 유입 연구 사전 조사

Table 9. Diversity of ciliates on Barton Peninsula

Morphological identification	Molecular identification	Similarity	Site	Date	GPS
Strombidiidaesp.	Omegastrombidiumelegans	95.60%	남극 세종기지 주변 해양	2010.01.21	62°13'59.05"S, 58°46'55.28"W
Holostichadiademata	Holostichadiademata	99.00%	남극 세종기지 주변 해양	2010.01.30	62°13'19.52"S, 58°47'12.80"W
Diophrysoligothrix	Diophrysoligothrix	99.40%	남극 세종기지 주변 해양	2010.01.21	
Euplotessp.1	Euplotessp.	95.90%	남극 세종기지 주변 해양	2010.01.21	
Euplatesantarcticus	Euplatesminuta	99.50%	남극 세종기지 주변 해양	2011.01.17	62°14'19.00"S, 58°45'59.00"W
Aspidiscasp.	Aspidiscaculeata	94.00%	남극 세종기지 주변 해양	2011.01.26	62°12'59.00"S, 58°57'52.00"W
Euplotessp.2	Euplatesfocardii	99.90%	남극 세종기지 주변 해양	2011.01.19	62°14'19.00"S, 58°45'59.00"W
Metaurostylopsisantarctica	Tigmokeronopsisstoekii	96.50%	남극 세종기지 주변 해양	2011.01.15	62°13'53.00"S, 58°42'38.00"W
Diophrysoligothrix	Diophrysoligothrix	99.40%	남극 세종기지 주변 해양	2011.01.27	62°14'19.00"S, 58°45'59.00"W
Sterkiellathomsoni	Sterkiellahistriomuscorum	98.30%	남극 세종기지 주변 담수	2011.01.12	62°13'09.00"S, 58°47'21.00"W
Gonostomumsp.	Gonostomumstrenuum	98.60%	남극 세종기지 주변 토양	2010.12.24	
Oxytrichasetigera	Oxytrichalongigranulosa	98.80%	남극 세종기지 주변 토양	2010.12.24	
Spathidiumsp.	Spathidiumsp.	97.70%	남극 세종기지 주변 토양	2010.12.24	
Neokeronopsisasiatica	Cyrtohymenacitrina	99.70%	남극 세종기지 주변 담수	2012.01.16	62°14'19.09"S, 58°45'28.54"W
Metabakuellassp.	Urostylagrandis	99.50%	남극 세종기지 주변 담수	2012.01.16	62°14'19.09"S, 58°45'28.54"W
Diophrysoligothrix	Diophrys oligothrix	99.50%	남극 세종기지 주변 기수호 PFU	2012.01.25	62°13'26.40"S, 58°47'43.92"W
Diophrysscutum			남극 조간대 tide pool	2012.01.22	
Diophrysp.			남극 조간대 tide pool	2012.01.22	
Uronychiasetigera	Uronychiabinucleata	99.80%	남극 세종기지 주변 기수호 PFU	2012.01.25	62°13'26.40"S, 58°47'43.92"W
Uronychiasp.	Uronychiabinucleata	99.60%	남극 고래뼈 부근 해수	2012.01.19	62°14'27.16"S, 58°45'03.78"W
Pleuronemasp.			남극 세종기지 주변 기수호 PFU	2012.01.25	62°13'26.40"S, 58°47'43.92"W
Sterkiellathomsoni	Parasteckiellathomsoni	99.00%	남극 세종기지 주변 세종호 PFU	2012.01.25	62°13'26.20"S, 58°47'21.09"W
Amphileptussp.			남극 팽귄마을 초입 조간대	2013.01.08	
Strombidiidaesp.	Omegastrombidiumelegans	95.60%	남극 세종기지 주변 해양	2010.01.21	62°13'59.05"S, 58°46'55.28"W
Diophrys sp.			남극 팽귄마을초입조간대	2013.01.08	
Diophrysscutum			남극 팽귄마을 조간대	2013.01.14	
Holosticha sp.			남극 팽귄-해표마을 조간대	2013.01.09	
Lacrymaria sp.			남극 팽귄-해표마을 조간대	2013.01.14	
Metaurostylopsis rubra			남극 팽귄-해표마을 조간대	2013.01.16	
Orthodonella sp.			남극 해표마을-포터소만 조간대	2013.01.25	
Uronychia sp.			남극 해표마을 조간대	2013.01.23	
Euplates sp.			남극 해표마을-포터소만 조간대	2013.01.30	
Urosomoida sp.			남극 해표마을 담수	2013.02.05	
Anteholostichasp.	Anteholostichamarimonilata	97.33%	남극 빙하 후퇴지역 토양	2014.01.03	62°13'47.92"S, 58°42'39.65"W
Anteholostichasp.1	Anteholostichamarimonilata	95.50%	남극 고래뼈 부근 토양	2013.01.10	62°14'28.56"S, 58°44'52.88"W
Anteholostichasp.2	A n t e h o l o s t i c h a pseudomonilata	97%	남극 고래뼈 부근 토양	2013.01.10	62°14'28.56"S, 58°44'52.88"W
Anteholostichasp.2	A n t e h o l o s t i c h a pseudomonilata	97.22%	남극 빙하 후퇴지역 토양	2013.12.29	62°13'48.9"S, 58°42'39.6"W
Anteholostichasp.2	A n t e h o l o s t i c h a pseudomonilata	97.11%	남극 세종기지 스쿠아 목욕탕 근처 토양	2014.01.14	62°13'28"S, 58°47'34"W
Halteriasp.	Halteria grandinella	98.92%	남극 고래뼈 부근 토양	2013.01.10	62°14'28.56"S, 58°44'52.88"W
	Onychodromopsis flexilis	98.50%	남극 고래뼈 부근 토양	2013.01.10	62°14'28.56"S, 58°44'52.88"W
Gonostomumsp.	Gonostomum strenuum	98.80%	남극 세종기지 주변 토양	2013.01.09	62°13'24.01"S, 58°47'14.72"W
Oxytrichasp.	Oxytricha granulifera	98.81%	남극 팽귄마을 대피소 근처 토양	2014.01.16	62°14'17.5"S, 58°45'53.4"W
	Bergeriella ovata	99.14%	남극 포터코브 근처 좀새풀 군락지 토양	2014.01.19	62°14'10.9"S, 58°43'03.9"W
Neokeronopsisasiatica	Cyrtohymena citrina	98.76%	남극 해표마을 뒤 산 담수	2014.01.10	62°14'19.43"S, 58°45'30.00"W
Oxytrichaafulredi	Onychodromopsis flexilis	98.52%	남극 해표마을 뒤 산 담수	2014.01.10	62°14'19.43"S, 58°45'30.00"W
	Orthamphisiabreviseries	97.38%	남극 빙하 후퇴지역 토양	2014.01.15	62°13'48.5"S, 58°42'37.7"W
Arcuospathidiumsp.	Arcuospathidium cultiforme	97.89%	남극 빙하 후퇴지역 토양	2013.12.29	62°13'49.0"S, 58°42'38.6"W
Diophrysoligothrix	Diophrysoligothrix	99.71%	남극 팽귄마을 조간대 해수	2013.12.17	62°14'13.74"S, 58°46'34.51"W
Metaurostylopsisantarctica	Metaurostylopsis antarctica	100%	남극 팽귄마을 조간대 해수	2013.12.17	62°14'13.74"S, 58°46'34.51"W
Notohymenasp.	Uroleptus gallina	98.97%	남극 고래뼈 부근 토양	2013.01.10	62°14'28.56"S, 58°44'52.88"W
Oxitrichalonga	Oxytricha longa	98.00%	남극빙하후퇴지역족면산쪽나대지 방향kelpgirl등지	2014.01.16	62°13'53.1"S, 58°42'54.8"W
Keronopsisn.sp.	Orthamphisiellabreviseries	98.74%	남극 해표마을 뒤쪽 산 토질 다름	2014.01.15	62°14'01.1"S, 58°44'42.5"W
Oxitrichasp.	Uroleptus gallina	99.54%	남극포터코브근처산지미생물site	2014.01.15	62°13'44.4"S, 58°42'30.4"W
Bistichellasp.	Bistichellasp.	99.66%	남극포터코브근처좀새풀군락지	2014.01.19	62°14'10.9"S, 58°43'03.9"W
Spathidiumsp.	Spathidiumfoissneri	97.49%	남극포터코브근처좀새풀군락지	2014.01.19	62°14'10.9"S, 58°43'03.9"W
Sathrophilussp.	Sathrophilus holtae	93.22%	남극포터코브근처좀새풀군락지	2014.01.19	62°14'10.9"S, 58°43'03.9"W
Semispadithiumsp.	Semispadithium sp.	94.75%	남극 해표마을 위 산 눈물호수 토양	2014.01.09	62°14'23.47"S, 58°44'39.08"W
Sterkiellasp.	Kahliella sp.	99.25%	남극 해표마을 위 산 눈물호수 토양	2014.01.09	62°14'23.47"S, 58°44'39.08"W
Anteholostichasp.	Anteholosticha monilata	94.70%	남극포터코브근처산지미생물site	2014.01.19	62°14'16.9"S, 58°43'46.3"W
Halteriasp.	Halteria grandinella	99.01%	남극포터코브근처산지미생물site	2014.01.19	62°14'16.9"S, 58°43'46.3"W
Vorticellasp.	Vorticella microstoma	98.81%	남극 해표마을 위 산 눈물호수 토양	2014.01.09	62°14'23.47"S, 58°44'39.08"W
Pseudochilodonopspiss.	Pseudochilodonopspiss. fluvialis	98.62%	남극 해표마을 뒤쪽 산 토질 다름	2014.01.15	62°14'01.1"S, 58°44'42.5"W

2010년부터 2016년까지 남극의 킹조지섬과 근처의 섬모충류를 조사하였고 조사지역은 South Shetland Island 제도를 포함한 118지점으로 서식지별로는 담수 5지역, 해수 10지역, 토양 103지역을 조사하였다. 2010년부터 2016년 사이 조사된 섬모충류 목록은 표에 나타내었다. 섬모충 다양성을 확인하면서 지표종 선정을 위해 추가 배양 실험을 진행해 보았다. 지표종이란 특정지역의 환경상태를 측정하는 척도로 이용되는 생물을 말하며 섬모충류의 경우 빠른 생장과 얇은 세포막을 가지고 있어 환경 변화에 민감하게 반응하기 때문에 지표 생물로서 높은 가치를 갖는다고 할 수 있다. 지표종 후보종인 *Anteholosticha* sp.는 바톤 반도내의 여러 지점에서 발견되었고 각 지역은 이끼류가 많은 환경으로 습한 토양이었다.

(2) 무척추동물 분포분석, 10지점

Table 10. Distribution patterns of ciliates in monitoring sites

		해안	가야봉 구조도	내륙	경사지	습지대	호수	좀새풀 군락지	빙하후 퇴지역	계곡
1	<i>Anteholosticha</i> sp.					○	○	○	○	
2	<i>Fuscheria-like</i> sp.							○	○	
3	<i>Colpoda</i> sp.					○	○	○	○	
4	<i>Gonostomum affine</i>							○		
5	<i>Gonostomum</i> cf. <i>strenuum</i>	○			○		○		○	
6	<i>Halteria grandinella</i>		○		○	○	○	○	○	
7	<i>Hemiurosomoida longa</i>				○		○			
8	<i>Keronopsis</i> sp. 1					○	○	○	○	
9	<i>Keronopsis</i> sp. 2			○					○	
10	<i>Lamnostyloides edaponi</i>							○	○	
11	<i>Leptopharynx</i> sp.			○		○	○	○	○	
12	<i>Nassula aurea</i>								○	
13	<i>Oxytricha</i> cf. <i>balladyna</i>							○		
14	<i>Paraholosticha muscicola</i>						○	○	○	
15	<i>Parasterkiella thompsoni</i>						○			
16	<i>Peritrich</i> sp. 1							○		
17	<i>Peritrich</i> sp. 2						○			
18	<i>Peritrich</i> sp. 3								○	
19	<i>Pleuroplitoïdes smithi</i>						○			
20	<i>Pseudochilodonopsis</i> sp.					○	○			
21	<i>Scuticociliate</i> sp.					○		○		
22	<i>Urosomoida sejongensis</i>								○	
23	<i>Litonotidae</i>						○	○		
	종수	1	1	2	3	7	13	13	12	1

모니터링 사이트 10 지역을 선정하여 섬모충의 분포 분석을 진행하였다. 10 지역 중 9 지역에서 섬모충이 확인 되었으며 *Anteholosticha* sp., *Colpoda* sp., *Fuscheria-like* sp., *Gonostomum* cf. *strenuum*, *Halteria grandinella*, *Keronopsis* sp. 1, *Keronopsis* sp. 2, *Lamnostyloides edaponi*, *Leptopharynx* sp., *Paraholosticha muscicola*, *Pseudochilodonopsis* sp., *Scuticociliate* sp., *Litonotidae* 의 13종이 2지역 이상에서 출현된 것을 확인하였다. 발견된 섬모충 종 중 *Colpoda* sp.은 8도 배양 시 3주차 이후 발견, 온도를 올려 12도 배양 시 1주일 이후부터 발견, 다른 지역(한국, 중국)에 서식하는 종에 비해 휴먼포자 발아속도가 늦고 온도에 민감한 것을 확인하였다. *Gonostomum affine*의 경우 좀새풀군락지에서 발견, 모니터링사이트 이외에도 위버반도, 칠레 푼타아레나스의 토양에서도 발견되었는데 Berger (2011)에 따르면 해당 종은 전 세계적으로 다양한 육상 환경에서 출현하는 cosmopolitan species로 보고되어 있다. *Paraholosticha muscicola*

는 모니터링 사이트를 포함하여 남극 바톤반도의 빙하 후퇴지역에서부터 호수 근처 토양까지 분포하고 있다. *Halteria grandinella*의 경우 9개의 모니터링 사이트 중 6지역에서 발견되어 지속적인 조사를 통해 바톤반도 전역에 서식하는지 판단 후 대표종으로 선정할 예정이다.

(3) 무척추동물 분포 DB 구축 및 장기 모니터링을 위한 지표종 선정

모니터링 연구를 통해 9개 사이트의 배양 시료에서 섬모충류 형태 동정을 수행하여 총 23종의 섬모충 다양성을 확인하였다. 해당 자료는 추후 NGS 분석을 통해 배양 실험에서 나타나지 않은 섬모충 분포 데이터 확보 및 바톤반도의 섬모충 다양성 확인할 자료로 사용될 수 있다.

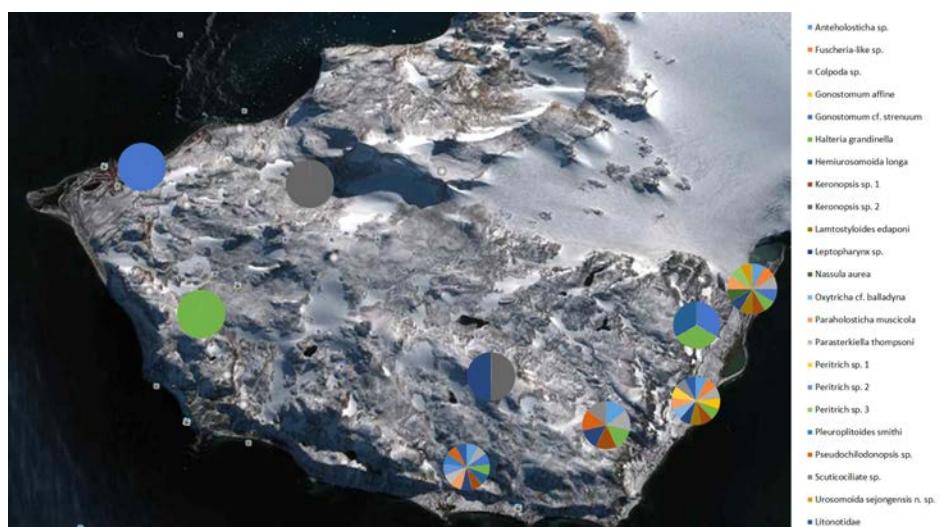


Figure 39. Distribution patterns of ciliates in monitoring sites

분포 결과 중 4지점의 모니터링 사이트에서 발견된 환경지표 후보종 *Anteholosticha* sp.를 하계 기간 남극의 토양 표면 온도 변화 범위의 중간 값 8도와 온도변화 범위 이상의 20도 온도 조건에서 생리 모사 실험을 진행하였다. 그 결과 20도 온도 조건에서 8도에 비해 개체수가 5배 (약 300개체) 증가하는 것을 확인하였다.



Figure 40. Growth rates of *Anteholosticha* sp. depending on temperature

나. 환경·생물의 상관관계 분석

(1) 지형별 무척추동물 분포비교

지형에 따른 섬모충류의 다양성은 사면 하부의 경우 다양성이 비교적 높게 나타났다. 서식 환경 비교에 따른 섬모충류 종 다양성 결과 이끼 서식 토양과 개미자리 서식 토양이 나대지 토양 보다는 종다양성이 비교적 높게 나타난 것으로 보아 섬모충의 서식에는 수분이 큰 영향력을 갖는다는 것을 유추할 수 있으며 이를 지형에 따른 섬모충 결과와 연관지어보면 수분이 상대적으로 많이 모일 수 있는 사면 하부 지역에서 섬모충이 다양하게 나타날 수 있다는 것을 알 수 있다.

(2) 환경요인에 따른 무척추동물 분포 특성 분석 여부

나대지와 이끼에 서식하는 섬모충 비교를 통해 이끼에 다양한 섬모충이 존재하는 것을 확인하였다. 환경에 존재하는 다양한 섬모충 군집을 확인하기 위해 수분함량이 높은 이끼 (*Sanionia uncinata*)를 이용하여 7 지점에서 섬모충 군집을 확인하였다. 중요 환경요인인 pH, 온도, 토양함수량, 염도 등과 각 채집 시료의 섬모충 빈도자료를 이용하여 각 서식 지역의 유사도를 확인하였다.

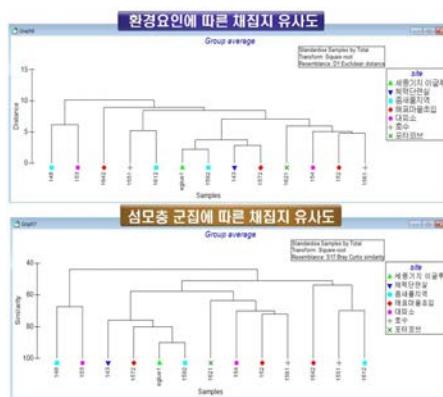


Figure 41. 환경 요인에 따른 채집지 유사성 및 섬모충 abundance에 따른 군집 유사성 확인

4. 고찰

바톤반도에 서식하는 섬모충 다양성을 확인해 보았으며 해당 데이터를 바탕으로 추후 외래종 유입 여부를 확인할 수 있을 것이다. 또한 생물 다양성의 변화 양상을 확인하여 기후 변화가 섬모충 생태에 어떤 영향을 미치는지 유추가 가능할 것이다. 모니터링 결과 좀새풀 군락 혹은 이끼가 있는 토양의 경우 섬모충 다양성이 토양만 있는 시료에 비해 높은 다양성을 확인하였다. 보다 다양한 섬모충류 확보를 위해 이끼 지역을 중심으로 시료 배양을 진행이 필요할 것으로 판단된다. 섬모충 분포 데이터를 통해 바톤반도 전역에 어떤 종이 서식하는지 확인할 수 있었으며 그 중 배양이 쉬우며 여러 지역에서 발견되는 *Anteholosticha* sp.를 실험 종으로 선정하여 배양 온도에 따른 생장을 차이를 확인하였다. *Anteholosticha* sp.는 저온에 비해 상온에서 왕성한 분열을 보이는 것으로 보아 향후 기온이 상승할수록 환경 우점종이 될 가능성이 있을 것으로 예상된다. 해당 연구는 지형에 따른 무척추 동물 분포에 대한 경향만을 파악하였으며 정밀한 실험을 위해서는 식생팀과의 채집을 통해 동일 환경 내에서 지형만을 변수로 두고 어떤 분포양상을 띠는지 새로운 사이트를 지정해 분석해볼 필요가 있다. 채집지역의 환경요인

의 유사도에 따라 섬모충의 군집 유사도가 같게 나타남, 바톤반도 내에서 채집 지역 간의 거리 보다는 해당 서식 환경이 섬모충의 군집을 결정하는 것으로 판단된다.

제 9 절. 포터소만 인근 빙하후퇴지역에서의 남방큰재갈매기(*Kelp gull, Larus dominicanus*) 번식 기록

요약: 1989년부터 2016년까지의 위성자료와 2012년부터 2016년까지의 번식조사 자료를 바탕으로 포터소만 인근 지역의 빙하후퇴 양상과 조류 번식을 조사하였다. 위성사진을 비교해본 결과 1989년부터 점차 빙하경계선이 북쪽으로 이동하면서 육지가 새로이 드러났다. 2012년부터 2016년까지 번식 시즌 동안 매년 20-30쌍의 남방큰재갈매기 (*Kelp gull, Larus dominicanus*) 등지를 확인하고 번식기록을 측정하였다. 결과를 종합해볼 때, 이 지역의 빙하후퇴에 따라 노출된 육지가 남방큰재갈매기에게 새로운 서식지를 제공한 것으로 여겨진다.

1. 서론

남극반도는 최근 빙하후퇴가 가장 빠르게 일어나는 지역 중 하나다(Cook et al., 2005). 남극반도의 최북단에 위치한 남쉐틀랜드군도의 킹조지섬에서도 기후변화에 따라 빙하가 녹아 빙하경계선이 변하는 것이 관찰되고 있다(Rückamp et al., 2011). 이러한 남극 얼음의 변화는 남극에 사는 동물들에게 큰 영향을 미친다. 황제펭귄과 같이 해빙에 의존적인 종들은 먹이감소와 서식지 감소로 인해 생존에 위협을 받고 있다(Croxall 2004). 반면 얼음의 변화에 민감하지 않은 종들은 빙하후퇴에 따라 오히려 새로운 번식지를 찾을 수 있는 가능성성이 있다.

남방큰재갈매기(*Kelp gull, Larus dominicanus*)는 남극 남쉐틀랜드군도 킹조지섬에서 번식하는 대표적인 조류 가운데 하나로, 해안가 주변에서 삿갓조개(*Antarctic limpet, Nacella concinna*)를 주요 먹이원으로 한다(Favero et al., 1997). 따라서 남방큰재갈매기의 등지는 삿갓조개가 풍부한 해안가 주변 비탈진 곳에서 주로 발견된다(Quintana and Travaini 2000).

빙하후퇴와 남방큰재갈매기의 번식의 관계를 살펴보기 위해, 지난 2012년부터 등지분포와 번식기록을 조사하였다. 선행연구들에서 킹조지섬에 서식하는 남방큰재갈매기의 번식에 대한 광범위한 조사가 이뤄졌지만, 빙하후퇴가 번식에 미칠 수 있는 영향에 대한 고려가 빠져 있었다(Sand et al., 2006; Branco et al., 2009). 따라서 본 연구에서는 위성사진자료를 바탕으로 이 빙하후퇴지역의 빙하경계선 변화양상을 1989년부터 2016년까지 분석하여 남방큰재갈매기의 번식과의 관련성을 고찰하였다.

2. 재료 및 방법

가. 연구지역 및 위성사진 자료

남극반도의 북단 사우스셔틀랜드군도 킹조지섬의 바톤반도 동쪽 포터소만과 인접한 지역에서 연구가 수행되었다($62^{\circ}13' 35-55''S$, $58^{\circ}42' 15'' - 43' W$). 위성자료는 1989년부터 2016년까지 남극의 하계에 해당하는 12월부터 2월의 기간 동안 빙하경계선이 보이는 사진을 이용하였으며, 총 8장의 위성사진이 사용되었다(Fig. 1; 28 Jan 1989 from Landsat-4 TM, USGS; 31 Dec 1999 and 26 Mar 2005 from Google Earth; 6 Dec 2006 from Quickbird-2, DigitalGlobe; 21 Mar 2011, 21 Feb 2013 from Google Earth, and 3 Feb 2015 and 18 Jan 2016 from KOMPSAT-3 (Korea Multi-Purpose Satellite-3). 위성사진은 1:5000 디지털지도에 따라 보정되었다(Kim et al., 2013).

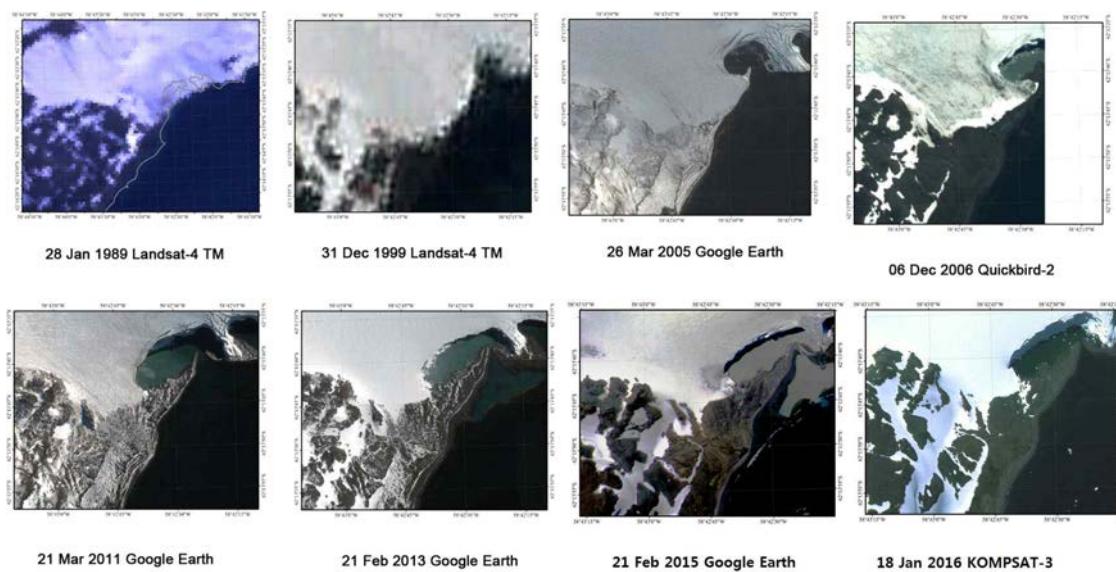


Figure 42. Eight satellite images which were selected to determine glacier boundaries on King George Island, Antarctica ($62^{\circ}13'35\text{--}55''\text{S}$, $58^{\circ}42'15\text{--}43'00''\text{W}$) from 1989 to 2016. The spatial resolutions were 30 m (Landsat-4 TM in 1989), less than 30 m (Google Earth image in 1999), less than 4 m (Google Earth images in 2005, 2011, 2013), 2.4 m (Quickbird-2 in 2006) and 2.8 m (KOMPSAT-3 in 2015 and 2016).

나. 번식조사

바톤반도 동쪽 포터소만과 인접한 지역의 번식 조사를 위하여 남극의 하계 기간 12월 초부터 1월 말까지 일주일에 한 번 정기적인 모니터링을 수행하였으며, 정확한 남방큰재갈매기 등지의 위치를 측정하기 위해서 GPS 수신기를 이용해 정보를 기록하였다(Garmin, GPSmap 60CSx).

3. 결과 및 토의

가. 빙하경계선의 변화와 남방큰재갈매기 등지 위치

1989년부터 2016년까지 위성사진을 분석한 결과에 의하면, 빙하경계선은 꾸준히 변화하였고, 약 27년 동안 대략 200-300 미터 가량 북쪽 방향으로 후퇴하였다. 빙하후퇴에 따라 새로이 육지가 드러났으며, 육지와 해안의 경계가 생기며 조간대가 형성되었다(Fig. 43). 남방큰재갈매기의 등지들은 1989년과 2006년 사이에 노출된 지역에서 발견되었다. 남서쪽 경사면에 있는 등지들이 있는 서식지 A 지역은 1989년과 1999년 사이에 노출된 지역이며, 동쪽 해안가에 분포한 서식지 B 지역의 등지들은 1989년과 2006년 사이에 드러난 지역이다(Fig. 43).

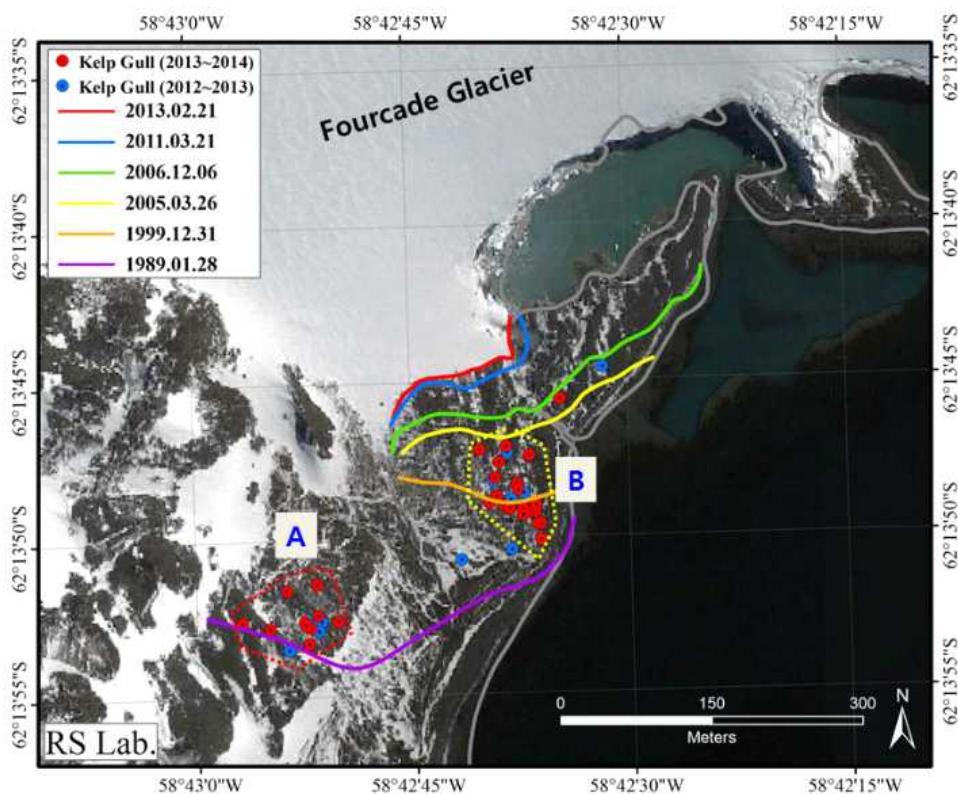


Figure 43. Changes in glacier boundaries from 1989 to 2016 determined by satellite image analyses, and records of kelp gull nest distributions in two habitats (“Habitat A” in blue dotted line and “Habitat B” in red dotted line) during four breeding seasons (2012–2013, 2013–2014, 2014–2015 and 2015–2016) in the eastern coast of the Barton Peninsula, King George Island, South Shetlands, Antarctica ($62^{\circ}13'35\text{--}55''\text{S}$, $58^{\circ}42'15\text{--}43'00''\text{W}$). Grey solid line indicates the coastline from the digital topographic map (1:5000) in 2011 and black solid line indicates the newly exposed ice-free area since 1989 (Lee et al., 2017).

결과들을 종합해볼 때, 빙하의 후퇴에 따라 새로이 노출된 육지에서 남방큰재갈매기가 번식을 시작한 것으로 생각된다. 대략 40-50 센티미터 높이의 암석 옆에 둉지가 주로 발견되는데, 빙하의 후퇴에 따라 이 지역엔 많은 빙퇴석(Moraine)이 노출되면서 남방큰재갈매기에게 바람을 막아줄 수 있는 서식처를 마련해 주었을 것으로 생각된다(Fig. 46).



Figure 44. A nest of kelp gull breeding pairs (where a yellow GPS machine is located on) near the moraines which are exposed by glacier retreat

또한 이 지역은 육지와 해안의 경계가 새로이 만들어 지면서 조간대가 형성되어 남방큰재갈매기의 먹이가 되는 삿갓조개에게도 좋은 서식지가 될 수 있다(Fig. 45). 따라서 이를 먹이로 하는 남방큰재갈매기가 새끼를 키우고 번식하기에 알맞은 환경을 제공해 주었을 것으로 여겨진다.

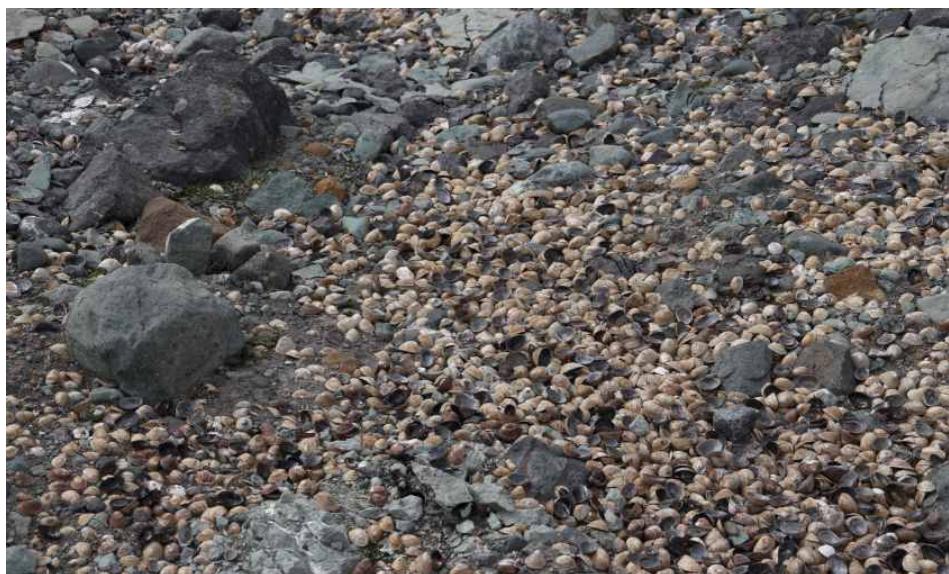


Figure 45. Antarctic limpets (*Nacella concinna*) are eaten by kelp gulls

나. 남방큰재갈매기의 번식 기록

1989년 이후 2016년까지 대략 96,000 제곱킬로미터의 육지가 새로이 노출되었다. 그리고 2012년 12월-2013년 1월 조사한 결과를 살펴보면 30개의 등지를 시작으로, 2013-2014 시즌엔 32개, 2014-2015 시즌엔 34개, 2015-2016 시즌엔 21개의 등지가 발견되었다. 서식지 A와 서식지 B에서의 전체 등지수(No. of nests), 알을 1개 이상 낳은 등지수(No. of nests with eggs), 재사용 등지수(No. of reused nests)의 정보는 아래와 같다(Table 11). 2012-2013 시즌부터

2015-2016 시즌까지 조사된 한배산란수(Clutch size), 둥지의 밀도(Density, No of total nests/km²), 서식지 면적(Area, m²)은 아래 표와 같다(Table 12).

Table 11. Number of total nests, number of nests with eggs and number of reused nests from previous years for four breeding seasons from 2012–2013 to 2015–2016 (Lee et al., 2017).

Breeding season	No. of nests		No. of nests with eggs		No. of reused nests	
	A	B	A	B	A	B
2012-2013	9	21	5	11	-	-
2013-2014	10	22	10	22	4	13
2014-2015	8	26	4	9	2	10
2015-2016	7	14	7	14	2	6

Table 12. Clutch size (mean \pm SD), nest density, and areas in two habitats (Habitat A and B in Fig. 1) for four breeding seasons from 2012–2013 to 2015–2016. Density was calculated as the total number of nests divided by the newly exposed ice-free area since 1989 (0.096 km²; see Fig. 1) (Lee et al., 2017).

Breeding season	Clutch size (mean \pm SD)	Density (No. of total nests/km ²)	Area (m ² , in Habitat A / Habitat B)
2012-2013	2.24 \pm 0.66 (n = 17)	312.5	1,687 / 8,807
2013-2014	2.47 \pm 0.62 (n = 32)	333.3	3,160 / 6,251
2014-2015	1.85 \pm 0.55 (n = 13)	354.2	1,333 / 9,315
2015-2016	1.95 \pm 0.67 (n = 21)	218.8	3,785 / 4,679

4. 결론

본 연구에서는 남극 킹조지섬에 번식하는 남방큰재갈매기가 빙하후퇴로 인해 드러난 육지에서 번식을 시작했다는 것을 확인하였다. 위성자료와 야외 번식조사를 통해 확인한 결과에 의하면 조사 지역에서는 꾸준히 빙하가 후퇴하고 있으며, 드러난 땅에서 남방큰재갈매기가 매년 일정한 수준의 번식을 유지하고 있는 것으로 보인다. 빙하가 후퇴하면서 드러난 땅에는 빙퇴석을 비롯해 여러 모래와 자갈들이 형성된다. 남방큰재갈매기는 빙하언덕에서 내려오는 바람을 막아줄 빙퇴석을 바람막이로 이용하여 둑지를 지을 수 있기 때문에 이러한 지역을 선호하

는 것으로 보인다(Suarez et al., 2010). 현장조사에 의하면 대부분의 경우 등지 주변에 큰 빙퇴석이 자리하고 있었다.

이 지역에 번식하는 남방큰재갈매기들이 어디에서 유래하였는지 정확하게 확인할 길은 없지만, 가까운 곳에서 매년 일정한 수의 번식쌍이 기록되고 있다(Blanco et al., 2009). 따라서 근처에서 분산해온 개체들일 가능성이 높아 보인다. 불과 2-3 킬로미터 떨어진 지점엔 포터반도가 있으며 10-20 킬로미터 떨어진 지점엔 넬슨섬이 있는데, 두 곳에서 모두 남방큰재갈매기들의 번식이 꾸준히 발견되고 있다. 따라서 주변 번식지에서 밀려난 번식쌍들이 새로운 번식지를 찾는 과정에서 빙하후퇴지역이 선택되었을 수 있다.

현재 빙하후퇴의 양상으로 볼 때 매년 10 미터 가량 북쪽으로 빙하가 사라지고 있어서, 앞으로 빙하후퇴로 드러난 육지는 더 넓어질 것으로 예상된다. 이에 따라 남방큰재갈매기의 등지가 더 많아지거나 서식지가 늘어날 수도 있을 거라 추측된다.

제 10 절. 선태류 및 지의류의 다양성과 계통 진화

1. 서 론

남극세종과학기지가 위치하고 있는 킹조지섬은 최근 수십 년에 걸쳐 급격한 자외선의 증가, 기후변화에 의한 온도변화 및 빙하의 축소 등의 중대한 환경 변화를 겪어왔다(Robinson et al., 2003). 이러한 변화는 극한의 환경에서 살아가고 있는 남극 육상 식물들의 식생 및 다양성에 큰 영향을 끼치고 있다. 따라서 앞으로 다가올 변화를 예측하고, 선제적인 대응을 위해서는 킹조지섬의 식생 및 다양성에 관한 연구가 매우 중요하다. 본 연구지역은 지리적인 특성으로 기후 변화에 민감하며 상대적으로 접근이 용이한 남극반도 킹조지섬에 위치하고 있다. 현재 킹조지섬에는 2종의 현화식물(*Deschampsia antarctica*, *Colobanthus quitensis*)이 알려져 있고, 육상생태계의 대부분은 지의류와 선태식물이 차지하고 있다. 남극에서는 약 600종의 지의류와 약 120종의 선태식물이 보고되었으며, 남극세종과학기지 주변에는 지의류 38속 62종(Kim et al., 2006)과 33속 61종의 선태식물(Ochyra, 1998)이 보고된 바 있다. 그러나 남극세종과학기지가 위치한 바톤반도 주변의 지의류 및 선태식물에 관한 연구는 남극 육상생태계 연구의 일부분으로 지역적 분포만이 기록되어 있을 뿐 아직까지 종합적인 연구는 이루어진 바 없다. 따라서 본 연구는 바톤반도에 중점을 둔 지의류와 선태식물의 식생, 생물다양성, 계통분석 및 생육환경을 파악하고, 더 나아가서는 남극의 육상생태계 연구를 수행하기 위한 기초자료를 마련하고자 하였다.

2. 재료 및 방법

가. 지의류

(1) 연구지역 및 표본시료 확보

지의류 표본 채집은 남극 킹조지섬과 아남극권인 칠레 Punta Arenas와 Morrochico 지역에서 이루어졌다. 남극세종과학기지 주변의 지의류 다양성을 파악하기 위하여 기지가 위치하고 있는 바톤반도를 중심으로, Maxwell bay 주변(위버반도와 아들레이섬)에서 채집을 실시하였다(Fig. 46).

총 694개의 표본시료를 채집하였으며, 하나의 표본 시료 당 관찰용 표본과 genomic DNA 추출용 시료, 그리고 현장 샘플 사진을 함께 확보하였다. 관찰용 표본은 훼손되지 않아 온전한 형태 관찰이 가능한 것을 선정하여 충분한 양을 채집하였고 생태적으로 연관 분류군이 군집을 이루며 자랄 가능성이 있으므로 되도록 하나의 콜로니(colony)내에서 채집한 것을 하나의 표본으로 만드는 것을 원칙으로 하였다. Molecular 분석용 시료는 2 ml tube에 100% Ethanol을 사용하여 현장에서 2개씩 subsampling 함으로써 genomic DNA 추출 뿐 아니라 추후 가능한 지의류 공생 미생물 군집 분석 등의 molecular 분석 시 발생할 수 있는 오류를 최소화하였다. 관찰용 표본은 실온에서 건조하고 야책을 활용하여 가볍게 압착하여 관리 및 보관에 용이하도록 하였다. 고정한 molecular 분석용 tube는 - 80°C에서 보관하였다. 채집 시 현장 사진을 함께 찍어 자연 상태의 생태를 기록하여 후 분석 및 고찰에 도움이 되도록 하였다. 또한 극지역간의 비교 분류연구를 위하여 아북극권(Lapland, Finland) 채집을 진행하여 총 184개의 표본 시료를 얻었고, 19개의 노르웨이 표본 시료를 제공받았다. 관찰 표본들은 건조표본으로 작성하여 극지연구소 식물표본관(KOPRI Herbarium)에 소장하였으며 그 중 동정된 표본은 극지가상표본관(<http://kvh.kopri.re.kr>)에서 확인할 수 있다.

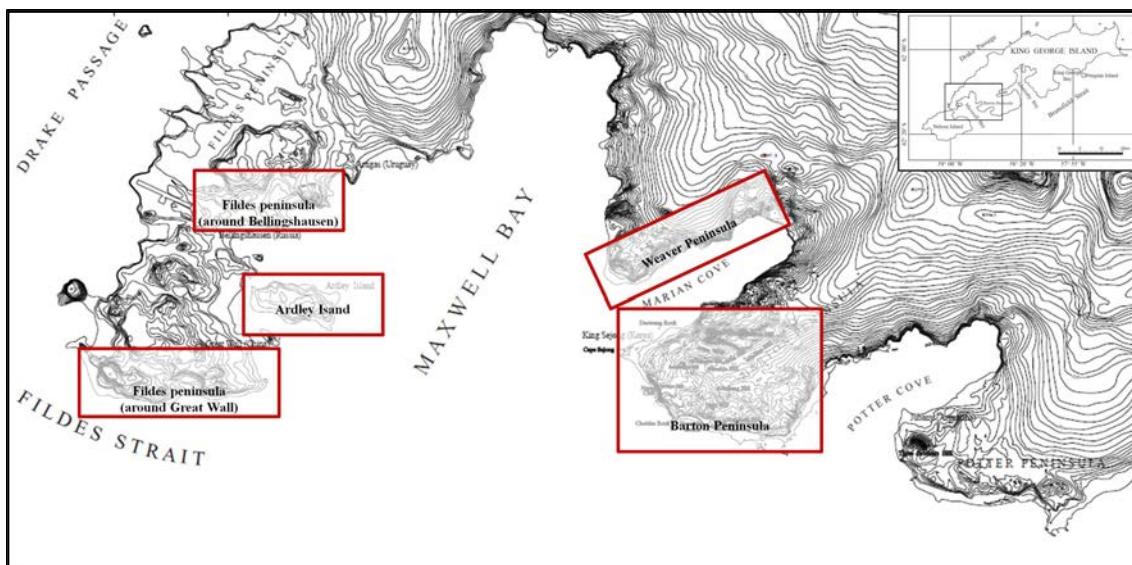


Figure 46. Sampling sites around Maxwell bay

(2) 표본 분류 및 동정

(가) 형태·화학적 동정

본 연구에 사용된 지의류 표본들은 기존 문헌의 형태적 특성 등을 참고하여 동정하였다 (Stenroos, 1995; Ovstedral & Smith, 2001; Olech, 2004; Osyczka & Olech, 2005; Stenroos et al, 2016). 지의체의 형태적 특성은 해부현미경과 광학현미경으로 관찰하였다. 보다 신뢰할 수 있는 동정결과를 얻기 위하여 핀란드 헬싱키 박물관(The Finnish Museum, Luomus)과 교차동정을 수행하였다.

지의류가 가진 화학 물질을 밝혀내기 위해 thin-layer chromatography(TLC)를 수행하였다(Culberson 1972; Orange et al. 2001). 2 ml tube에 1 ml Acetone을 용매로 지의체의 물질을 추출하였다. Atranorin과 Norstictic acid를 가진 *Lethariella cladonioides*(Lichenized Ascomycota, Parmeliaceae)의 chemical strain을 TLC control로 사용하였다. Solvent A와 C를 실리카겔 plate(Merck TLC silica gel 60) 상에 전개하였다(Fig. 47).

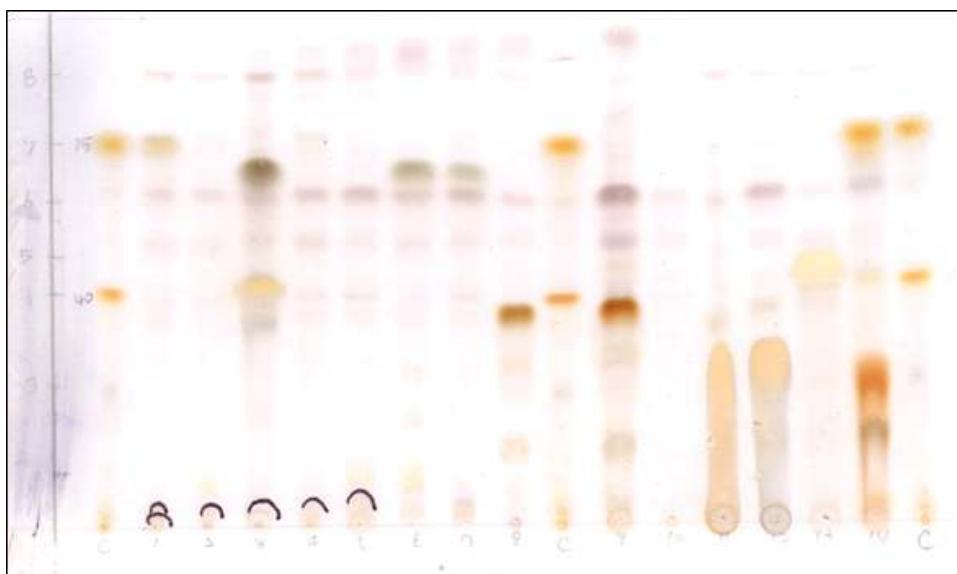


Figure 47. Thin layer chromatography of the genus *Cladonia* spp.

(나) 분자적 동정

① Genomic DNA 추출과 PCR

현장에서 고정해 온 시료로부터 Exgene soil DNA mini kit (GeneAll, Cat No. 114-150)를 이용하여 총 230개의 미생물 genomic DNA를 추출하였다. 추출한 DNA는 전기영동(1% agarose gel) 후 Las-3000 기기로 fluorescence를 측정하여 확인하였다.

각 지의류 시료 간의 계통관계를 파악하기 위하여 여러 유전자(ITS, LSU, mtSSU)의 PCR 을 함께 진행하였다. Primer로는 각각의 다른 barcode가 붙은 primer set(ITS3-LSU657r, mrSSU1-3)들을 사용하였다. 각 region별로 ITS2-LSU는 Denaturation(94°C) - Primer Annealing(56°C) - Extension(72°C)을 25 cycle을, mtSSU는 Denaturation(94°C) - Primer Annealing(55°C) - Extension(72°C)로 5cycle 수행 후 Primer Annealing(52°C) 온도를 내려서 30 cycle 더 반복하였다.

② 염기서열 분석

얻어진 PCR product(amplicon)을 sequencing 분석에 필요한 최소 농도를 고려하여 pooling 후 purification 과정을 수행하였다. Pacbio platform(Pacbio RSII system, DNA Link) 을 이용하였으며 얻어진 sequence는 jPhydit으로 정렬하였다. MEGA6 software(Tamura K, 2013)를 이용해 multi-locus phylogenetic tree를 MP(Maximum parsimony), NJ(Neighbor-joining), ML(Maximum likelihood) 방법으로 산출하였다.

나. 선택식물

현재까지 국내외 연구자들에 의해 수행된 킹조지섬의 선택식물 및 남극선택식물 연구 (Ochyra 1998; Ochyra et al., 2008)를 참고하여 바톤반도의 선택식물 목록을 작성하였다. 또한 일본 극지연구소(NIPR)에 보관되어있는 바톤반도의 선택식물 약 200점에 대한 목록을 작성하였다.

연구에 사용된 모든 표본들은 남극세종과학기지 주변 및 남극 반도에서 채집하였고, 채집 된 표본들은 건조표본으로 제작하여 극지연구소 식물표본관(KOPRI Herbarium)에 소장하였다. 분류군 동정을 위하여 국내·외 문헌을 참고하였고(Choe, 1980; Noguchi, 1987, 1988, 1989, 1991, 1994; Ochyra et al., 2008) 모든 표본은 해부현미경과 광학현미경을 사용하여 식물체 외형, 줄기 잎, 세포, 포자체, 생육지 특성 등을 분석하여 동정하였다. 크기 측정을 위하여 버니어 캘리퍼스와 광학현미경의 마이크로미터를 사용하였다.

또한 유전자 염기서열을 근거로 한 계통진화를 분석하기 위해서 약 250시료의 genomic DNA 추출을 완료하였고 sequencing이 진행 중이며, 향후 DNA 분석을 위하여 모든 표본은 현장에서 100% Ethanol을 사용하여 고정, 초저온냉동고에 보관 중이다.

모든 동정된 표본은 극지가상표본관(<http://kvh.kopri.re.kr>)에서 확인할 수 있다.

3. 결 과

가. 지의류

(1) 문헌조사와 현지조사로 확보한 지의류 목록

문헌조사와 현지조사를 통해 바톤반도를 포함한 Maxwell bay 주변에서 확인된 지의류 종은 총 45속 90종이다(표 1). 2014-16년 현지조사를 통해 총 694점의 남극권 지의류 표본시료를 확보하였고, 동정 결과, 채집된 표본 중 493점(72%)이 *Cladonia*(사슴지의)속에 포함되었다(그림 3). 또한 비교 연구를 위한 북극권 조사로부터 203점의 지의류 표본 시료를 확보하였다.

Table 13. Lichen flora list around Maxwell bay according to the literature and field research

No.	Species	Kim et al ¹⁾	This Study
<i>Acarospora</i>			
1	<i>Acarospora austroshetlandica</i> (C.W.Dodge)Øvstedral	+	-
2	<i>Acarospora macrocyclos</i> Vain.	+	-
3	<i>Acarospora wahlenbergii</i> Magn.	-	+
<i>Amandinea</i>			
4	<i>Amandinea coniops</i> (Wahlenb.)M.Choisy	-	+
<i>Austroplaca</i>			
5	<i>Austroplaca cirrochrooides</i> (Vain.)Søchting,Frödén&Arup	-	+
<i>Bryoria</i>			
6	<i>Bryoria</i> sp.	+	+
<i>Buellia</i>			
7	<i>Buellia augusta</i> Vain.	-	+
8	<i>Buellia anisomera</i> Vain.	+	+
9	<i>Buellia darbshirei</i> Lamb	-	+
10	<i>Buellia grimmiae</i> Filson	-	+
11	<i>Buellia latemarginata</i> Darb.	-	+
12	<i>Buellia russa</i> (Hue)Darb.	+	+
<i>Caloplaca</i>			
13	<i>Caloplaca cerina</i> (Ehrh.exHedw.)Th.Fr.	-	+
14	<i>Caloplaca holocarpa</i> (Hoffm.)Wade	+	-
15	<i>Caloplaca johnstonii</i> (C.W.Dodge)SøchtingandOlech	+	-
16	<i>Caloplaca regalis</i> (Vain.)Zahlbr.	+	+
17	<i>Caloplaca</i> sp.	+	+
<i>Carbonea</i>			
18	<i>Carbonea assentiens</i> (Nyl.)Hertel	+	-
19	<i>Carbonea vorticosa</i> (Flörke)Hertel	+	-
<i>Catillaria</i>			
20	<i>Catillaria contristans</i> (Nyl.)Zahlbr.	+	-
21	<i>Catillaria corymbosa</i> (Hue)I.M.Lamb	-	+
<i>Cetraria</i>			
22	<i>Cetraria aculeata</i> (Schreb.)Fr.	+	+
<i>Cladonia</i>			
23	<i>Cladonia borealis</i> S.Stenroos	+	+
24	<i>Cladonia cornuta</i> (L.)Hoffm.	-	+
25	<i>Cladonia chlorophaeae</i> (FlörkeexSommerf.)Spreng.	+	+
26	<i>Cladonia fimbriata</i> (L.)Fr.	-	+
27	<i>Cladonia furcata</i> (Huds.)Schard.	+	-
28	<i>Cladonia gracilis</i> (L.)Willd.	+	+
29	<i>Cladonia lepidophora</i> AhtiandKashiw.	+	+
30	<i>Cladonia novochlorophaeae</i> (Sipman)Ahti&Brodo	-	+
31	<i>Cladonia pleurota</i> (Flörke)Schaer.	+	+
32	<i>Cladonia pocillum</i> (Ach.)O.J.Rich.	-	+
33	<i>Cladonia pyxidata</i> (L.)Hoffm.	+	+
34	<i>Cladonia sarmentosa</i> (Hook.f.&Taylor)C.W.Dodge.	-	+
35	<i>Cladonia scabriuscula</i> (Delise)Leight.	+	+
36	<i>Cladonia squamosa</i> (Scop.)Hoffm.	-	+
37	<i>Cladonia subulata</i> (L.)F.H.Wigg.	-	+

38	<i>Cladonia cf weymouthii</i> F.Wilson ex A.W.Archer.	-	+
	<i>Cystocoleus</i>		
39	<i>Cystocoleus affebeneus</i> (Dillw.)Thwaites	+	-
	<i>Haematomma</i>		
40	<i>Haematomma erythromma</i> (Nyl.)Zahlbr.	-	+
	<i>Himantormia</i>		
41	<i>Himantormia lugubris</i> (Hue.)I.M.Lamb	-	+
	<i>Huea</i>		
42	<i>Huea cerussata</i> (Hue)C.W.Dodge and G.E.Baker	+	-
43	<i>Huea coralligera</i> (Hue)C.W.Dodge and G.E.Baker	+	+
	<i>Lecania</i>		
44	<i>Lecania brialmontii</i> (Vain.)Zahlbr.	+	-
45	<i>Lecania gerlachei</i> (Vain.)Darb.	+	-
	<i>Lecanora</i>		
46	<i>Lecanora epibryon</i> (Ach.)Ach.	-	+
47	<i>Lecanora parmelinoides</i> Lumbsch	+	-
48	<i>Lecanora physciella</i> (Darb.)Hertel	-	+
49	<i>Lecanora polytropa</i> (Hoffm.)Rabenh.	-	+
	<i>Lecidea</i>		
50	<i>Lecideacancriformis</i> C.W.Dodge and G.E.Baker	+	-
51	<i>Lecidealapicida</i> (Ach.)Ach.	-	+
	<i>Lecidella</i>		
52	<i>Lecidella carpathica</i> Körb.	+	-
	<i>Lepraria</i>		
53	<i>Lepraria borealis</i> Loht.&Tønsberg	-	+
	<i>Leptogium</i>		
54	<i>Leptogium puberulum</i> Hue	+	+
	<i>Massalongia</i>		
55	<i>Massalongia carnosa</i> (Dicks.)Körb.	+	+
	<i>Megaspore</i>		
56	<i>Megaspore verrucosa</i> (Ach.)Hafellner & V.Wirth	-	+
	<i>Ochrolechia</i>		
57	<i>Ochrolechia frigida</i> (Sw.)Lynge	+	+
58	<i>Ochrolechia parella</i> (L.)A.Massal.	-	+
	<i>Pannaria</i>		
59	<i>Pannaria austro-orcadensis</i> Øvstedral	+	-
60	<i>Pannaria hookeri</i> (Borrer ex Sm.)Nyl.	-	+
	<i>Parmelia</i>		
61	<i>Parmelia saxatilis</i> (L.)Ach.	+	+
	<i>Pertusaria</i>		
62	<i>Pertusaria excludens</i> Nyl.	+	+
63	<i>Pertusaria signyae</i> Øvstedral	-	+
	<i>Physcia</i>		
64	<i>Physcia caesia</i> (Hoffm.)Fürnr.	+	+
65	<i>Physcia dubia</i> (Hoffm.)Lettau	+	+
	<i>Physconia</i>		
66	<i>Physconia muscigena</i> (Ach.)Poelt	+	+
	<i>Psoroma</i>		
67	<i>Psoroma hypnorum</i> (Vahl)Gray	-	+
68	<i>Psoroma tenue</i> Henssen	-	+
	<i>Placopsis</i>		
69	<i>Placopsis contortuplicata</i> I.M.Lamb	-	+
	<i>Porpidia</i>		

70	<i>Porpidia austroshetlandica</i> Hertel. <i>Pseudephebe</i>	+	+
71	<i>Pseudephebe pubescens</i> (L.)M.Choisy <i>Ramalina</i>	+	+
72	<i>Ramalina terebrata</i> Hook.f.andTaylor <i>Rhizocarpon</i>	+	+
73	<i>Rhizocarpon geographicum</i> (L.)DC.	+	+
74	<i>Rhizocarpon nidificum</i> (Hue)Darb. <i>Rhizoplaca</i>	+	-
75	<i>Rhizoplaca aspidophora</i> (Vain.)Redón <i>Rinodina</i>	+	+
76	<i>Rinodina olivaceobrunnea</i> C.W.DodgeandG.E.Baker <i>Sphaerophorus</i>	+	-
77	<i>Sphaerophorus globosus</i> (Huds.)Vain. <i>Stereocaulon</i>	+	+
78	<i>Stereocaulon alpinum</i> Laurer <i>Tephromela</i>	+	+
79	<i>Tephromela atra</i> (Huds.)HafellnerexKalb <i>Tremolecia</i>	+	+
80	<i>Tremolecia atrata</i> (Ach.)Hertel <i>Turgidosculum</i>	+	+
81	<i>Turgidosculum complicatulum</i> (Nyl.)J.Kohlm.andE.Kohlm. <i>Umbilicaria</i>	+	+
82	<i>Umbilicaria antarctica</i> FreyandI.M.Lamb	+	+
83	<i>Umbilicaria decussata</i> (Vill.)Zahlbr. <i>Usnea</i>	+	+
84	<i>Usnea antarctica</i> DuRietz	+	+
85	<i>Usnea aurantiacoatra</i> (Jacq.)Bory <i>Verrucaria</i>	+	+
86	<i>Verrucaria microspora</i> Nyl.	-	+
87	<i>Verrucaria dispartita</i> Vain.	-	+
88	<i>Verrucaria psychrophila</i> Vain. <i>Xanthoria</i>	-	+
89	<i>Xanthoria candelaria</i> (L.)Th.Fr.	+	+
90	<i>Xanthoria elegans</i> (Link)Th.Fr.	+	+

1) Kim et al.(2006)

(2) *Cladonia gracilis* complex의 유연관계

*Cladonia*속은 킹조지섬 내의 가장 큰 다섯 개의 속을 비교했을 때 약 25%의 종다양성을 차지할 정도로 다양성이 풍부한 속이다(Øvstedral D.O. and Smith. R.I.L. 2001). 그러나 속 내의 형태적 변이가 크기 때문에 명확한 분류 동정이 어렵다(Stenroos et al, 2002). 본 연구에서는 *Cladonia* 속 중 변이가 심한 *Cladonia gracilis* complex를 대상으로 분류학적 위치를 명확히 하 고자 하였다. 본 complex에 속하면서 바톤반도에서 쉽게 채집되는 *Cladonia gracilis*와 *Cladonia cornuta* 그리고 형태적으로 비슷한 *Cladonia squamosa*를 대상으로 형태, 화학, 분자 분석을 통하여 계통관계를 확인하였다.

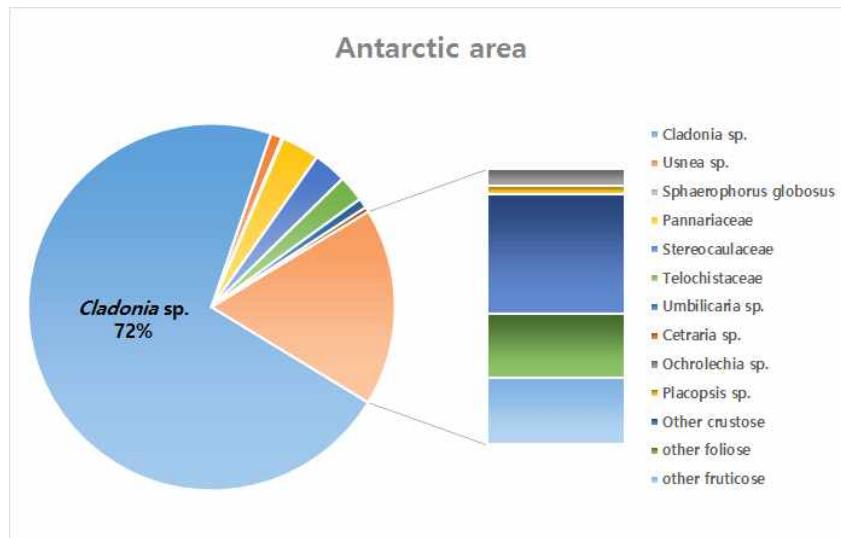


Figure 48. Lichen specimen from Antarctic area in this study.

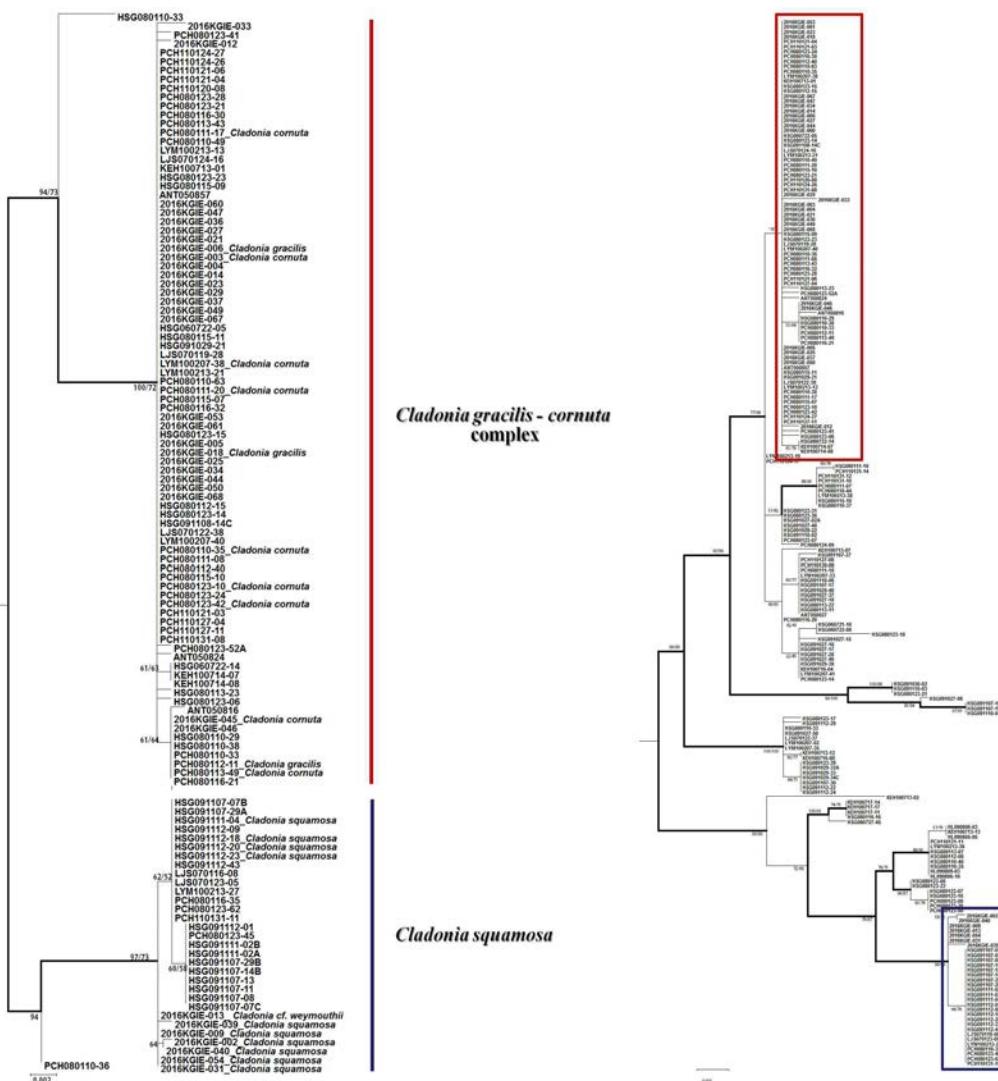


Figure 49. Multi-Locus(ITS, LSU, mtSSU)를 근거로 한 *Cladonia gracilis* complex의 유연관계

형태·화학 분석을 통한 종 동정 후 multi-locus(ITS, LSU, mtSSU) phylogeny tree와 종합하였다(그림 4). 계통수는 maximum parsimony tree를 기본으로 neighbor-joining tree와 maximum likelihood tree의 결과를 조합하였고, 모든 계통수에서 부트스트랩 값이 70 이상인 branch에 대하여 굵은 선으로 표시하였다. 그 결과 *Cladonia squamosa*는 표현형이나 염기서열 분석 결과에서 모두 뚜렷하게 다른 그룹을 형성하는 것을 확인할 수 있었으나 *Cladonia gracilis*와 *Cladonia cornuta*는 표현형 분석과 염기서열 분석 결과가 여러 부분에서 서로 일치하지 않았다.

(3) 극지가상표본관(KOPRI Virtual Herbarium) 등록

지의류 목록(표 1)에 나타낸 동정된 지의류를 분류정보와 생태정보, 현장사진과 함께 극지가상표본관(KOPRI Virtual Herbarium)에 등록하였다(Fig. 50). 향후 채집되는 표본들은 동정 및 표본라벨을 부착 등과 같은 일련의 과정을 거쳐 극지표본관(KOPRI Herbarium)에 수장 후, 극지가상표본관에 매년 추가 할 계획이다.

Herbarium List

No	Common taxon	Genus ▼▲	Specific ▼▲	Korean Name
KOPRI-LI00335	Lichen	Cladonia	Cladonia borealis	사슴지의 속
KOPRI-LI00334	Lichen	Cladonia	Cladonia borealis	사슴지의 속
KOPRI-LI00333	Lichen	Cladonia	Cladonia borealis	사슴지의 속
KOPRI-LI00332	Lichen	Cladonia	Cladonia pycnoclada	사슴지의 속
KOPRI-LI00331	Lichen	Cladonia	Cladonia acuminata	사슴지의 속
KOPRI-LI00330	Lichen	Cladonia	Cladonia furcata	사슴지의 속
KOPRI-LI00329	Lichen	Cladonia	Cladonia ericina mawsonii	사슴지의 속

Figure 50. Deposit of lichens in KOPRI Virtual Herbarium

(4) 극지역 지의류 현장 안내집 제작

현장연구의 편의성과 남극육상식생에 대한 정보공유 및 교육홍보를 위해 지의류 목록(Table 13)에 포함된 종들을 대상으로 남극 지의류 현장연구 안내 자료집(Antarctic lichen field guide)을 제작하였다(Fig. 51). 자료집에는 지의류의 형태와 생육환경, 분포, 채집지 등을 기록하고 있으며 생태사진과 표본사진을 함께 첨부하여 현장에서의 활용도를 높였다. 지의류 생리와 생태 연구뿐만 아니라 바톤반도 지역의 식생 장기 모니터링연구에 기초자료로 활용될 것으로 기대된다.

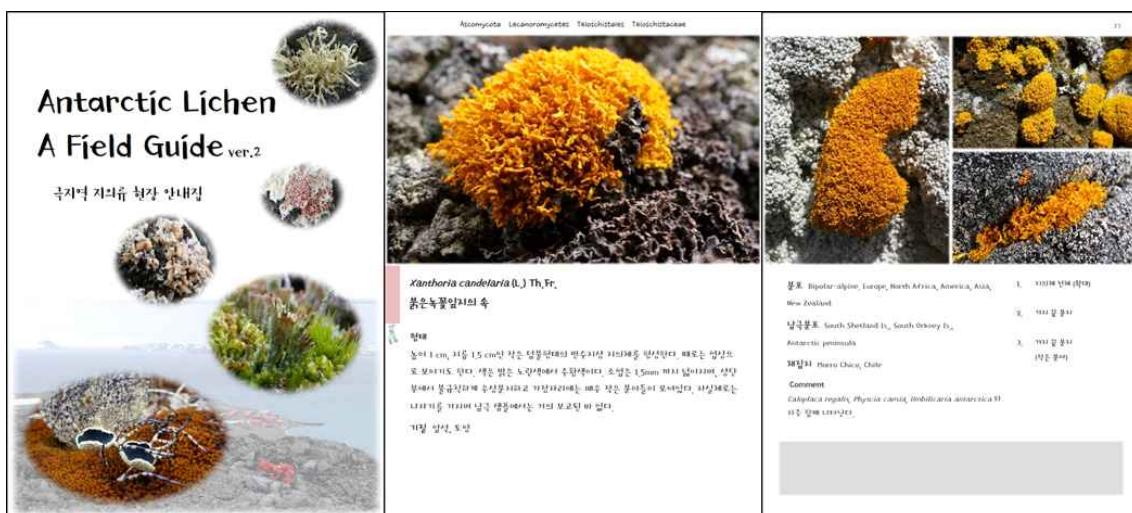


Figure 51. Field guide of Antarctic lichens

나. 선택식물

(1) 문헌조사

문헌조사를 통하여 밝혀진 바톤반도의 선택식물은 총 9과 12속 15종이 분포하는 것으로 나타났다(Ochyra et al., 2008).

(2) 표본관 조사

2015년 일본 극지연구소 표본관 방문연구 시 2006년 AFOPS의 일환으로 바톤반도에서 Yamaguchi 교수가 채집하여 히로시마 대학 표본관에 보관중인 바톤반도의 선택식물 표본과 그 목록을 확인할 수 있었다. 하지만 표본관이 해충의 피해를 입어 대부분의 표본이 손상되었고, 남아 있는 표본들도 증거표본으로서의 가치가 없어졌다고 판단되어 이번 목록에서 제외하였다.

(3) 현장조사

현장조사를 통하여 밝혀진 바톤반도의 선택식물은 총 10과 19속 25종 이다(Table 14, Fig. 52). 문헌조사, 국외 표본관 방문, 현장조사를 통하여 밝혀진 바톤반도의 선택식물은 10과 19속 28종으로 나타났다. 이는 킹조지섬에 분포한다고 알려진 65분류군(Ochyra et al., 2008; Ellis et al., 2012)의 약 48%에 해당하고 남극 전체에 분포하는 113종의 약 28%에 해당한다. 이들 중 8종은 남극과 북극에 모두 분포하는 양극종(Bipolar species)으로 나타났으며, 남극고유종(Antarctic endemic species)은 남극바위이끼(*Schistidium antarcticum*) 1종으로 나타났다.

Table 14. Species list of Bryophytes on Barton Peninsula based on literatures and field survey

No.	Species	Ochyra ¹⁾	This study
1) ANDREAEACEAE			
1	<i>Andreaea depressinervis</i> Cardot	-	+
2	<i>Andreaea gainii</i> Cardot	-	+
3	<i>Andreaea regularis</i> Müll. Hal.	+	+

2) POLYTRICHACEAE

4	<i>Notoligotrichum trichodon</i> (Hook. f. & Wilson) G.L. Sm.	-	+
5	<i>Polytrichastrum alpinum</i> (Hedw.) G.L. Sm.	-	+
6	<i>Polytrichum juniperinum</i> Hedw.	-	+

3) DITRICHACEAE

7	<i>Ditrichum hyalinocuspidatum</i> Cardot	+	+
8	<i>Ditrichum hyalinum</i> (Mitt.) Kuntze	+	-
9	<i>Ceratodon purpureus</i> (Hedw.) Brid.	+	+

4) DICRANACEAE

10	<i>Chorisodontium aciphyllum</i> (Hook. f. & Wilson) Broth.	+	+
----	---	---	---

5) SELIGERIACEAE

11	<i>Hymenoloma crispulum</i> (Hedw.) Ochyra	+	-
12	<i>Hymenoloma antarcticum</i> (Müll. Hal.) Ochyra	+	+

6) GRIMMIACEAE

13	<i>Schistidium antarctici</i> (Cardot) L. I. Savicz & Smirnova	+	+
14	<i>Bucklandiella sudetica</i> (Funck) Bednarek-Ochyra & Ochyra	-	+

7) POTTIACEAE

15	<i>Hennediella antarctica</i> (Ångström) Ochyra & Matteri	-	+
16	<i>Syntrichia saxicola</i> (Cardot) R. H. Zander	+	+
17	<i>Syntrichia filaris</i> (Müll. Hal.) R.H. Zander	+	+
18	<i>Syntrichia magellanica</i> (Mont.) R.H. Zander	-	+

8) BRYACEAE

19	<i>Pohlia drummondii</i> (Müll. Hal.) A. L. Andrews	-	+
20	<i>Pohlia cruda</i> (Hedw.) Lindb.	+	+
21	<i>Pohlia nutans</i> (Hedw.) Lindb.	+	+
22	<i>Bryum pseudotriquetrum</i> (Hedw.) P.Gaertn., B.Mey, & Scherb.	+	+
23	<i>Bryum pallescens</i> Schleich. ex Schwägr.	-	+

9) BARTRAMIACEAE

24	<i>Bartramia patens</i> Brid.	+	+
----	-------------------------------	---	---

10) AMBLYSTEGIACEAE

25	<i>Sanionia georgicounicinata</i> (Müll. Hal.) Ochyra & Hedenäs	+	-
26	<i>Sanionia uncinata</i> (Hedw.) Loeske	-	+
27	<i>Warnstorffia sarmentosa</i> (Wahlenb.) Hedenäs	-	+
28	<i>Warnstorffia fontinaliopsis</i> (Müll. Hal.) Ochyra	-	+

1) Ochyra (2008)

각 분류군들의 서식정보 및 주요 특징을 설명하고, 식물체 외형, 줄기잎(Stem leaf) 또는 포자체(Sporophyte)의 화상 자료를 포함하는 "Antarctic Moss a Field Guide" (극지역 이끼 현장 안내집)을 제작하였다(Fig. 53). 총 28종의 선택식물과 2종의 관속식물(남극좀새풀, 남극개미자리)의 정보를 수록하였다. 또한 채집된 선택식물 약 830점에 대한 채집정보, 분류정보, 지리적 정보, 화상정보 등을 극지가상표본관(KOPRI Virtual Herbarium)에 등록하였다(Fig. 54).

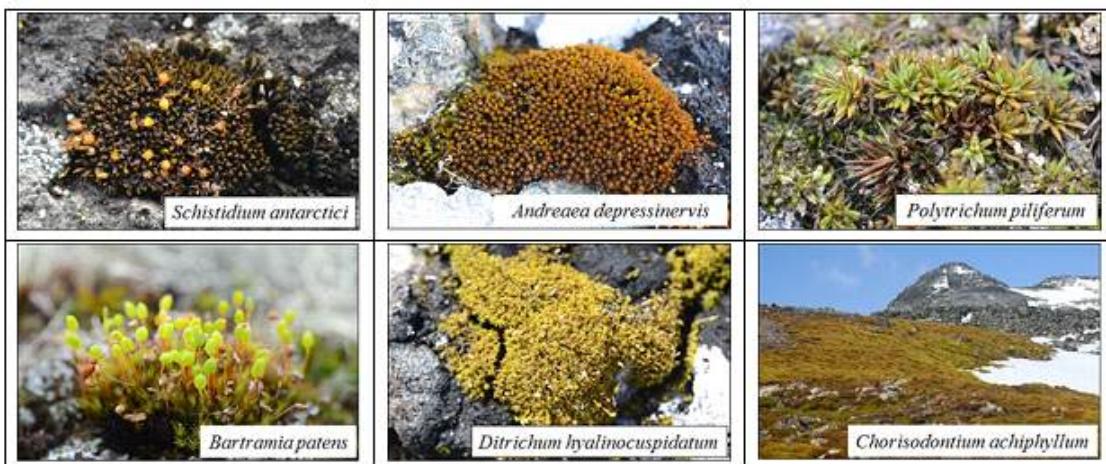


Figure 52. Major bryophyte species on Barton Peninsula



Figure 53. Field guide of mosses

Herbarium List				
ALL	Algae	Lichen	Moss	Plant
Locality Search <input type="button" value="▼"/>	--Select-- <input type="button" value="▼"/>		<input type="button" value="검색"/>	Total: 830건
No	Common taxon	Genus ▼▲	Specific ▼▲	Korean Name
KOPRI-MO00876	Moss	Andreaea	Andreaea regularis	
KOPRI-MO00875	Moss	Andreaea	Andreaea regularis	
KOPRI-MO00874	Moss	Bartramia	Bartramia patens	
KOPRI-MO00873	Moss	Bartramia	Bartramia patens	

Figure 54. Deposit of mosses on KOPRI Virtual Herbarium

향후 채집되는 표본들은 동정 및 표본라벨 부착 등과 같은 일련의 과정을 거쳐 극지표본관(KOPRI Herbarium)에 수장 후, 극지가상표본관에 매년 추가 할 계획이다.

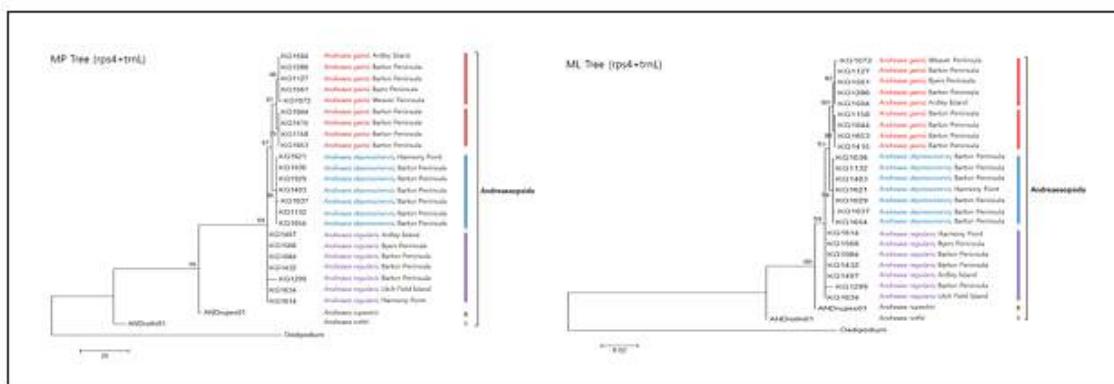


Figure 55. Phylogenetic relationships of *Andreaea* based on rps4 and trnL sequences

또한 계통지리학적 연구를 위하여 킹조지섬에서 채집한 검정이끼과 3종(*Andreaea regularis*, *Andreaea gainii*, *Andreaea depressinervis*)의 계통학적 유연관계를 분석 중에 있다(Fig. 55).

4. 결론 및 고찰

육상 식생에 대한 정확한 생물 다양성 자료는 계통진화 연구 뿐만 아니라 이들의 생리, 생태학적 연구와 장기생태계 변화연구에 필수적인 기초자료이다. 2014년부터 2016년까지 남극 킹조지섬을 중심으로 지의류와 선태식물의 종 다양성 파악과 이들의 계통 진화 연구를 수행하였다. 그 결과, 지의류 45속 90종(총 897점)과 선태식물 19속 28종(총 830점)을 확보하였으며 이를 바탕으로 지의류와 선태식물의 계통진화 및 식물다양성 분석을 진행 중에 있다. 특히 일부 지의류의 경우 기존의 분류체계에 활용된 형태 및 화학적 형질을 활용한 해석과 특정 유전자들의 염기서열을 활용한 해석이 상충되고 있어 기존 형질에 대한 검증과 분류체계의 재정립이 필요하다.

또한 기후변화에 대한 육상 식생의 생태, 생리, 분자생물학적 반응 연구를 위한 현장 조사 및 시료 채집시 현장연구자를 위하여 제작된 현장 안내 자료집(Antarctic lichen/moss field guide ver.1, 2)은 연구현장에서 유용하게 활용되고 있으며, 지속적인 추가 자료 확보를 통해 정기적으로 개정할 계획이다.

제 11 절. 극지 무척추동물의 군집 구조 및 진화

1. 서론

남극서식 무척추동물의 지리적 이동과 남극 정착과정을 규명하기 위해 남극 생물 3종, *Parochlus steinenii*, *Tigriopus kingsejongensis*, *Boeckella poppei*를 필데스 반도, 바톤 반도, 위버반도, 아델리섬, 디셉션섬, 칠레 나바리노섬 등을 포함하여 총 9지역에서 확보 하였다.

2. 재료 및 방법

*Boeckella poppei*는 바톤반도 호수 2군데, 위버반도, 디셉션섬에서 샘플 확보하였고 *Parochlus steinenii*는 4군데에서 샘플을 확보하였다. 유전자형에 관한 분석은 ARLEQUIN 3.5(Excoffier and Lischer, 2010) 또는 GENEPOP 4.2.1 (Raymond and Rousset, 1995; Rousset, 2008)을 이용하여 유전좌위별 이형접합도(heterozygosity)의 관찰값(HO)과 하디-베인 베르크 평형(HWE)상태에서의 예측값(HE)을 계산하였고 유전좌위 사이의 독립 여부를 판단하기 위해 연관비평형(LD) 검사를 실시하였다.

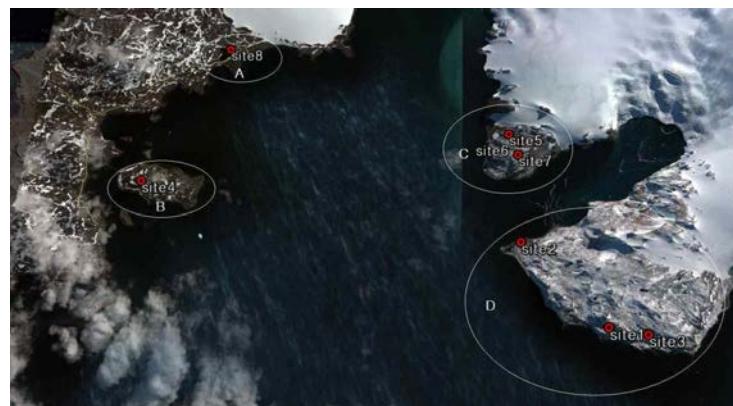


Figure 56. Sampling of *P. steinenii*

3. 결과

Parochlus steinenii, *Tigriopus kingsejongensis*, *Boeckella poppei* 게놈 정보에서 microsatellite 마커 개발을 완료하였으며 지역별, 대륙 간 분석을 통해 유전다양성과 진화 과정을 분석을 진행하였다. 분석 결과 육상 절지동물이 거의 없는 남극에 드물게 자연 서식하는 육상 곤충 *P. steinenii*는 바톤반도 주변에 상당히 오래전 정착하여 집단 크기도 일정하게 유지되어 온 것으로 보이고 빙하 호수에 서식하는 *Boeckella poppei*는 다른 2종에 비해 monomorphic이 많아 단일군집으로 고립되어 진화해 온 것이 확인되었다. 또한, 전사체 분석 연구 결과 purine은 housekeeping function을 하며 발생과 성장, 스트레스에 관여한다고 여겨질 뿐 정확한 유전자들의 기능은 밝혀져 있지 않은데 *B. poppei* 전사체 내에 대사경로 유전자들 중 많은 수인 38개 유전자들이 purine metabolism에 관여하는 것을 확인하였다.

Table 15. Microsatellite sequences of *Parochlus steinenii*

좌위	프라이머 서열 (5'-3') – Forward	프라이머 서열 (5'-3') – Reverse	반복단위
Par1_01	CGTCGTTCTTGTTGTTCA	TTTACTGATCACACCACTTGTGC	(TA) ¹⁰ N(GT) ²

Par1_02	GAAAGAAATCTGACTTGTGGGT	AAATTACAAACAGCAACAAATTGAG	(GT) ¹¹
Par1_03	TTTGTTCGCTTAGTGTGGTG	CCAATCCCTGCCCTTCTT	(TGG) ⁵
Par1_04	GGTTTCATGAAGTCAGAAGCAA	ACATTGAATAATTAGCTTAAATCGCA	(AAT) ⁹
Par1_05	TTAGTTCCGCCCATTAAG	TGTAGGTTAAGAGAGGGCAAGC	(GT) ⁷ N(TG) ¹⁰
Par1_06	CTTTCAACTAGAACCTACAGGGTGG	GGATTCACTAGTTGAAATTGGA	(ATT) ⁵
Par1_07	CGTTTGTAGAGTTGCTCCG	TTTCTTCACATGATCTCACATTG	(GT) ⁵ N(GT) ⁸
Par1_08	TCAACAATTCACTCCAAGCTC	TTTCAGTGAAGTTGTTCCG	(TAAT) ⁵
Par1_09	TAAGACACCCAAGACGCTCC	ATCTTGTGAGAAGTGAGGAAGAAA	(ATTT) ⁶
Par1_10	GCCTTATTAAAGAATTAGCAATCG	GTCATGATGGCCTGACCAA	(TTG) ⁶
Par1_11	TTGTTGGTTAGTGACAACGTCC	AAATTCA TAGATGGCTCGAATATC	(TTG) ⁶
Par1_12	TCAATTCTCATCGTCAACA	TTGATTATCAATTGGTGAGTGT	(CAA) ⁶
Par1_13	GCGCATCAGAACAGTCGAT	TTGAAAGTCATGCTGAACCG	(GATGAT) ⁶
Par1_14	CCTGATTGTGGTTGTAGGGC	TGATTATGTTCGGTTATTGGAAA	(TAAA) ⁵
Par1_15	GCTTGCTCTATAATAATTACGCAC	AACATGTCATGATAAACACCACCTACA	(TTA) ⁵
Par2_01	TTTCAAGTACTCCAGAACGTCA	GGCTGTCTTCTGGTTAGGG	(AC) ⁵ (AC) ⁶
Par2_02	TTTCTGACGTTGTGACG	TTTGTCTTGAATGCTCCTCA	(AC) ²¹
Par2_03	TCCCGCTACCTTCACCTTTA	AGAGAGTGATGAGCTTGACGAA	(CTT) ⁵ (CCT) ²
Par2_04	TTGTAATGTTCCATTCCCTCC	GCGAGTGCATTGACATGAG	(AAC) ⁵
Par2_05	TGAGTCCGCCATTAAAGA	CCAAAGTAACCAGATCAGCCA	(CTT) ⁸
Par2_06	GAGGTGGATTGTGGCATTC	TCATAGCCGGTATTATTATTG	(CAA) ⁸
Par2_07	ATTACGCTCGCAGCAGTTCT	TTTGTAAATGTCCTCGCTCCTTATT	(TTAT) ⁰
Par2_08	GTTTGGCATTGACACTGCAT	AGAACCGATTACCTGTCCG	(AACTTG) ¹²
Par2_09	TTTGTGTTGTCGACTATCGAGTG	AAATTGTCTTGGCGTCGTC	(CAA) ⁸
Par2_10	AATCGTCTACGGCGGAGC	CCCGCCTGATTGTAGAGTC	(TG) ¹¹
Par2_11	AACTAACCTGAATTGCTAACCA	GCGCTCAGTTGCCTCAGT	(TTG) ⁸
Par2_12	GTACCTCCTACGCCCTGTCCT	CGATTGCAATCGACCATAA	(TGCA)
Par2_13	AAATAAGATGGTGGAGGCGA	GTAAGAAATGTGTATCGGCGG	(AT) ⁹ N(TA) ³
Par2_14	AACTTCTGGTACGCCGGG	GGGATTCTGCATGATAATTG	(CAG) ⁴ (CAA) ⁵
Par2_15	TGGTGACATTGCTGGAGTTG	CCAACAATTGGCGATT	(TAGG) ⁵
Par3_01	TGAAATCTAGCAGGTAGGTTGTTG	CTGCACCCACTTGCATATAA	(ATT) ⁸
Par3_02	CGCCATTATCTGATTTCGG	TTTCAATTGAGGAATTTCATAACG	(ATAA) ⁶
Par3_03	GGAGAAAGTGAGTATTCGAGG	CTGTTGAGTGGTGAAGCTTGT	(CAG) ⁴ (CAA) ⁸
Par3_04	TCAATCTTATAGCTAACCTGCAT	GACCCGAAAGTATTCTGCCT	(AT) ¹²
Par3_05	CAGTGTCTGAAGCCACCAAGAT	CGCTATATGTTCTCACTTGTCC	(GACG) ⁹
Par3_06	TCTGAGTTAATGGAACGCAAAT	GTTAGACAAGCTTACGGACATGA	(TA) ¹⁷
Par3_07	CAACACCAAATCTCCTTGC	TGCAAATGAATGGCAGAAAG	(CTT) ⁷
Par3_08	AACCAACCGATTAAGCCACA	TCCCAATTGGTATCCTGATT	(CAA) ³ N(CAA) ³ (CA G) ⁵
Par3_09	TTGCGTGAATATCTAAGCCAGA	ATGGCATAGATCTAGATAATCCTGG	(TTA) ⁹
Par3_10	ACCGTTGAGGATAAAAGGAAGA	TTATCCGCTTGCAATACG	(TTA) ⁶
Par3_11	AAATAAAATACAGTATCAAGCAGGCA	AGCCCGCCAAGTACTCATT	(GTT) ⁶
Par3_12	AGACGCAAATGCTGTGAAAGT	ATCTCACGCCATCACACTGA	(TTC) ⁶
Par3_13	GGAAATAGGAGTAGTGCAGTTGG	TCATCTGATCTGGTCAAGGAA	(TAA) ⁶

Par3_14	TTCCACATATTCAAATAAATGC	ACCTCCTACACCTCCTGCAA	(ATC)5
Par3_15	TTTGGCTGATAGCGAAATCT	TTTGCATTCAACATCGACAG	(ATAA)7
Par1_16	GGTTCACCGCACTAACACT	GGCGGGAGCCTAAATTGTA	(CT)17
Par1_17	AACCAACAATTGCTGCTCA	TTGCAATTGCGAAATCGAG	(CA)14
Par1_18	TCTCGTGGTCGTTCTTCTT	GACAAGTGGTGGCTCGAAA	(TCT)9
Par2_16	GGCCGTTGTATGACGAAAGT	TTCATTCCTTAATCTTGAACCA	(AAG)10
Par2_17	CTTATTGCCAGCAGTGGTCA	GTCCCGTTGGAATGAAGGA	(GTT)7
Par2_18	AGTCCTTGAGTTCAACACGATT	TCAGTTAGGTTACATGTTCAATT C	(TTC)7
Par3_16	CAGCCTTCAGTGTCTAGTATT	ATTGCTTCAGGCTGCTCT	(TTA)7
Par3_17	AGCTCAATAACCTGCAATCACC	TGGACAAACTTATTGATTATTGCT	(GTT)7
Par3_18	AAACTATGTAATAATGCCAAACTGC	GAGAGGCTTACAAACTGTTCA	(AAT)9

Table 16. Microsatellite sequences of *Tigriopus kingsejongensis*

좌위	프라이머 서열 (5'-3') - Forward	프라이머 서열 (5'-3') - Reverse	반복단위
Tigking1_01	ATGCCGTTGCAAATGTGTAG	GTCCTCCATGTAGTCGCGTT	(AAAC) ¹³
Tigking1_02	CACGAAGGGACATTTACAA	TAGAGGAGCCAAACCATCAC	(AAO) ¹²
Tigking1_04	CGGCTACTTCCAGTCATCAA	CTTGTTCAGGCTCATTGGAT	(ACAT) ¹²
Tigking1_07	TTCGCCATTATGGATTGGT	TGGAACCGGAAGGGATGTTA	(AAGCC) ¹²
Tigking1_08	CAAGCAGATCGTCTCGTCA	CCTACAGCCCGAGTATCGTC	(ACTGAG) ¹²
Tigking1_09	CGGTAGGTTGTGTTCTGGCT	ACTGATTGCCCATGATCTC	(TTCTGC) ⁶ N(TCAGTC) ¹⁰
Tigking1_12	TGCCAGGAACATTGGTATCTT	ACCTTCCCGATACTCGATTG	(ACAG) ¹¹
Tigking1_14	CCCTCATGAGTGGAGTTGTCA	AGCCGAACCTTGCTGAATTG	(AAG) ¹³
Tigking1_15	GTGGACCTGTACCTTGACC	CTGATTAGGCCGGTTAAC	(AGG) ¹¹
Tigking1_18	TGCAGATCCAAAGCTGAG	AGCAAATGGTCGTCAACACA	(ATCC) ¹¹
Tigking2_01	TTATGCCGTTGCAAATGTGT	CAACAGTCGAGTCTGGGTCA	(AAAC) ¹³
Tigking2_04	GTTGGCGAAGTTCTGCCTT	TGAACCGTCTGTGGATGG	(ACT) ¹⁴
Tigking2_08	GGCAGCTATTAACCTGCACC	GCTGTTCTGTTGCTCTCCC	(AAC) ¹¹
Tigking2_09	TCGGGTATATGCTCTTGGG	CTTGACCATCGCAAGGAAT	(ATCC) ¹⁵
Tigking2_14	CTCAGACTCCAATGAAGCCC	GGATTGTCACAAAGGCGAAT	(AGG) ¹³
Tigking2_15	GGGCCTCCAAACAATCAAT	AGTTGGATTACCGCAATGGG	(AAAC) ¹⁶
Tigking3_01	CTTCGGGACCTTCTAAAGCC	TCACAGAAACATGTGTTCCA	(ATCC) ¹¹
Tigking3_05	CCAGTGGTCGCCATTCTC	CATGGGTGGTTGATGTTGAC	(AAC) ¹⁴
Tigking3_12	CTTGAGTGCATTCTTCTATCCG	CAAGAAAATCGGACTGGGTC	(ACT) ⁵ N(ACT) ⁸
Tigking3_14	AGCCAGCGTGACGGACTT	CTGGCCAGGCTAAAGCTAAA	(AAAGCT) ¹⁹

Table 17. Microsatellite sequences of *Boeckella poppei*

좌위	프라이머 서열 (5'-3') - Forward	프라이머 서열 (5'-3') - Reverse	반복단위
Bockpo1_01	GTCATTCCTTCCCACATTG	AAAGAAATACATGGATGCGTGC	(CATT) ² (CATT) ⁴
Bockpo1_05	CAGGGTAAACTTCCAGCATTTC	TAAGGCCAGTCCCACGTGTA	(AC) ¹⁰
Bockpo1_07	GTTCCTCCGACGTTGCCT	TTACGAAGGAGCGTTGTCAC	(TA) ¹²
Bockpo1_08	CATTAAATGCCGTTCCG	ACAAGCCGGACTGAGTCTTC	(TA) ¹²

Bockpo1_09	CAGCACCATGGACTCTTACC	GCACGAAGTACATTGAGTTGAG	$\text{^5(AACTC)}^3\text{N(AACTC)}$
Bockpo1_11	ATCATAGGATTCAATTATAGACTTTGGT	CCTCAACGCTAGCAGCTATAA	(TA) ¹²
Bockpo1_13	TCCCATCACAAATAATTCACTCTG	ACGTAATGGCCCTGGGTACT	(TA) ¹²
Bockpo1_14	ACAGCAGATTAACAGTGAAATTATAGA	TCACATTTAGCTTAGGACTGGG	(TA) ¹²
Bockpo1_15	TCAAACAAACCTTCCTTCG	ATTCACCTGTGGAAATGGGA	(TA) ¹²
Bockpo1_16	TGCATTTATGTATTCCAAGACCC	TGTGAGAGTTGTGTACGGACAGT	(GTACT) ⁵
Bockpo2_01	GCACCGTAGGATGACGATT	CAAAGAGCTACATAAATTGTTGGATG	(TATAT) ⁵
Bockpo2_02	TTGATAAACTGAGGAAATTATTAGG	TGTTCACAGGGCTAGTCAA	(TA) ¹²
Bockpo2_03	AAAGTGCCTGGCAGTCAG	TATACTCCTCGCCATCCTGG	(AT) ¹²
Bockpo2_04	AATCACCAACTGGCCAAATC	GAGAGCGAGGAGGTGGAAC	$\text{(AATC)}^2\text{N(AATC)}^5$
Bockpo2_05	GAGAATAGATGGCAGGCCAG	AAGCTCCCAGTAAGTTGCCA	(GT) ¹²
Bockpo2_09	GGTACACTTGGAGCCAAATC	AGCCACATAAACACGCACAC	(AT) ³ (AC) ⁵ (AT) ³
Bockpo2_11	CTCCAGATAATGTGGCAGCA	CAGGACCTGAGCAGCGAC	(AC) ³ (AT) ¹³
Bockpo2_12	AATTAAACGGTTGCATTCGC	AGTCCGACTGACCACCTCAG	(GT) ¹⁰
Bockpo2_13	GGAGGAGTAAAGAGAATGAACCC	ACCCTTCACCTTCGAGGTT	(AT) ³ (TA) ⁵ (AT) ³
Bockpo3_07	CATCCTCCTCTTCGACATGG	TTCTGTTGACGGCGAGGTA	(TG) ¹¹
Bockpo3_14	TGGAATTCATCATAATCCTAAGTGT	AAGTCACCTAAATAAACAGTCGCA	(TA) ⁵ N(TA) ⁹

Table 18. Genome sequences of *Boeckella poppei*, an Antarctic freshwater copepoda

Samples	Adults	Eggs	Copepodites
Reads after trim (n)	11,391,641	33,321,659	20,927,739
Avg. length after trim (bp)	182	69	69
Sequences(bp)	2,077,835,318	2,295,862,305	1,448,199,539

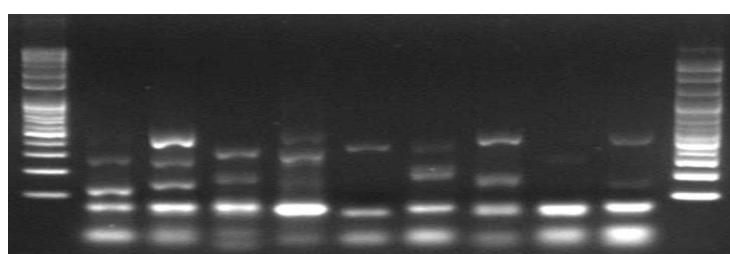


Figure 57. Amplification of microsatellites from *T. kingsejongensis*

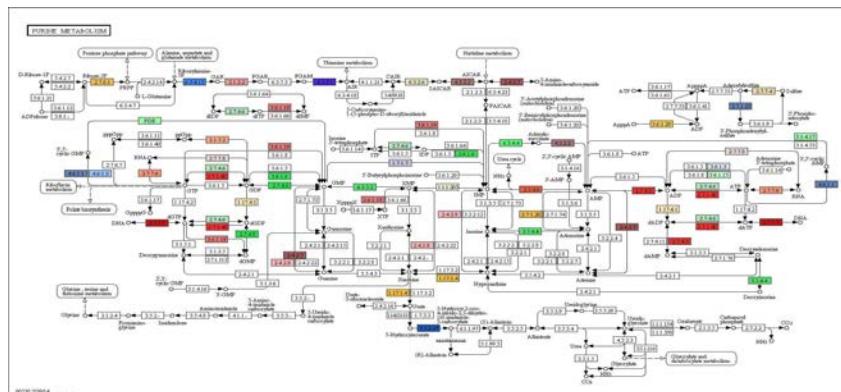


Figure 58. 38 genes involved in purine metabolism in *Boeckella poppei*, searched by KEGG analysis

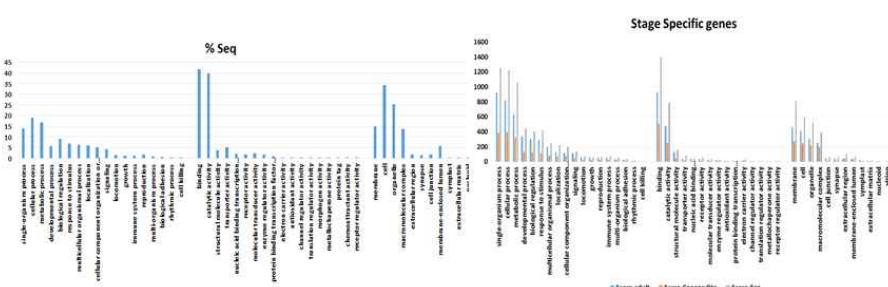


Figure 59. GO analysis (left) and development-specific genes (right)

4. 고찰

*Boeckella poppei*의 경우 다른 2종과 달리 monomorphic이 많아서 지리적으로 면 서식지에서 군집 표본을 확보하거나 근연종들을 대상으로 추가 분석이 필요하다고 판단되어 polymorphic한 microsatellite를 선별하기 위해 칠레 남단에 서식한다고 알려져 있는 *Boeckella brasiliensis*와 *B. michaelensi*를 확보하였으며 전사체 분석 완료하였다. 전사체 분석을 통해 남극 빙하 밑에서 생존할 수 있도록 생리활성, 저온적응 등에 관여하는 유전자들을 통해 적응진화 과정을 밝히고 남극 대륙에 서식하는 담수 생물의 지리학적 분기 연구를 위해 군집 분석과 계통 진화 연구에 유용한 마커 microsatellite를 개발, 분석 중이며 바톤반도 인근 지역 군집들과 칠레 서식 근연종 간의 진화계통 관계에 적용하고자 한다.

제 12 절. 세종기지 주변 해양환경의 환경변화 및 생물다양성 연구

1. 서론

기지 주변 해양 생물들의 종 다양성과 생태계 역할을 파악하고자 6개 정점을 대상으로 잠수조사를 진행하였다.

2. 재료 및 방법

가. 연구 지역

바톤 반도 주변의 6지점을 조사지역으로 선정하고 Diving을 진행하였다.

나. 연구 방법

모든 조사는 저온수 잠수 (cold-water diving)활동을 통해 수행되었고 조사 깊이는 3m에서 50m 깊이에서 2인 1조, 1회 20분 이내로 한정하여 진행하였다. 사진 촬영은 각각의 수중환경을 촬영하였으며 촬영장비는 Nikon D800 nauticam Housings을 이용하였다.

Table 19. 조사정점의 GPS, 일정과 주요 조사 내용

날짜	장소	조사수심	주요 조사내용
2016-01-08	세종기지 선착장 앞 (북서방향)	10~38m	1. Test Diving & Check 2. 25~30m 수심의 멍게류, 불가사리류 채집 및 사진촬영 3. 멍게류 약 6종 확인
2016-01-13	세종기지 선착장 앞 (북서방향)	10~40m	1. 수심 25~40m에서 주로 조사 2. 암석 밑의 멍게류, 옆새우류 채집 및 사진촬영 3. 해삼류, 멍게류, 거미불가사리류 약 15종 확인
2016-01-14	돌섬 북쪽	5~43m	1. 수심 30m 내외에서 주로 조사 2. 말미잘류, 갯지렁이류, 해삼류 등 채집 및 사진촬영 3. 말미잘류와 성게류 3종 추가 확인
	우루과이기지 앞	3~10m	1. 수심 3~10m 내외에서 주로 조사 2. 산호류, 해면류, 광삼류 등 채집 및 사진촬영 3. 연산호류와 광삼류 6종 추가 확인
2016-01-15	세종기지 선착장 앞 (북서방향)	15~40m	1. 수심 30m에서 주로 조사 2. 갯지렁이, 불가사리, 유줄동물에 대하여 집중촬영 및 표본확보 3. 불가사리 약 6종 촬영
2016-01-18	세종기지 선착장 앞 (북쪽 직선 방향)	20~45m	1. 수심 35~40m에서 주로 조사 2. 염통성게류, 회초리산호류, 문어다리불가사리류 채집 및 사진촬영 3. 회초리산호를 포함한 8종 추가 확보
2016-01-19	펭귄마을 촛대바위	15~48m	1. 수심 25~45m에서 주로 조사 2. 회초리산호, 부채산호류 등 산호류 집중 촬영 및 채집 3. 관극성게류 1종, 산호류 약 5종 추가 확보 4. 수중 생태모습 동영상 촬영

	포터코브 외곽	15~45m	<ol style="list-style-type: none"> 1. 수심 25~45m에서 주로 조사 2. 대형 멍게류, 바다거미, 부채산호, 이끼벌레 등 다양한 무척추동물 채집 및 사진 촬영 3. 태형동물 약 4종 표본확보 4. 수중 생태모습 동영상 촬영
2016-01-20	아들리섬	3~20m	<ol style="list-style-type: none"> 1. 수심 15m 내외에서 주로 조사 2. 연산호류 및 완족동물 채집 및 촬영 3. <i>Xenia</i> 속의 연산호 1종 채집
2016-01-29	펭귄마을 촛대바위	15~50m	<ol style="list-style-type: none"> 1. 수심 30~45m에서 주로 조사 2. 산호류 집중 촬영 및 채집 3. 멍게 부착기 틈에 서식하는 무척추동물 추가 확보 4. 산호군락지 동영상 촬영

3. 결과

조사를 통해 각 지점의 수중 지형과 깊이별 해양생물 분포도를 모식도를 완성하였으며 생물들을 채집하여 표본용과 영상자료를 확보하였다. 현장조사에서 확보된 사진 자료를 분석한 결과 총 9목, 46과 82종이 확인되었으며 분류군별로 보면 phylum Porifera(해면동물 문) 12종, phylum Cnidaria(자포동물 문) 11종, phylum Ectoprocta(외항동물 문) 5종, phylum Mollusca(연체동물 문) 10종, phylum Annelida(환형동물 문) 8종, phylum Atrhropoda (절지동물 문) 7종, phylum Echinodermata (극피동물 문) 12종, phylum Chordata(class Ascidiacea) 척삭동물 문 해초류 11종, 기타 분류군 6종 등으로 구성되어 있으며 지역별 관찰 결과로는 6개 조사정점 중에서 펭귄마을 촛대바위 정점에서 가장 다양한 무척추동물이 출현하였고, 서식처 구조도 다양하였으며, 특히 산호 군락지가 발달해 있었다.

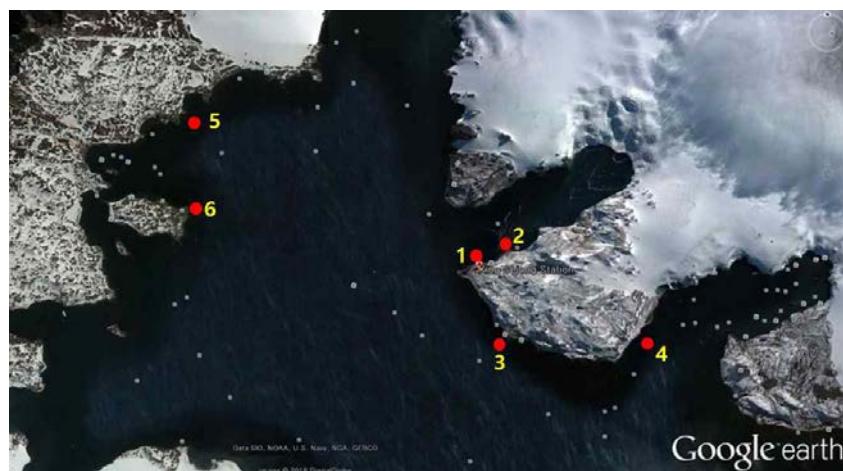


Figure 60. 남극세종기지 수중 잠수조사 6정점



Figure 61. 펭귄마을 촛대바위(정점3)의 수중 서식지 유형 모식도

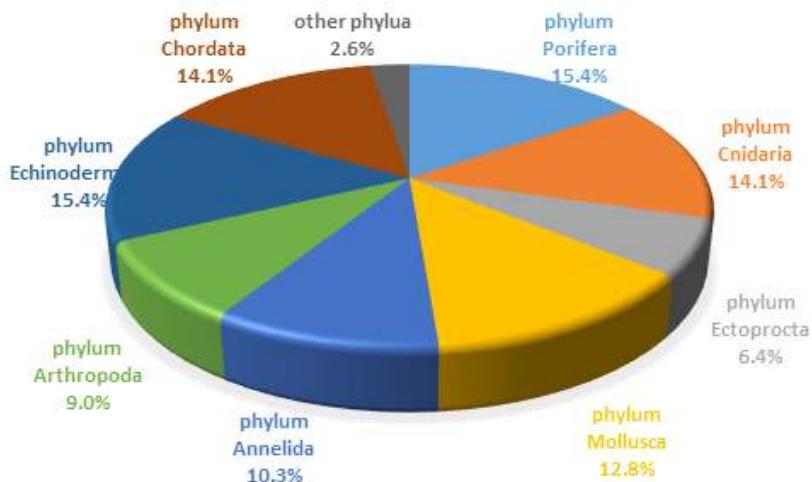


Figure 62. 세종 기지 주변 출현종의 분류군별 종조성비

4. 고찰

일반적으로 온대해역에서 나타나는 종조성비와 차이가 나는 것을 확인, 일반적으로 온대 및 냉온대 해역에서 Mollusca, Arthropoda, Cnidaria 등의 종조성비가 높은 반면, 남극 Maxwell만 주변의 조하대에서는 Echinodermata, Ascidacea, Cnidaria에서 비교적 구성비가 높게 나타났고, 정량적으로도 이들 분류군들이 우점하는 양상을 보이는 것을 확인하였다.

제 13 절. 해조류의 다양성 및 계통진화

1. 서론

홍조 비단풀목(Ceramiales)은 전세계 조간대 및 조하대에 널리 분포하고 형태적으로도 다양하게 분화하였고, 남극에도 16속 22여종이 보고되어 있다. 특히 남극 고유종인 비단풀과 *Antarcticothamnion*속은 자성생식기관의 구조가 깃복슬털과(Wangeliaceae)의 특징과 일치하나, 주축 정당세포가 사면분열하여 호생하여 형성되는 1차 가지는 유한생장지로 남고, 1차 가지를 대생하며 2차적으로 형성되는 가지가 무한생장지로 발달하는 특징에서 비단풀과의 참깃풀 속(Antithamnion) 계열과 유사하다. 이러한 특징에 기초하여 이 속은 Antarcticothamnieae족으로 분리되어 분류하여 왔다(Moe and Silva, 1979). 본 연구에서는 깃복슬털과의 분자계통 분석을 통해 *Antarcticothamnion*속의 계통학적 유연관계와 형태형질의 진화과정을 추론하고자 하였다.

극지역의 갈조류는 길이 10m이상의 산말류와 같은 대형갈조에서부터 1-2cm 정도의 크기의 사상체 형태로 크기가 다양하고 전체 해조류의 상당량을 차지하며, 30~60여종의 갈조류가 북극 Svalbard의 다산기지와 남극 세종기지 주변에 보고되어 있다.(Hansen and Jenneborg, 1996; Wiencke and Clayton, 2002; Kim *et al.*, 2003), 하지만 남극 해조류의 대부분을 차지하고 있는 갈조류의 분자계통학적 연구가 미흡한 상태로, 분자계통학적 유연관계를 검토하고, 진화 속도를 추정하고자 하였다.

2. 재료 및 방법

1) 홍조 비단풀목

남극 킹조지섬과 칠레 Punta Arenas, Navarino Island 등에서 생육하는 비단풀목에 포함되는 종들을 대상으로 핵의 SSU rDNA와 엽록체 *rbcL* 염기서열을 근거로 하여 계통학적 유연관계를 검토하였다.

2) 갈조류

남극 킹조지섬 주변의 갈조류 및 북극 Svalbard 지역에 생육하는 갈조류를 대상으로 미토콘드리아 *cox1*과 *cox3*, 엽록체 *rbcL*과 *psaA* 염기서열을 근거로 하여 계통학적 유연관계를 검토하였다.

3. 결과

1) 홍조 비단풀목의 계통진화 분석

Antarcticothamnion polysporum Moe et Sliva (1979)는 남극 연안의 고유종으로 정단세포의 분열 유형, 아-정단부에 형성되는 자성생식기관의 특징을 기초하여 신속, 신종으로 기재되었다. 당시 이 종을 기준으로 Antarcticothamnieae족을 설정하고, 비단풀과 전체의 계통을 논의하며 당시까지 제안된 비단풀과 16개 족에 대한 계통을 방사진화로 설명하며 Antarcticothamnieae 족은 Callithamnieae, Compsothamnieae, Dohrnialleae, Spyridieae족과 연관되어 있다고 주장하였다. 이 연구에서는 남극 King George 섬 암반 해안의 20~25 m 수심의 조하대에서 채집한 *A. polysporum*과 한국 제주, 완도, 여수 등에서 채집한 *Pleonosporium segawae*와 *P. tohyamanum*을

대상으로 SSU rDNA와 *rbcL* 염기서열을 새로이 결정하고 분자계통학적 유연관계를 분석하였다. 분석결과 *A. polysporum*은 *Compsothamnion*, *Dasythamniella*속 식물과 강력한 단계통을 형성하였다. 따라서 *A. polysporum*을 기초로 설립된 Antarcticothamnieae족의 독립성은 인정되지 않았으며, 기존의 Compsothamnieae족에 포함시키는 것이 타당한 것으로 확인되었다(Fig. 63, Fig. 64).

비단풀목의 보라잎과(Delesseriaceae)에 속하는 *Delesseria lancifolia* (Hooker f.) J. Agardh [=*Paraglossum lancifolium* (J. Agardh) J. agardh]와 *D. salicifolia* Reinsch [=*P. lancifolia* (Reinsch) S.-M. Lin, Fredericq & Hommersand]는 SSU rDNA 자료에 근거한 계통학적 유연관계에 의해 보라잎과로부터 Sarcomeniaceae로 이동되어야 함을 확인하였다(Fig. 64).

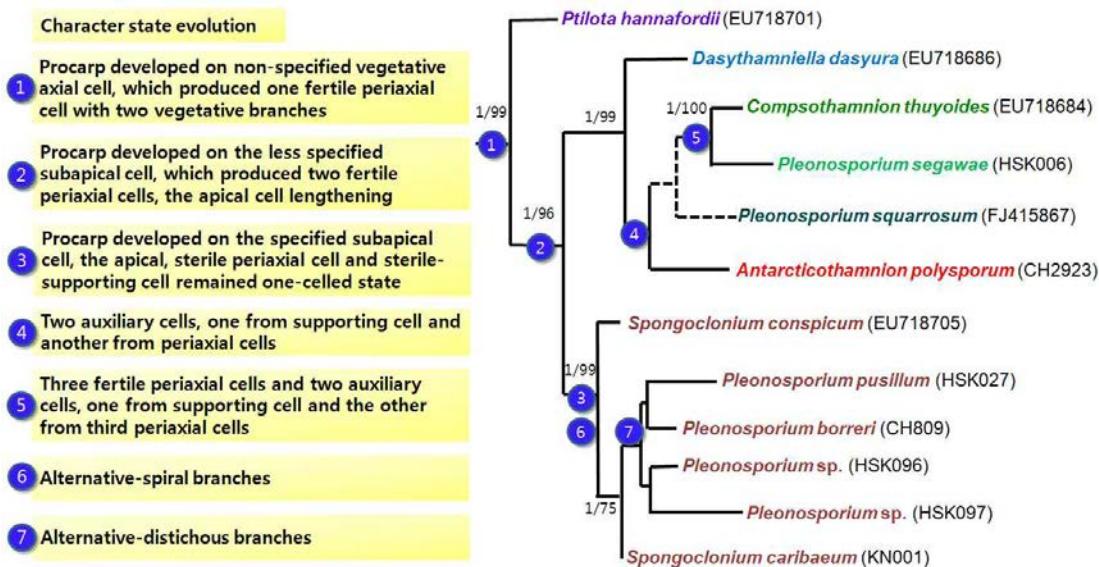


Figure 63. Compsothamnieae 족에 포함되는 종들의 형태 진화 추정

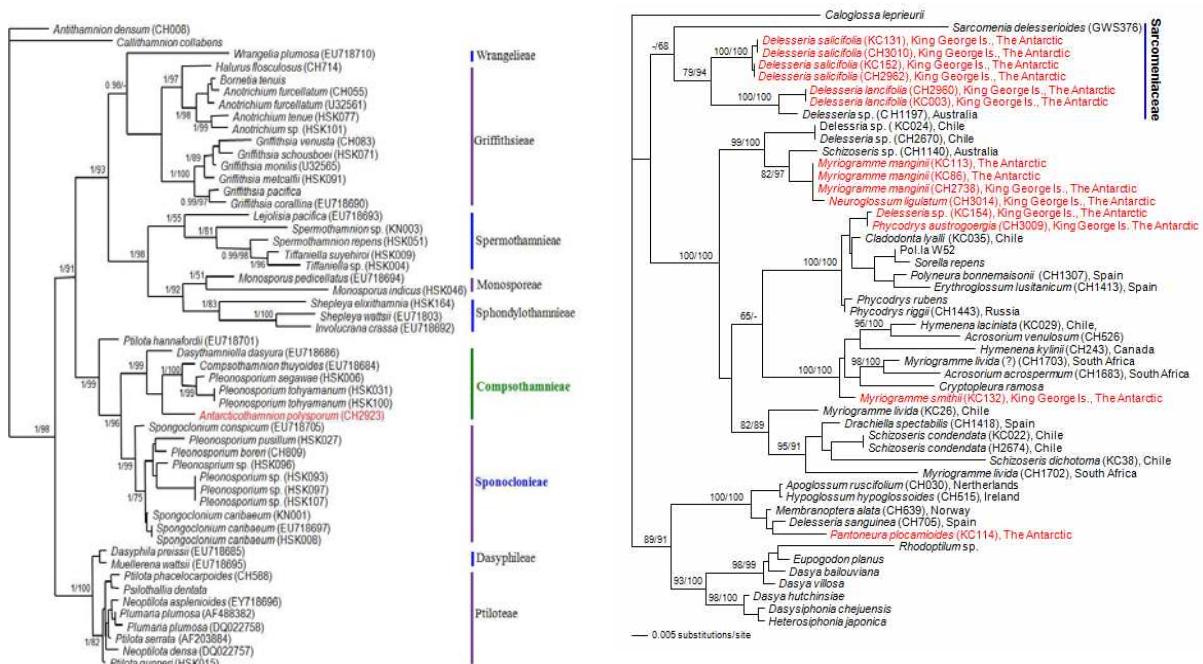


Figure 64. 핵 SSU 염기서열은 근거로 한 비단풀과와 보라잎과의 계통학적 유연관계

2) 갈조류의 분자진화학적 분석

102종 갈조류의 9종류 단백질 코딩 데이터를 PartitionFinder로 최적의 파티션을 추정하고 Raxml 프로그램을 이용, ML (Maximum Likelihood) 계통수와 bootstrap 확률을 추정하였다. ML 계통수와 bootstrap 확률에 의해 Ishigeales 속의 계통학적 위치가 갈조류의 가장 바깥쪽에 위치함을 확인하였고, Fucales, Tilopteridales, Laminariales, Ectocarpales목이 단계통이라는 것을 높은 bootstrap 확률로지지 하였다. Synonymous, nonsynonymous 진화속도의 추정 및 자연선택 파라미터 ω 의 추정하였다.

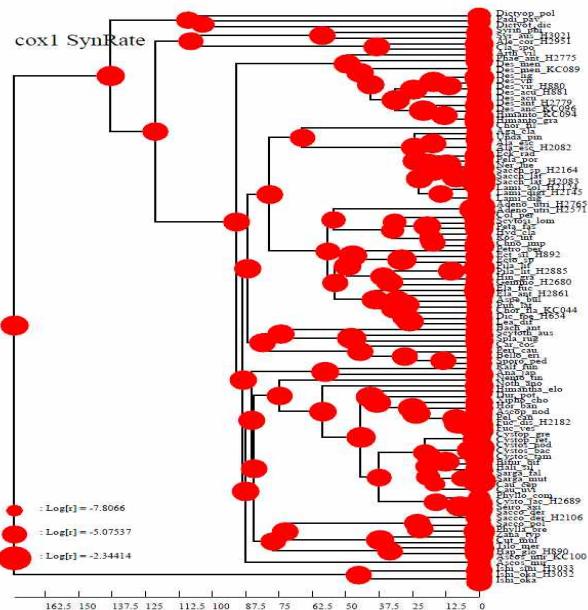


Figure 65. COX1의 synonymous 진화 속도

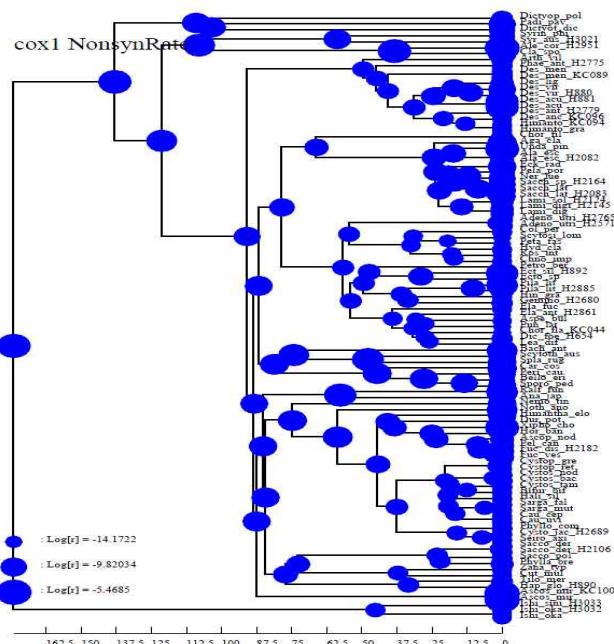


Figure 66. COX1의 nonsynonymous 진화속도

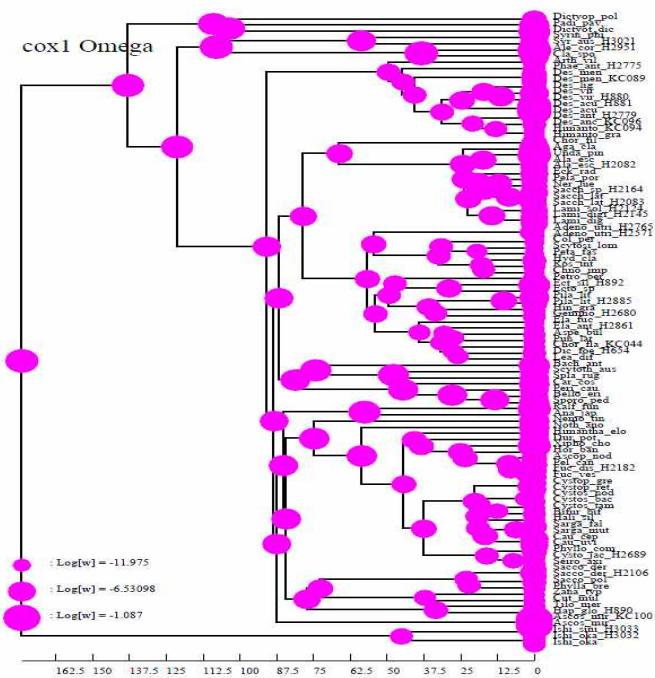


Figure 67. COX1의 ω 값

제 14 절. 원생생물의 다양성 및 계통진화

1. 서론

원생생물은 단세포 진핵생물로 구성되어진 Kingdom(계)에 해당되며 원핵생물과는 달리 핵막을 가지고 있는 진핵생물이다. 원생생물은 크게 7개의 문으로 나뉘고 수중에서 자유유영 생활을 하는 분류군은 편모류와 섬모류가 주류를 이루고 어류, 이매패류 등에 기생하는 분류군이 5개의 문을 구성하고 있다.

2. 재료 및 방법

채집된 원생생물 시료는 유리 파이펫을 이용하여 각각 1개체 총 3개의 개체에서 DNA를 추출하여 -20도에 보관되고 있다. 주로 18S ribosomal RNA 부위의 유전자를 증폭하여 계통 확인을 진행하며 증폭된 유전자를 이용해 베이시안과 Phymil 프로그램을 이용하여 각각의 계통도를 얻어 유연관계를 확인을 진행한다.

3. 결과

가. 원생생물의 계통분석

원생생물의 계통분석을 위해 핵 유전자 18S ribosomal RNA, co1 등 유전정보를 확보하고 이들 2강, 4목, 8과, 18속, 20종의 계통유연관계 확인하였다. Spirotrichea 강에 속하는 섬모충들이 많이 존재함을 확인하였고 지속적인 연구를 통해 다른 Class에 속하는 섬모충류들을 추가한다면 바톤반도에 서식하는 섬모충류의 계통도를 얻을 수 있을 것으로 기대된다.

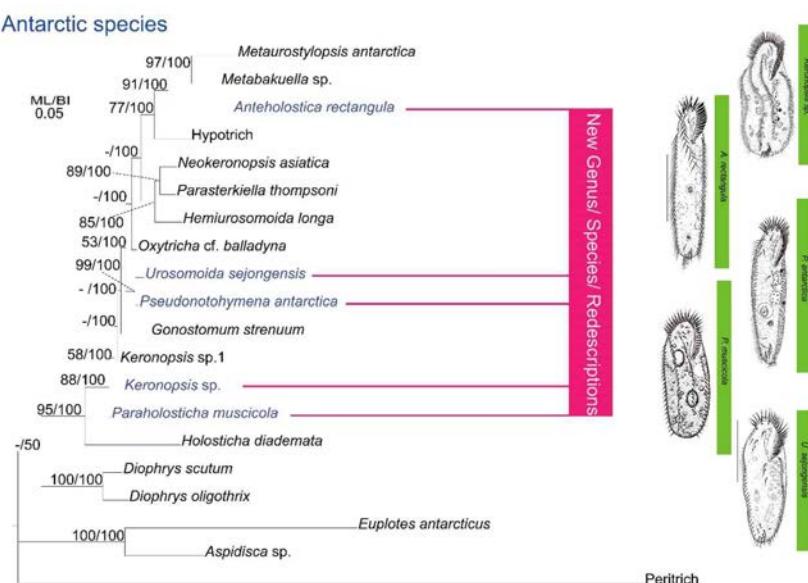


Figure 68. 남극에서 발견된 섬모충 20종에 대한 계통도

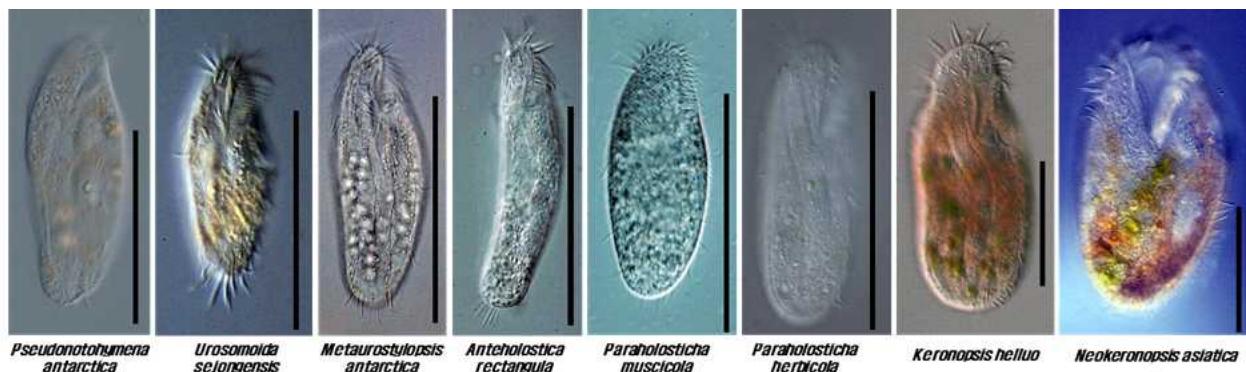


Figure 69. 남극에서 섬모충류 신속 1, 신종 3종, 재기재종 4종을 발굴하여 학계에 첫 보고

Table 20. 계통 분석에 사용된 종들의 채집지 및 채집일

	종명	채집지	GPS	채집일
1	<i>Holosticha diademata</i>	남극 세종기지 주변 해양	62°14'13.74"S, 58°46'34.51"W	2010-01-21
2	<i>Euplates antarcticus</i>	남극 세종기지 주변 해양	62°14'13.74"S, 58°46'34.51"W	2012-01-17
3	<i>Aspidisca</i> sp.	남극 세종기지 주변 해양	62°14'13.74"S, 58°46'34.51"W	2011-01-26
4	<i>Metabakuelia</i> sp.	남극 세종기지 주변 담수	62°14'15.27"S, 58°45'45.81"W	2012-01-16
5	<i>Diophrys scutum</i>	남극 세종기지 주변 해양	62°14'13.74"S, 58°46'34.51"W	2012-01-22
6	<i>Oxytricha</i> cf. <i>balladyna</i>	남극 세종기지 주변 토양	62°14'17.5"S, 58°45'53.4"W	2014-01-16
7	<i>Metaurostylopsis antarctica</i>	남극 세종기지 주변 해양	62°14'10.29"S, 58°46'38.67"W	2014-01-19
8	<i>Anteholosticha rectangula</i>	남극 세종기지 주변 토양	62°14'27.35"S, 58°44'40.43"W	2013-01-25
9	Hypotrich	남극 세종기지 주변 토양	62°14'16.1"S, 58°43'43.0"W	2015-01-25
10	<i>Neokeronopsis asiatica</i>	남극 세종기지 주변 담수	62°14'15.27"S, 58°45'45.81"W	2013-12-23
11	<i>Parasterkiella thompsoni</i>	남극 세종기지 주변 토양	62°13'26.78"S, 58°47'37.42"W	2013-12-18
12	<i>Hemiuromoida longa</i>	남극 세종기지 주변 토양	62°13'53.1"S, 58°42'54.8"W	2014-01-16
13	<i>Urosomoida sejongensis</i>	남극 세종기지 주변 담수	62°14'15.27"S, 58°45'45.81"W	2013-01-13
14	<i>Pseudonotohymena asiatica</i>	남극 세종기지 주변 토양	62°14'27.35"S, 58°44'40.43"W	2013-01-25
15	<i>Gonostomum strenuum</i>	남극 세종기지 주변 토양	62°14'01.1"S, 58°44'42.5"W	2015-02-03
16	Keronopsis sp. 1	남극 세종기지 주변 담수	62°13'15.41"S, 58°46'34.88"W	2015-01-09
17	Keronopsis sp. 2	남극 세종기지 주변 토양	62°13'26.78"S, 58°47'37.42"W	2013-12-18
18	<i>Paraholosticha muscicola</i>	남극 세종기지 주변 토양	62°13'49.1"S, 58°42'36.4"W	2013-12-29
19	<i>Diophrys oligothrix</i>	남극 세종기지 주변 해양	62°14'10.29"S, 58°46'38.67"W	2014-01-19
20	Peritrich	남극 세종기지 주변 토양	62°13'50.00"S, 58°42'44.15"W	2014-01-03

4. 고찰

남극의 원생생물 계통분석을 진행하여 유연관계를 확인하였고 분석 중 신속 1, 신종 3종, 재기재종 4종을 확인하여 기재 중에 있다. 지속적인 종 발굴과 계통도 확인을 통해 남극에 우점하는 특이 Class의 섬모충류들과 이들의 진화 계통학적 위치 등을 파악하고 있다.

제 15 절. 바톤반도 주변 척추동물의 기생충 감염상 조사

요약: 기생충은 다른 생물 종의 몸에 일시 또는 영구적으로 의존하여 생명활동을 이어가는 독특한 생활방식을 가진 생물들을 말한다. 남극의 기생충은 1800년대 이후 남극 탐험대에 의해 주로 생물상 파악의 일환으로 연구되어 왔지만, 남극이라는 지역의 특수성에 의한 어려움으로 여전히 조사되어 있지 않은 부분이 많은 편이다. 본 연구에서는 남극의 기생충을 연구하기 위하여, 세종기지가 위치한 바톤반도에 서식하는 생물의 기생충 감염상을 파악하였다. 바톤반도에 서식하는 생물의 사체, 분변을 확보하여 내부기생충과 분변 내 충란의 존재 여부를 확인하였고, 형태학적으로 구분하여 기생충 생물상에 대한 기본 정보를 기록하였다. 분변 시료의 경우 ethanol-ether 방식을 활용한 침전법을 통하여 충란을 집란한 후, 광학현미경 하에 관찰하였다. 연구 결과, 조류 및 포유류의 기생충 종 다양성은 비교적 낮아 1~4종 가량이 기생하는 것으로 나타났다. 턱끈 및 젠투펭귄은 비슷한 기생충상을 보였으며(*Corynosoma* spp., *Tetrabothrius* spp., *Stegophorus* spp.), 웨델해표에서는 anisakid nematodes, *Corynosoma* spp., *Diphyllobothrium* spp. 등이 발견되었다. 남극 및 갈색도둑갈매기, 남방큰재갈매기에서는 1-2종의 기생충만이 발견되었다. *Notothenia corriceps* 는 비교적 다양한 기생충 상을 나타냈으며, 다양한 종의 흡충과 구두충이 발견되었다. 특히 조충과 구두충의 유충이 발견되었으며, 추후 분석을 통해 먹이사슬 분석을 위한 자료로 활용할 예정이다.

1. 서론

기생충은 다른 생물 종의 몸에 일시 또는 영구적으로 의존하여 생명활동을 이어가는 생물들을 말하며, 단세포생물인 원충(Protozoa)에서부터 턱란을 통한 brood parasitism을 보이는 뼈꾸기에 이르기까지 다양한 분류군의 생물들이 포함 된다 (Roberts, Janovy and Nadler, 2012). 남극의 기생충 연구는 1800년대 Baird에 의한 첫 보고 이후, 호주, 영국, 독일 프랑스 등의 남극 탐험대에 의해 진행이 되었으며, 주로 남극에 서식하는 동물을 포획, 부검하여 기생충을 검출, 동정하고 새로운 종으로 보고하는 연구가 대부분이었으며, 최근 들어 염기서열 분석을 통한 계통분류, 생활사 규명 등의 기초적인 연구가 진행되고 있다.

바톤 반도가 위치한 남쉘틀랜드군도(South Shetland Islands)의 경우, Deception Island에서 서식하는 턱끈펭귄의 위장관내 연충류가 보고된 바 있으며, King George Island의 Henryk Arctowski Station 인근 조류 및 포유류의 기생충과 Stranger point에 서식하는 젠투펭귄의 기생충 보고 및 남극 대구 등 물고기의 기생충이 산발적으로 조사된 바 있다. 하지만, 한국이 주도한 남극의 기생충 연구는 1995년 극지연구소의 의뢰를 통해 서울대학교에서 이루어진 남극 대구의 기생충 검출 1례와 턱끈펭귄이 배출하는 물질에서 발견된 선충만이 존재할 뿐 거의 조사가 이루어져 있지 않다.

본 연구에서는 남극 세종과학기지 인근에 서식하는 생물의 기생충을 폭넓게 조사함으로써, 바톤반도의 생물상 조사에 기여하고, 극지 생물의 생태를 심도 있게 이해할 수 있는 기초자료를 만들고자 하였다.

2. 재료 및 방법

가. 조류 분변의 채취 및 검사

분변 검사는 생물체에 직접적인 위해를 가하지 않고, 기생충의 감염 여부를 파악할 수

있는 비침습적인 기생충 검사법이다. 턱끈 펭귄의 분변 시료는 세종기지 주변 바톤반도의 Narebski point (ASPA 171)의 턱끈 펭귄 콜로니에서 수집하였다. 같은 개체의 중복 검사를 피하기 위하여, 각 둉지에서 방사상으로 배출된 분변을 둉지 별로 1개 씩 수집하였다. 갈색 및 남극도둑갈매기의 경우, 다리에 부착된 식별포를 이용하여 개체를 구분하였으며, 신체 측정을 위해 포획하였을 시 배출하는 분변을 확보하였다. 남방큰재갈매기의 경우, 바톤반도의 빙하 후퇴지역 인근에 위치한 번식지에서 확보하였다.

수집한 분변은 각각 1.5ml tube에 담아 보관하였으며, -80°C에서 보관하였다가 검사에 이용하였다. 각 분변은 해동 후, 15ml tube에 옮겨 담아 10ml의 증류수와 회석하였고 2000 rpm에서 5분간 원심 분리하여 상층액을 제거하였고, 20% Ethanol 용액 10ml와 Diethyl ether 5ml에 풀어 교반한 후 2000 rpm에서 다시 5분간 원심 분리하였으며, 다시 상층액을 제거하고 가라앉은 침전물을 광학현미경 하에 관찰하여 기생충 감염 여부를 확인하였다.

나. 웨델 해표의 분변 내 기생충 검사

체내에서 기생하던 기생충은 종종 분변과 함께 몸 밖으로 배출되며, 이는 분변 검사를 통한 충란의 확인 이외에도 기생충 감염을 특정할 수 있는 근거가 된다. 웨델 해표의 기생충을 확인하기 위하여, 세종 기지 인근의 웨델 해표 휴식지에서 발견된 분변을 확보 하였으며, 가능한 많은 양의 분변을 대형 지퍼백에 담아 기지로 운반하여 검사하였다. 확보한 분변은 대량의 물에 회석하였고, 각각 5mm, 1mm, 500 μ m 체에 순차적으로 걸러 입자가 큰 물질들을 분리해 내었다. 체에 걸려진 물질들은 다시 세척 후 다시 여과(filtering)하여 실체 현미경으로 관찰하며 기생충을 확보하였다.

다. 조류의 내부 기생충 조사

바톤반도내에서 폐사한 턱끈, 젠투펭귄 및 남방큰재갈매기, 남극도둑갈매기 등의 사체를 확보하여 부검을 통한 기생충 검출을 실시하였다. 확보된 사체는 복강을 절개하여 장기를 노출 시켰고, 손상되어 내용물이 유출되지 않도록 주의하여 사체 밖으로 적출하였다. 적출된 장기는 장기 별로 나누어 각각 장기의 주행 방향을 따라 절개하였고, 장기로부터 직접 채취하거나 흐르는 물에 수차례 씻은 후, 세척물을 여과 또는 침전하여 확보하였다.

라. 어류의 내부 기생충 조사

세종기지 인근과 바톤반도의 펭귄마을 앞바다에 서식하는 남극 대구를 대상으로 기생충 조사를 실시하였다. 대상 어종은 소고기를 활용하여 낚아 올렸으며, 체표의 외부기생충 감염 여부를 확인한 후 장기를 적출하여 장기별 기생충 검사를 실시하였다.

3. 결과 및 토의

가. 조류의 분변 내 기생충란

연구기간 동안 턱끈펭귄 성체의 분변 250개, 갈색도둑갈매기 및 남극도둑갈매기의 분변 12개, 남방큰재갈매기의 분변 50여개를 확보하였으며, 칼집부리물떼새의 분변 또한 2개 확보하였다. 분변검사 결과, 턱끈펭귄의 경우 115 개체에서 양성으로 나타났으며 감염률은 46%이었다. 발견된 충란은 총 4종으로, *Tetrabothrius* sp., *Diphyllobothrium* sp., 및 *Stegophorus* sp. 및 *Parorchites zederi*로 추정되었으며, 각각의 감염률은 40, 8, 11, 1% 이었으며, 각 101, 22, 28, 3마리에서 검출되었다. 갈색 및 남극도둑갈매기의 분변에서는 총 12개의 분변 중 5개가 기생충

감염 양성으로 나타났으며, *Tetrabothrius* sp. 의 충란으로 추정되었다. 칼집부리물떼새의 분변에서는 기생충란이 발견되지 않았다.

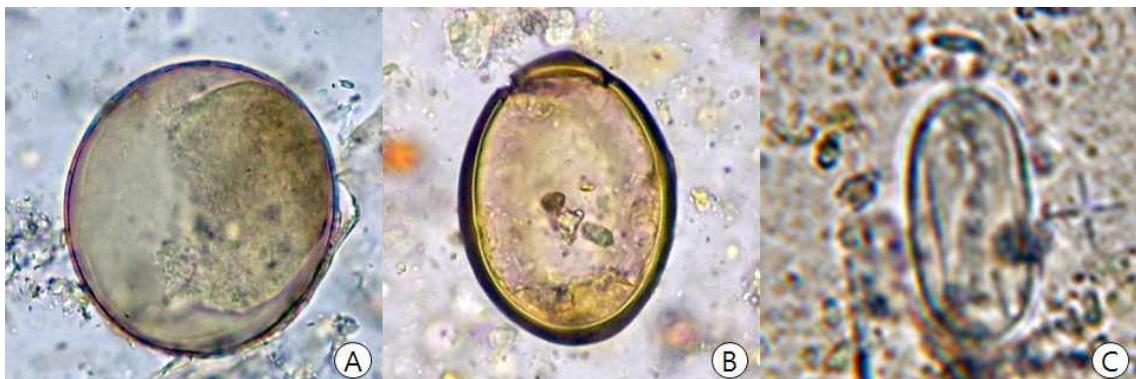


Figure 70. Parasite eggs found from feces of Antarctic birds. A: Unidentified cestode egg found from feces of a brown skua. B: Thick shelled egg of *Tetrabothrius* spp. found from feces of chinstrap penguin. C: Egg of *Stegophorus* spp. found from feces of chinstrap penguin.

나. 웨델해표의 분변내 기생충 검사

바톤반도의 세종기지 인근 웨델해표 휴식지에서 채집한 10건의 분변에서는 *Diphyllobothrium* spp. 의 편절과 *Pseudoterranova* spp. 의 성충, *Corynosoma* spp.의 충체를 확보 할 수 있었지만, 개체의 구분이 명확하지 않고, 중복되었을 가능성이 높아 감염률은 산정하지 않았다.



Figure 71. A: Feces of Weddell seal. B: Stained proglottid of *Diphyllobothrium* spp. C: Anisakid nematode found from feces of Weddell seal.

다. 조류의 내부기생충 조사

젠투펭귄 46개체 (1 adult, 45 chicks), 턱끈펭귄 30 개체 (3 juvenile, 27 chicks)의 사체를 확보, 부검하여 기생충 여부를 조사하였다. 턱끈펭귄에서는 *Parorchistes zederi*, *Tetrabothrius* sp., *Stegophorus* sp. 의 감염이 확인되었으며, 젠투펭귄에서는 *P. zederi*, *Stegophorus* sp., ascarid nematode 및 *Corynosoma* sp.의 감염이 확인되었다 (Table 21).

젠투펭귄은 분변 검사를 실시하지 않아 비교할 수 없었지만, 턱끈펭귄의 경우 성체를 대상으로 한 분변 검사가 실시되어 부검 결과가 비교가 가능하였다. 분변검사 결과 감염되었을 것으로 추정된 4종의 기생충 중 *Tetrabothrius* sp., *Stegophorus* sp., 및 *Parorchistes zederi*의 3종의 경우 충체가 사체 부검에서도 발견되었으며, 이는 이 기생충의 감염원이 새끼 펭귄이 섭취

하고 있는 크릴 등일 가능성이 높음을 시사한다. *Diphyllobothrium* sp.의 경우, 새끼펭귄의 부검 결과에서는 발견되지 않았는데, 이는 감염원이 차이이거나, 기생충 종의 낮은 감염률의 결과로 추정된다.

Table 21. Infection rates of parasitic helminthes of chinstrap and gentoo penguins

	<i>Parorchites zederi</i>	<i>Tetrabothrius</i> sp.		<i>Stegophorus</i> sp.		Ascarid nematode		<i>Corynosoma</i> sp.		TOTAL			
	Infected	%	Infected	%	Infected	%	Infected	%	Infected	%	Infected	%	
Chinstrap penguin	Chick	4/27	14%	1/27	3%	4/27	14%	0/27	0%	0/27	0%	9/27	33%
	Juvenile	2/3	33%	0/3	0%	3/3	100%	0/3	0%	0/3	0%	3/3	100%
	Total	6/30	20%	1/30	3%	7/30	23%	0/30	0%	0/30	0%	12/30	40%
Gentoo penguin	Chick	18/45	40%	0/45	0%	8/45	17%	2/45	4%	5/45	11%	23/45	51%
	Adult	1/1	100%	0/1	0%	1/1	100%	0/1	0%	0/1	0%	1/1	100%
	Total	19/46	41%	0/46	0%	9/46	19%	2/46	4%	5/46	10%	24/46	52%
TOTAL		25/76	32%	1/76	1%	16/76	21%	2/76	2%	5/76	6%	36/76	47%

추가적으로 검사 하였던 2개체의 남방큰재갈매기(kelp gull)의 경우는 성체에서 미동정 조충이 발견되었으나 새끼에서는 기생충이 검출되지 않았으며, 갈색도둑갈매기 1개체에서 큰입흡충류 1개체(*Gymnophallus deliciosus*)와 *Tetrabothrius* sp.의 편절 일부가 발견되었다.

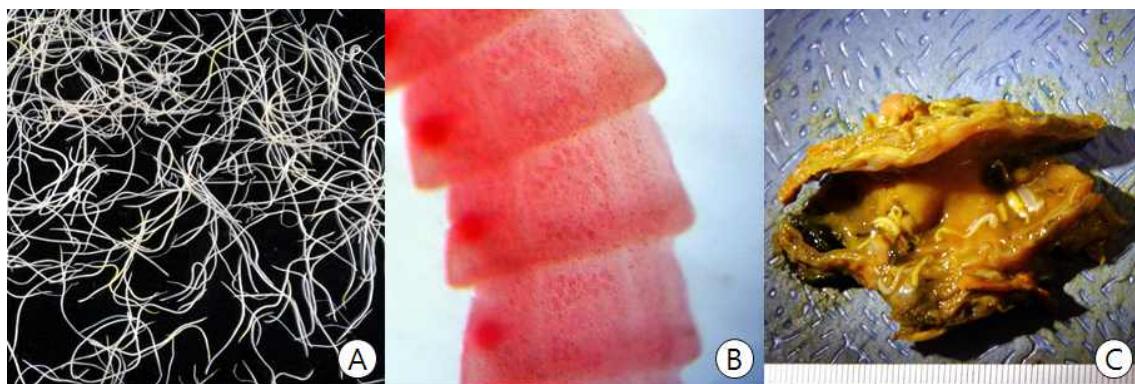


Figure 72. Parasites recovered from Antarctic birds. A: *Stegophorus* spp. B: *Tetrabothrius* sp. found from a brown skua. C: *Parorchites zederi* formed as a cyst on intestinal wall of gentoo penguin.

라. 어류의 내부기생충 조사

총 55 개체의 남극대구를 대상으로 검사를 실시하였으며, *Pseudoterranova* spp. (14/55, 21마리), *Contracaecum* spp. (10/55, 15마리), *Acanthocephala* adults (54/55, 2,962 마리), *Corynosoma*의 cystacanthocephala (46/55, 319마리), unidentified digenetic flukes (46/55, 2,751)마리, 조충 유충 (7/55, 15마리) 등을 확보하였다. 55마리 중 3마리에서는 단생흡충 *Pseudobenedenia nototheniae*가 발견되었다.



Figure 73. Parasites recovered from Antarctic fishes. A: *Pseudoterranova* and *Contracaecum* spp. B: Acanthocephalans recovered from intestines. C: Cystacanthocephalans of *Corynosoma* spp.

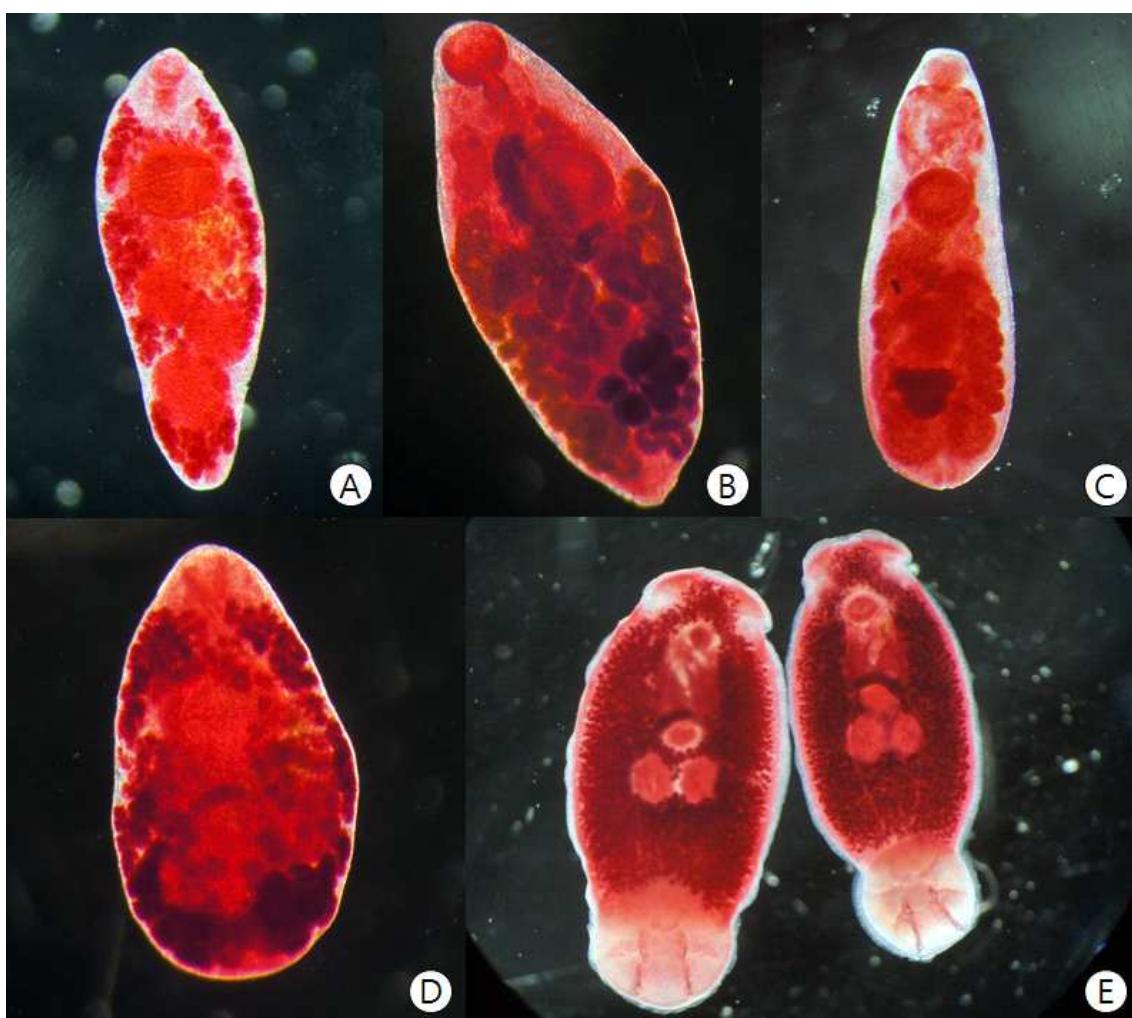


Figure 74. Stained flukes found from Antarctic fishes. A-D: Digenetic flukes found from intestines of *Notothenia coriiceps*. E: *Pseudobenedenia notorheniae*.

Table 22. Parasite list of *Notothenia coriiceps* collected nearby Barton Peninsula.

	Infected	Infection rate	No. of parasite
NEMATODA			
<i>Pseudoterranova</i> sp. (larvae)	14/55	25%	21
<i>Contracaecum</i> sp. (larvae)	10/55	18%	15
MONOGENEA			
<i>Pseudobenedenia nototheniae</i>	3/55	5%	4
TREMATODA			
unidentified fluke	46/55	83%	2,751
CESTODA			
cestode larvae	7/55	12%	15
ACANTHOCEPHALA			
unidentified thorny-headed worm	54/55	98%	2,962
<i>Corynosoma</i> sp. (larvae)	46/55	83%	319
TOTAL	55/55	100%	6,087

4. 결론

본 연구에서는 세종기지가 위치하고 있는 남서틀랜드군도의 킹조지섬, 바톤반도 인근에 서식하는 생물의 기생충을 조사하였다. 연구 결과 다양성은 낮았지만 다양한 종의 기생충을 확인할 수 있었으며, 그 중에는 생물체에 질병을 일으킬 수 있을 것으로 판단되는 종 또한 포함되어 있었다. 웨델해표의 분변과 펭귄 사체의 부검을 통하여 일부 기생충의 성충을 확보하였으며, 남극대구의 부검을 통해 다양한 종의 기생충 유충을 발견할 수 있었다. 발견된 대부분의 종은 이미 기존에 남극의 생물들로부터 발견된 종들로 판단되지만, 대부분 유전자 및 염기서열 분석이 이루어지지 않은 상태이며, 추가적인 연구를 통하여 남극 생물의 진화와 이동, 계통분류 등에 기여할 수 있을 것으로 판단된다.

제 16 절. 조류에 기생하는 깃털진드기(feather mite)의 계통분류

요약: 2014년 12월부터 2016년 2월까지 남극의 하계기간동안 바톤반도에서 서식하는 조류들을 대상으로 깃털진드기를 채집하였다. 5종의 조류로부터 *Zachvatkinia stercorarii*, *Z. hydrobatidii*, *Alloptes catharacti*, *A. aschizurus*, *A. chionis* 등 5종의 깃털진드기가 발견되었다. 채집된 깃털진드기 5종에 대한 CO1유전자분석에서 Avenzoariidae과내의 종간변이율은 8.8-25.2%, *Alloptes* 속내의 종간 변이율은 17.4-29.8%로 나타났다. Avenzoariidae과내의 종내변이율은 0.0-5.2%, *Alloptes* 속의 종내 변이율은 0.0-0.3% 나타났다. 바톤반도에 서식하는 깃털진드기집단의 유전자 특성을 보기 위하여 *Z. stercorarii*를 대상으로 microsatellite marker를 제작하였으며, 추후 장보고 등 다른 지역에서 채집된 집단과 비교할 예정이다.

1. 서론

깃털진드기는 조류의 기름샘(oil gland), 깃털(feather) 또는 피부(skin)에 공생 또는 기생하여, 깃털조각, 피부의 탈각물과 분비물을 섭취한다(Krantz, 1978; Proctor, 2003; Mironov, 2003). 깃털진드기는 펭귄을 포함한 대부분 조류에서 관찰되며, 미소서식처(microhabitat)에 따라 구조적 형태가 매우 다양하다(Dabert and Mironov 1999, Porctor, 2008). 특히 공기의 흐름에 노출된 종들의 경우, 공기저항을 줄이기 위해서 등면에 강모가 감소되고, 깃털과 접촉하는 면적을 늘리려 몸이 커지며, 다리근육이 발달하는 경향이 나타난다(Dubinin 1951; 1953). 대부분 종들이 숙주특이성(host-specific)을 가지고 있으며, 숙주로부터의 확산은 부모에서 자식, 짹짓기, 포식, 집단휴식지(communal roosting), 깃털손질(grooming)와 같은 신체접촉을 통해 이동한다(Dabert et al., 2015). 현재 약 2,500 여종이 알려져 있으며, 1만종 정도 있을 것으로 예상되고 있다(Gaud and Atyeo, 1996; Proctor, 2003).

남극에서의 깃털진드기 연구는 South Georgia, Heard섬, Ross섬, 호주의 Davis station, 러시아의 Mirny station, 남쉐틀랜드군도의 Gaston섬, Greenwich섬 등 다양한 지역에서 연구되어 있으며, 19종이 밝혀져 있다(Atyeo and Peterson, 1967; 1970; Schaefer and Strandtmann, 1971; Horne and Rounsevell, 1982; Mironov, 1991). 그러나 바톤반도 일대에서는 깃털진드기에 대한 연구가 되어 있지 않다. 따라서 본 연구에서는 남극 남쉐틀랜드군도의 바톤반도에서 관찰되는 조류에서 서식하는 깃털진드기를 조사하여 종 목록을 작성하고자 한다. 또한, 바톤반도에서 채집된 깃털진드기 집단의 유전자 특성을 파악하고자 microsatellite maker를 개발하려 한다.

2. 재료 및 방법

가. 연구지역

2014년 12월 01일부터 2016년 2월 1일까지 남극의 하계기간동안 세종기지가 위치한 남극 킹조지섬의 바톤반도($62^{\circ} 13' S$, $58^{\circ} 47' W$) 주변에서 수행되었다(Fig. 75). 바톤반도에는 펭귄을 제외한 남극도둑갈매기 *Stercorarius maccormicki*, 갈색도둑갈매기 *Stercorarius antarcticus lonnbergi*, 남극제비갈매기 *Sterna vittata*, 칼집부리풀떼새 *Chionis alba*, 남방큰풀마갈매기 *Macronectes giganteus*, 남방큰재갈매기 *Larus dominicanus*, 남극가마우지 *Phalacrocorax atricollis*, 알락풀마갈매기 *Daption capense capense*, 월슨바다제비 *Oceanites oceanicus* 그리고 검은배바다제

비) *Fregetta tropcia* 등 10종의 조류가 관찰되거나 번식한다.

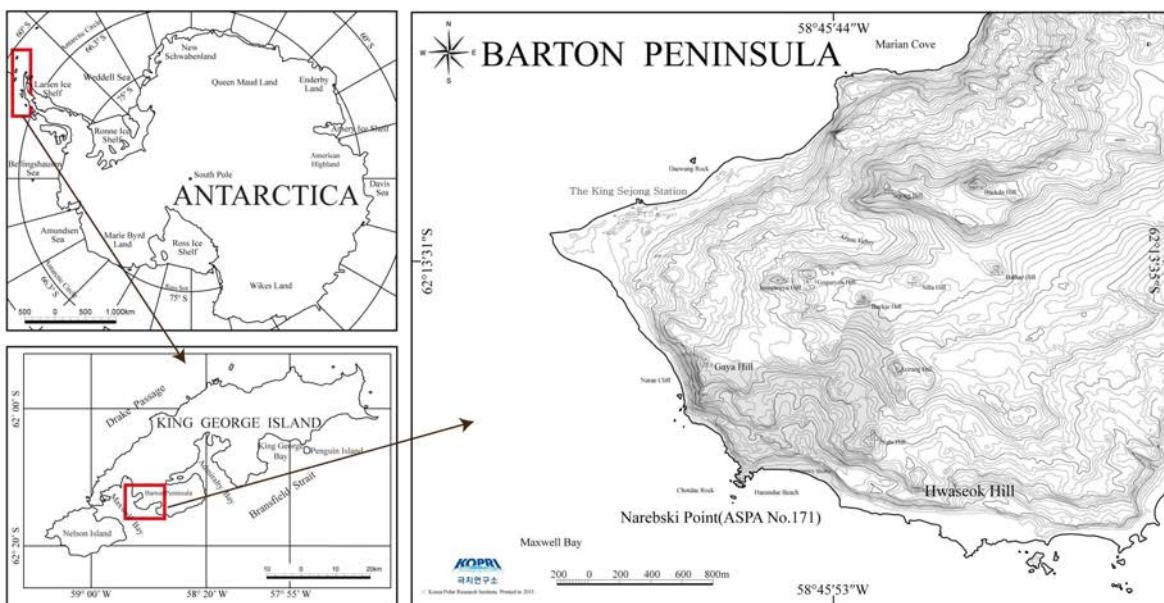


Figure 75. the Barton Peninsula of King George Island, Antarctica

나. 깃털진드기 종 동정

깃털진드기는 조류의 날개(wing) 또는 꼬리(tail)의 깃털을 일부 채취하여 채집하였고, 100% 알콜에 담아 이동하여 연구실에서 저온(-20°C) 보관하였다. 채집된 진드기를 90% 젖산에 24시간동안 담근 후, PVA stock solution을 이용하여 슬라이드글라스에 고정시킨다. 형태적인 종동정은 Gaud & Atyeo (1996), Norton (1998)의 분류체계 및 용어를 이용하여 종을 식별하였다.

다. 깃털진드기 CO1 유전자분석

채집된 시료는 한 개체 또는 다리에서 Tissue DNA Extraction kit(Cosmogenetech Inc.)를 이용하여 DNA를 추출하였다. PCR은 깃털진드기류의 CO1 특이 primer인 bcd05F(5'-TTTTCTACHAACATAAAGATATTGC-3')와 bcd04R(5'-TATAAACYTCGGATGNC-3') primer (약 670 bp 유전자 산물이 증폭됨)를 이용되었다. PCR조건은 처음 94°C에서 3분, 그 후 95°C 10초, 50°C 30초, 72°C 1분의 사이클을 45회 반복하고 마지막 72°C에서 5분 incubation하였다. PCR을 통해 증폭된 산물들은 PCR purification kit (Cosmogenetech Inc.)을 이용하여 정제하여, Automated sequencer (ABI 310 model, Perkin Elmer CO.)로 direct sequencing을 하였다. 본 연구와 GenBank로부터 확보된 염기서열들을 바탕으로 Geneious 프로그램으로 정렬, 가공한 뒤 Mega 6.0 프로그램을 이용하여 Neighbor-joining 기법으로 가계도를 작성하였다. 또한 염기서열간의 Pairwise-distance를 측정한 뒤 대상종의 유연관계를 분석하였다.

다. Microsatellite marker 개발

차세대 염기서열 분석 방법인 NGS Illumina의 Miseq 기법으로 염기서열을 얻어 분석을 진행하였다. SSR_pipeline software를 이용하여, 염기서열이 일치하는 read끼리 서로 align 시킨 후, 반복구간이 있는 염기서열들을 추출하였다(Miller et al., 2013). Geneious 프로그램으로

각각의 reads를 Map to Reference 한 후 15 - 30 read가 붙은 contig들 중에서 microsatellite marker를 적합한 부위를 선별하였다.

3. 결과 및 토의

가. 빨굴된 깃털진드기 종 목록

3목 6과 10종의 조류에서 깃털진드기를 채집한 결과, 5종의 깃털진드기가 발견되었다. 남극도둑갈매기와 갈색도둑갈매기에서는 *Zachvatkinia stercorarii*, *Alloptes catharacti* 등 2종이 관찰되었으며, 칼집부리풀떼새에서는 *A. aschizurus*, *A. chionis* 등 2종이 발견되었다. 갈색도둑갈매기, 검은배바다제비, 월슨바다제비에서는 *Z. hydrobatidii*가 관찰되었다(Fig. 76).

Phylum Arthropoda Latreille, 1829

Class Chelicerata Heymons, 1901

Order Sarcoptiformes Canestrini, 1891

Family Avenzoariidae Oudemans, 1905

Genus *Zachvatkinia* Dubini, 1949

(1) *Zachvatkinia stercorarii* Dubinin, 1952 (Fig. 76A)

Synonyms. *Zachvatkinia stercorarii* Dubinin, 1952: 255, figs. 1-2; Atyeo and Peterson, 1967: 103; 1970: 147; Mironov, 1989: 91-115, figs. 3, 7 and 8.

관찰표본. 4♂, 3♀♀ (남극도둑갈매기, *Stercorarius maccormicki*); 4♀♀ (갈색도둑갈매기, *Stercorarius antarcticus lonnbergi*)

고찰: 갈색도둑갈매기와 남극도둑갈매기에서 채집된 *Z. stercorarii*는 이전 문헌에서도 아남극권 도서지역에서 관찰된 바 있으며, 넓적꼬리도둑갈매기(*Stercorarius pomarinus*, Russia)에서 처음 기록되었으며, 바톤반도에서 채집된 개체는 원기재문과 형태적으로 큰 차이가 없다.

*Zachvatkinia stercorarii*는 *Z. isolata*와 차이점으로는 1) 수컷에서 강모 *g*가 인접해있으며, 2) 암컷의 몸 크기가 작으며, 3) propodosomal shield의 옆 갈라진 틈 위에 강모 *se*가 위치한다.

(2) *Zachvatkinia hydrobatidii* Dubinin, 1949 (Fig. 76B)

Synonyms. *Zachvatkinia hydrobatidii* Atyeo and Peterson, 1967: 102, figs. 9-12; 1970: 146; Mironov, 1989: 91-115, figs. 4, 5, 7 and 8.

관찰표본. 3♂♂ (월슨바다제비, *Oceanites oceanicus*); 1♂, 3♀♀ (검은배바다제비, *Fregata tropica*); 4♀♀ (갈색도둑갈매기, *Stercorarius antarcticus lonnbergi*)

고찰. 바톤반도에서 채집된 *Z. hydrobatidii*는 갈색도둑갈매기, 검은배바다제비, 월슨바다제비에서 관찰되었다. 원기재문과 동일한 월슨바다제비(USA, Massachusetts)에서 채집되었으며, 형태적으로 큰 차이가 없다.

*Zachvatkinia hydrobatidii*는 *Z. oceanodromae*와 차이점으로는 1) tarsus IV에 dorsobasal spin 1개가 존재하며, 2) genital apparatus의 길이가 넓이보다 길고, 3) genital shield가 고리모양으로 막혀있다.

Family Alloptidae Gaud, 1957

Genus *Alloptes* Dubini, 1949

(3) *Alloptes catharacti* Mironov, 1991 (Fig. 76C)

Synonyms. *Alloptes catharacti* Mironov, 1991: 72-75, fig. 2.

관찰표본. 4♂♂, 3♀♀ (남극도둑갈매기, *Stercorarius maccormicki*); 2♂♂, 1♀ (갈색도둑갈매기, *Stercorarius antarcticus lonnbergi*)

고찰. 갈색도둑갈매기와 남극도둑갈매기에서 채집된 *A. catharacti*는 러시아의 Mirny 기지에서 남극도둑갈매기로부터 처음 발견되었다. *Alloptes catharacti* 원기재문과 동일한 숙주인 남극도둑갈매기로부터 채집되었으며, 형태적 차이는 바톤반도에서 채집된 개체가 tibia IV에 존재하는 돌기가 좀 더 예각의 가시모양이고, 나머지는 형태적으로 큰 차이는 없다.

*Alloptes catharacti*는 *A. stercorarii*와 차이점으로는 1) 강모 c3는 trochanter III의 길이에 1/2정도이며, 2) tibia IV에 작은 돌기가 존재한다.

(4) *Alloptes aschizurus* Gaud, 1952 (Fig. 76D)

Synonyms. *Alloptes aschizurus* Gaud, 1952: 164, fig. 2; Atyeo and Peterson, 1967: 98; 1970: 129.

관찰표본. 1♂, 2♀♀ (칼집부리물떼새, *Chionis alba*)

고찰. 바톤반도의 칼집부리물떼새에서 채집된 *A. aschizurus*는 아남극권인 Kerguelen 섬의 Black-faced Sheathbill (*Chionis minor*)에서 처음 발견된 종으로 아남극권의 Heard섬, 남극반도에 위치한 Gaston섬, 그리고 남쉐틀랜드 군도의 Greenwich섬의 칼집부리물떼새에서 기록된 바 있다.

*Alloptes aschizurus*는 *A. bisetatus*와 차이점으로는 1) 몸 크기가 크며(550um), 2) terminal lamellae은 클로버모양인 것이 특징이다.

(5) *Alloptes chionis* Atyeo and Peterson, 1967 (Fig. 76E)

Synonyms. *Zachvatkinia hydrobatidii* Atyeo and Peterson, 1967: 98-99, figs. 1-4; 1970: 129, 131, figs. 15-17

관찰표본. 1♂, 2♀♀ (칼집부리물떼새, *Chionis alba*)

고찰. *Alloptes chionis*은 아남극권 Heard섬의 Black-faced Sheathbill에서 처음 관찰된 종으로 아남극권의 Gaston섬에 추가 채집된 기록이 있다. 바톤반도의 칼집부리물떼새로부터 채집된 *A. chionis*는 원기재문과 형태적으로 큰 차이가 없다.

*Alloptes chionis*는 *A. gambettae*와 차이점으로는 1) 강모 c3가 돌기모양이고, 2) 톱니모양의 6개의 terminal lamellae가 존재하며, 3) 다리 IV의 tarsus와 tibia 부분이 짧다.

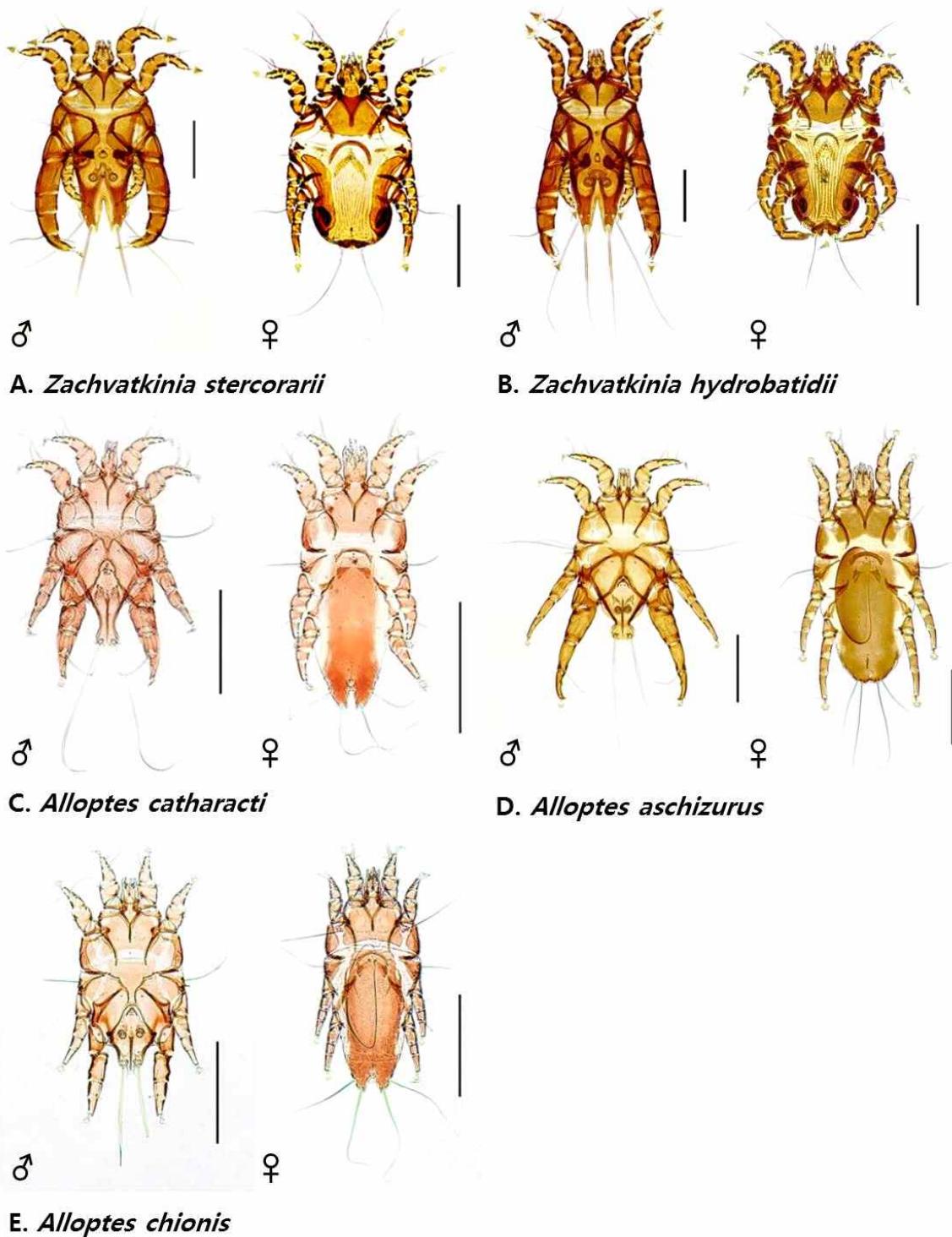


Figure 76. Feather mites collected from the wing and tail feathers of flying birds in Barton peninsular, Antarctica

나. 깃털진드기 5종에 대한 CO1 유전자분석

Zachvatkinia stercorarii, *Z. hydrobatidii* 2종의 COI유전자를 이용하여 Avenzoariidae과내의 근연종들과의 계통수를 구하였다(Table 23, Fig. 77). Avenzoariidae과내의 속간 *p*-distance를 확인한 결과, 변이율은 16.4-22.9%로 나타났으며, 종간 변이율은 8.8-25.2%의 차이를 보였다. *Zachvatkinia* 속내의 종간 변이율 15.0-21.4% 나타났으며, *Z. hydrobatidii*는 0.0-0.3% 종내 변이율을 보였다. *Z. stercorarii* 종내차이는 0.0-5.2%로 나타났으며, 노르웨이에서 채집된 개체와 약

5%정도의 변이율을 보였다. Nj tree를 그려보았을 때 각각의 종이 같은 속의 다른 종과 확실히 구분되며, 한 그룹으로 끊이는 것을 확인할 수 있었다.

Table 23. Sample list used in phylogenetic tree for family Avenzoariidae

Taxon name	Sequence length (bp)	Locality (date)	Reference
<i>Zachvatkinia stercorarii</i>	543	Barton peninsular1 (2015.12.22)	This study
	543	Barton peninsular2 (2015.12.22)	
	543	Barton peninsular3 (2015.12.22)	
<i>Zachvatkinia hydrobatidii</i>	543	Barton peninsular1 (2016.01.29)	This study
	543	Barton peninsular2 (2016.01.29)	
	543	Barton peninsular3 (2016.01.29)	
<i>Avenzoaria calidridis</i>	543	USA	GenBank(KU203080)
<i>Avenzoaria totani</i>	543	Europe	GenBank(GQ864348)
<i>Bychovskiatia vociferi</i>	543	USA	GenBank(KU203078)
<i>Bychovskiatia squatarolae</i>	543	USA	GenBank(KU203079)
<i>Bdellorhynchus polymorphus</i>	543	Russia	GenBank(KU203074)
<i>Scutomegninia minuta</i>	543	USA	GenBank(KU203076)
<i>Pandionacarus fuscus</i>	543	Panama	GenBank(KU203077)
<i>Promegninia bulweriae</i>	543	Spain	GenBank(KM401844)
<i>Promegninia calonectris</i>	543	Spain	GenBank(KM401841)
<i>Zachvatkinia larica</i>	543	Korea	GenBank(KX610950)
<i>Zachvatkinia stercorarii</i>	543	Norway	GenBank(KF018820)
<i>Zachvatkinia isolata</i>	543	Norway	GenBank(KF018824)
<i>Ardeacarus ardeae</i>	543	Korea	GenBank(KX610954)

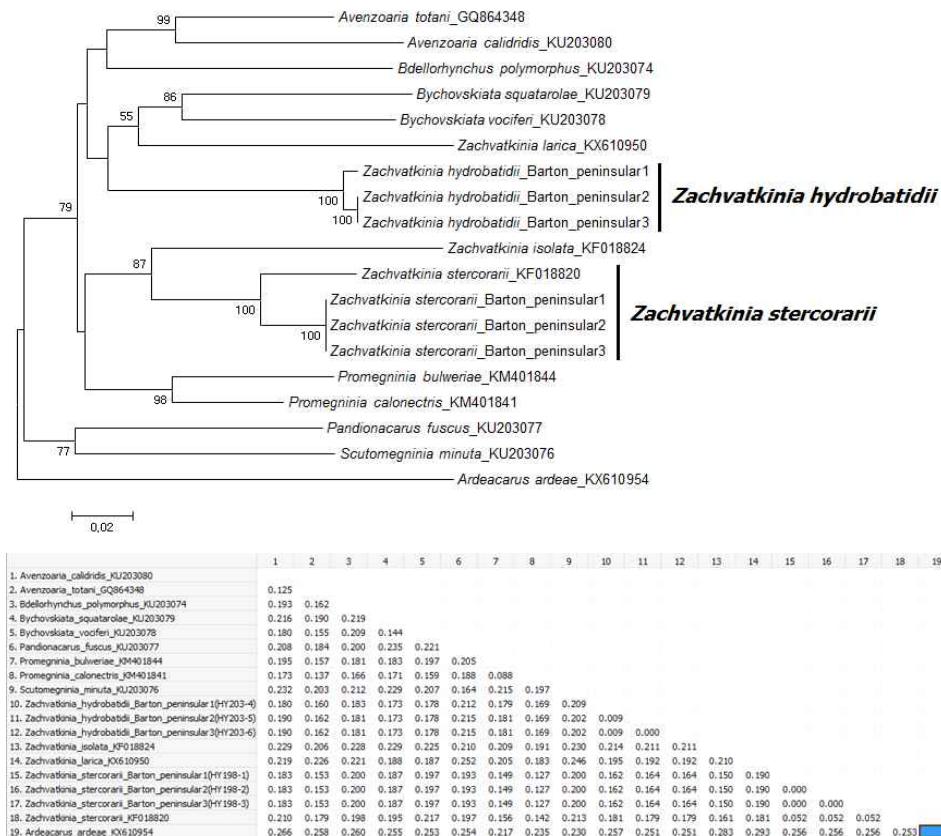


Figure 77. Neighbor-joining CO1 nucleotide tree and *p*-distance of family Avenzoariidae

Alloptes catharacti, *A. chioins*, *A. aschizurus* 3종의 COI유전자를 이용하여 *Alloptes* 속내의 근연종들과의 계통수를 구하였다(Table 24, Fig. 78). *Alloptes* 속내의 종간 변이율은 17.4-29.8%로 나타났으며, *A. catharacti*의 17.4-27.3%의 종간 차이를 보였다. *A. chionis*는 종내 변이율 0.0-0.3% 나타났으며, 종간차이는 19.4-26.7%로 나타났다. *A. aschizurus*는 20.8-29.8%의 종간 차이를 보였다. Nj tree를 그려보았을 때 각각의 종이 같은 속의 다른 종과 확실히 구분되며, 한 그룹으로 묶이는 것을 확인할 수 있었다.

Table 24. Sample list used in phylogenetic tree for genus *Alloptes*

Taxon name	Sequence length (bp)	Locality (date)	Reference
<i>Alloptes catharacti</i>	573	Barton peninsular1 (2015.12.22)	This study
	573	Barton peninsular2 (2015.12.22)	
	573	Barton peninsular1 (2016.01.11)	
<i>A. chioins</i>	573	Barton peninsular2 (2016.01.11)	
	573	Barton peninsular3 (2016.01.11)	
	573	Barton peninsular (2016.01.08)	
<i>A. aschizurus</i>	573	Norway	GenBank(KF18829)

<i>Alloptes</i> sp.	573	Norway	GenBank(KF18834)
<i>A. calidridis</i>	573	USA	GenBank(KU203101)
<i>A. obtusolobus</i>	573	Russia	GenBank(KU203100)
<i>Freyana anatina</i>	573	Europe	GenBank(GQ864352)

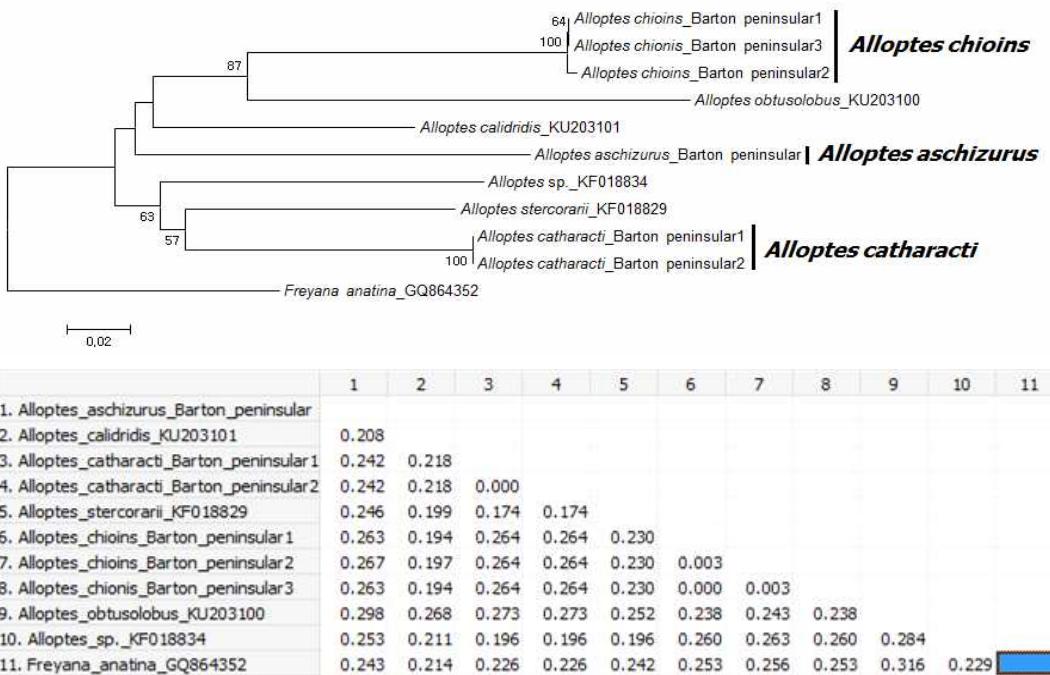


Figure 78. Neighbor-joining CO1 nucleotide tree and *p*-distance of genus *Alloptes*

다. Microsatellite marker 제작

*Zachvatkinia stercorarii*의 gDNA를 WGA(whole genome amplification)한 후 NGS(Illumina Miseq)한 결과, 10,699,508 reads 염기서열을 얻었다. SSR_pipeline software로 전체 염기서열 중 2개의 염기(di-nucleotides)가 반복되는 서열을 최소 15회 반복, flank length 150bp 조건으로 filtering 하였으며, 3개의 염기(tri-nucleotides)가 반복되는 서열은 최소 10회 반복, flank length 150bp로 설정하여 추출하였다. 2개의 염기가 반복되는 염기서열은 27,123 reads가 발견하였으며, 3개의 염기가 반복되는 read 수는 총 15,199개 이었다. Geneious 프로그램에서 SSR_pipeline으로 filtering된 read를 각각 Map to Reference하여 15 - 30 read가 붙은 contig들 중에서 microsatellite marker로 사용하기 적합한 부위를 선별하여 15 세트의 primer를 제작하였다(Table 25).

Table 25. Primer sequences and PCR condition for microsatellite markers

ID	Primer sequence (5' - 3')	Repeat unit	Annealing temp. (°C)
Zach_1	F: GGCACTCTGATCTTGAATCA R: TTCTCCAATTGGACAGCAT	(AG) ₂₁	55
Zach_2	F: TGATCGGCTCGATTCAATCG	(AC) ₁₅	58

	R: TCATCCAGCCAGCTAGACAC		
Zach_3	F: CACCATACTCCGAATCCAAA	(CA) ₁₆	55
	R: ACAGATGTCATGAGATCACG		
Zach_4	F: CAACCATCTGGGATGTGTA	(AAC) ₁₁	55
	R: CAGGTGTTATTGTTCGTCG		
Zach_5	F: CGATGGTTCTGGTATCAT	(GT) ₁₆	55
	R: GCTTCTGGACTTAGATCGT		
Zach_6	F: TGAGACAGAGCAGAAGACTA	(GT) ₁₇	55
	R: TACAATTGCCATCGAACATCCT		
Zach_7	F: CCAAGTATGACACTGGAGAG	(TG) ₁₅	55
	R: CCAAAATGTGTCCTAATGC		
Zach_8	F: ACGAAGACTACAAACGACAA	(TG) ₃ TA(TG) ₁₅	55
	R: GAGGAAGCTTGCTATCCTT		
Zach_9	F: TCGCTAGCTTCTTCGTTA	(GT) ₁₅	55
	R: CCTGGCAAAATGTGAACAAT		
Zach_10	F: ACAAGATTCACGTTTCGCG	(GT) ₁₅	55
	R: ATCTCCATCGTCTCGTCTAT		
Zach_11	F: TATTGGTTCTCGCAGAAAG	(AAG) ₁₀	55
	R: CTACTGCGCCTATAGGATT		
Zach_12	F: TCATGAGATTGTTCCAAGGG	(ATC) ₁₀	55
	R: TGATGATCTGGAGAGGGCTA		
Zach_13	F: TGATGATCTGGAGAGGGCTA	(ATC) ₁₅	55
	R: TCCATTAGCGTCACAGTATG		
Zach_14	F: TCCTCCAGCCAAAAATACTC	(CAT) ₁₀	55
	R: TGGAAGGTTCGAGGTTATG		
Zach_15	F: TAGTGCTGGTGGATCAAC	(TCA) ₁₀	55
	R: ATCGTTCCACTATTCTGGTG		

4. 결론

본 연구에서는 남극 킹조지섬의 바톤반도에서 서식하는 10종의 조류로부터 깃털진드기를 조사하였다. 갈색도둑갈매기, 남극도둑갈매기, 칼집부리풀떼새, 검은배바다제비, 월슨바다제비 등 5종의 조류에서 2과 5종이 깃털진드기가 관찰되었으며, 5종의 깃털진드기 전부 이전연구들에서 같은 종의 숙주로부터 기록되었던 종들이다. 따라서 문헌들을 참고해보았을 때, 칼집부리풀떼새에서는 *Ingrassia antarctica*, 남방큰풀마갈매기에서는 *Brephosceles marginiventris*, 남방큰재갈매기에서는 *Alloptes obtusolobus*, 남극가마우지에서는 *Scutomeginnia subantarctica*, 알락풀마갈매기에서는 *Connivelobus brevipes*, *Connivelobus major* 등 6종정도가 추가적으로 발견될 가능성이 있다(Atyeo and Peterson, 1970). 따라서 깃털진드기의 종을 추가하기 위해서는 숙주인 조류의 주기적인 모니터링과 동시에 많은 개체의 조류를 확인해야 할 것으로 예상된다.

5종의 깃털진드기에 대한 CO1 유전자 분석한 결과, 바톤반도에서 채집된 깃털진드기간의 종내 변이율은 0.0-0.3%로 나타났다. 바톤반도에서 채집된 *Z. stercorarii*는 노르웨이에서 채집된 개체와 약 5%정도의 차이가 나타났는데, Avenzoariidae과내의 종간 변이율 8.8-25.2%로 보았을 때, 바톤반도의 개체와 노르웨이의 개체는 별종일 가능성이 있다. 따라서 향후 추가적으로 분류학적 연구가 수행된다면 남극개체와 북극개체의 형태적 차이를 면밀히 조사할 필요가 있다.

바톤반도에서 채집된 깃털진드기 집단의 유전적 특성을 보기 위하여, *Zachvatkinia*

*stercorarii*를 대상으로 microsatellite marker를 개발하였다. *Z. sterocrarrii*는 남극에는 서식하는 갈색도둑갈매기와 남극도둑갈매기뿐만 아니라, 북극의 넓적꼬리도둑갈매기 *S. pomarinus*, 북극도둑갈매기 *S. parasiticus*, 큰도둑갈매기 *S. skua*에서도 기록된 바 있다(Dubinin 1952; Atyeo and Peterson 1967, 1970; Gaud 1976; Mironov 1989; Vasyukova and Mironov 1990, 1991). 추후 다산기지나 장보고기지에서 *Z. sterocrarrii*가 채집될 경우 집단유전분석에 도움이 될 것으로 판단된다.

제 17 절. 킹조지섬 서식 생물의 진화적 기원규명: 고생물 분석

1. 서론

남극반도 남шел랜드군(South Shetland Islands)의 킹조지섬에는 중생대 백악기에서 신생대 초기의 퇴적층이 광범위하게 분포하고 있으며 그동안 이들로부터 다수의 동·식물화석이 산출 및 보고되었다. 이들에 대한 남극 고생물 연구는 생물의 기원과 진화 및 과거 남극대륙의 고환경을 파악하는데 중요한 위치를 차지하고 있다. 그중 목재화석을 대상으로 한 연구의 경우 과거 남극의 고환경을 파악하는데 중요한 정보를 제공해 주었다(Torres, 1984, 1990; Poole et al., 2001). 하지만 이들 목재화석은 지금까지 알려진 그 산출규모에 비해 상대적으로 적은 수의 연구가 수행되었다. 본 연구는 킹조지섬 내, 세종과학기지가 위치하고 있는 바톤반도를 비롯하여 인근 지역의 퇴적층에서 산출되는 목재화석을 채집한 후 그 해부학적 구조를 분석하여 목재화석 분류군을 밝히고 이를 바탕으로 과거 남극반도의 고환경 및 생물지리적 진화에 대한 이해를 넓히고자 하였다.

2. 재료 및 방법

남극반도 남шел랜드군도 내 킹조지섬의 바톤반도, 위버반도, 필데스반도에서 목재화석을 채집하였다. 채집된 목재화석들 중 필데스반도 Stoffles Point 주변의 화산쇄설암에서 산출된 표본들과 바톤반도의 라필리옹회암에서 산출된 표본들을 중심으로 박편을 제작하였다. 박편제작은 암석절삭기를 이용하여 목재해부학적 방법에 의거, 삼단면으로 제작하였고 광학현미경과 주사전자현미경(SEM)으로 관찰한 후 분류군을 동정하였다.



Figure 79. 킹조지섬 바톤반도, 위버반도, 필데스반도의 목재화석 채집 장소(적색 포인트)

3. 결과

가. 필데스반도 Stoffles Point 주변 화산쇄설암에서 산출된 목재화석

(1) *Protopodocarpoxylon* sp. (표본번호 KOPRIF 25047)

나이테가 뚜렷하거나 때로 미약하며 위연륜과 유사한 형태의 구조가 존재한다. 춘재(earlywood)에서 추재(latewood)로의 전이는 급격하거나 다소 점진적이다. 춘재가도관은 횡단

면상에서 정사각형, 직사각형 또는 다각형의 형태를 보이고 추재가도관은 대체적으로 크기가 작고 접선방향으로 납작하며 세포벽이 다소 두껍다. 추재가도관의 세포수는 1-3으로 그 폭이 좁지만 부분적으로 넓은 경우도 보인다. 수지도는 존재하지 않으며 주축유조직이 존재한다. 가도관 방사벽공은 단열 또는 양열로 존재하며 서로 접촉하거나 떨어져서 존재하는 혼합형(mixed-type)이다. 벽공이 양열시 호생(alternate), 대생(opposite) 또는 반대생(sub-opposite)으로 나타난다. 교차역벽공(cross-field pits)은 나한송형(podocarpoid) 또는 삼나무형(cupressoid)의 형태를 보이며 교차역당 주로 1개 또는 드물게 2개가 존재하며 매우 드물게 3개가 존재한다. 방사유조직의 수평벽과 수직벽은 평활하다. 방사가도관(ray tracheid)은 존재하지 않는다. 방사계는 주로 단열이며 세포고의 수는 1-10로 낮은 편이다. 가도관 접선벽공이 존재하며, 존재 시에는 주로 추재가도관에서 나타난다. (※ 본 표본은 앞선 보고에서 *Metapodocarpoxylon* sp.로 동정되었지만 이후의 분석에서 필로클라도이드형 교차역 벽공이 본연의 구조물이 아닌 화석화되는 과정에서 나타난 것으로 판단되어 *Protopodocarpoxylon* sp.로 수정되었다.)

(2) *Phyllocladoxylon* sp. (표본번호 KOPRIF 25048, 25049, 25051, 25054)

나이테가 존재하고 춘재에서 추재로의 전이는 급격하다. 춘재가도관은 횡단면상에서 정사각형, 직사각형 또는 테두리가 둥근 형태를 보인다. 추재가도관은 대체적으로 작고 세포벽이 두껍다. 가도관 방사벽공은 단열이며 주로 떨어져 존재하고 드물게 접촉되어 있다. 벽공들 사이에 흑색 바(bar)와 유사한 구조물이 존재하지만 crassulae인지는 확실하지 않다. 교차역벽공은 주로 필로클라도이드형과 창(window-like)형이며 드물게 유연벽공(bordered pit)도 나타난다. 교차역당 주로 1개의 벽공이 존재하며 드물게 2개가 존재하는 경우도 있다. 방사계는 단열이며 세포고의 수는 1-17로 높지 않다. 원형 또는 타원형의 가도관 접선벽공이 존재한다.

(3) *Agathoxylon* sp. 1 (표본번호 KOPRIF 25050)

나이테가 존재하고 춘재에서 추재로의 전이는 급격하다. 횡단면상에서 춘재가도관의 형태는 둥글거나 사각형이고 추재가도관은 다소 작으며 세포벽이 두꺼운 편이다. 가도관 방사벽공은 서로 접촉되어 나타나고 단열, 양열 또는 드물게 삼열로 존재한다. 양열 이상 시 벽공은 교호하는 전형적인 남양삼나무형(arauacarioid)이다. 교차역벽공 역시 남양삼나무형으로서 교차역당 많게는 6개까지 존재한다. 방사계는 단열이며 세포고는 약 1-11 높이로서 낮은 편이다. 가도관 접선벽공은 관찰되지 않는다.

(4) *Agathoxylon* sp. 2 (표본번호 KOPRIF 25053)

나이테가 존재하고 춘재에서 추재로의 전이는 급격하다. 추재가도관의 세포수는 1-2로 그 폭이 매우 좁다. 수지도는 존재하지 않는다. 가도관 방사벽공의 형태는 전형적인 남양삼나무형으로서 단열, 양열, 삼열이 존재한다. 교차역벽공은 남양삼나무형으로서 교차역당 2-4개 이상이 존재한다. 방사계는 단열 또는 부분적으로 양열이 존재하고 세포고는 1-16 높이까지 보이며 세포의 직경이 type 1에 비해 넓은 것이 특징이다. 또한 횡단면상에서 방사계 양쪽으로 존재하는 가도관들의 세포 내강에 흑색의 물질들이 분비되어 있다.

(5) Dicotyledonous wood (표본번호 KOPRIF 25056)

나이테가 존재하고 산공재(diffuse-porous)에서 반환공재(semi-ring porous)의 모습을 보인다.

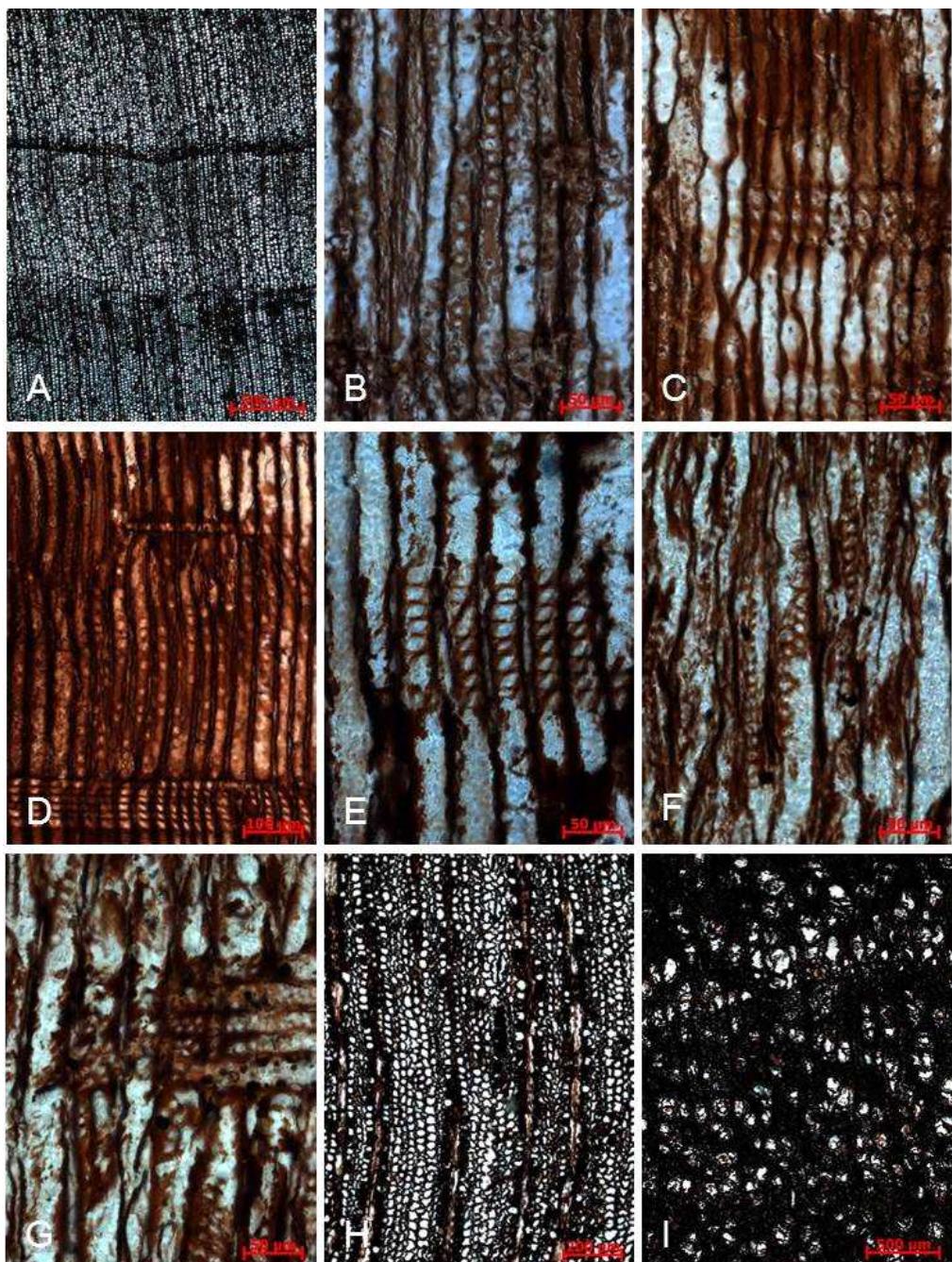


Figure 80. 필데스반도 Stoffles Point 주변에서 산출된 목재화석들의 해부학적 구조를 보여주는 현미경 사진들. A, KOPRIF 25047의 횡단면 사진; 나이테가 존재하며 위연륜과 유사한 구조물이 존재. B, KOPRIF 25047의 방사단면 사진; 훈합형의 가도관 방사벽공이 존재. C, KOPRIF 25047의 방사단면 사진; 교차역당 1개의 벽공이 존재. D, KOPRIF 25048의 방사단면 사진; 가도관 방사벽공이 서로 떨어져서 존재. E, KOPRIF 25048의 방사단면 사진; 창형 또는 필로클라도이드형의 교차역 벽공이 존재. F, KOPRIF 25050의 방사단면 사진; 남양삼나무형의 가도관 방사벽공이 존재. G, KOPRIF 25050의 방사단면 사진; 남양삼나무형의 교차역벽공이 존재. H, KOPRIF 25053의 횡단면 사진; 방사계 양 옆에 존재하는 가도관에 흑색의 물질들이 분비되어 있음. I, KOPRIF 25056의 횡단면 사진; 산공재의 도관분포를 보임.

나. 바톤반도 라필리옹회암에서 산출된 목재화석과 위버반도에서 산출된 목재화석

(1) 바톤반도 목재화석 산출지 확인

과거 바톤반도에서 산출된 목재화석의 경우 전석들이 전부였기 때문에 그 산출지에 대한 기원이 불분명하였지만 본 탐사를 통해 채집된 목재화석들은 그 산출지가 세종층을 부정합으로 덮고 있는 라필리옹회암임을 새롭게 확인하였다.



Figure 81. 킹조지섬 바톤반도와 위버반도에서 산출된 목재화석들. A) 바톤반도 라필리옹회암에 박혀있는 목재화석 트렁크, B) 바톤반도 라필리옹회암에 박혀있는 목재화석 줄기, C) 위버반도에서 산출된 목재화석.

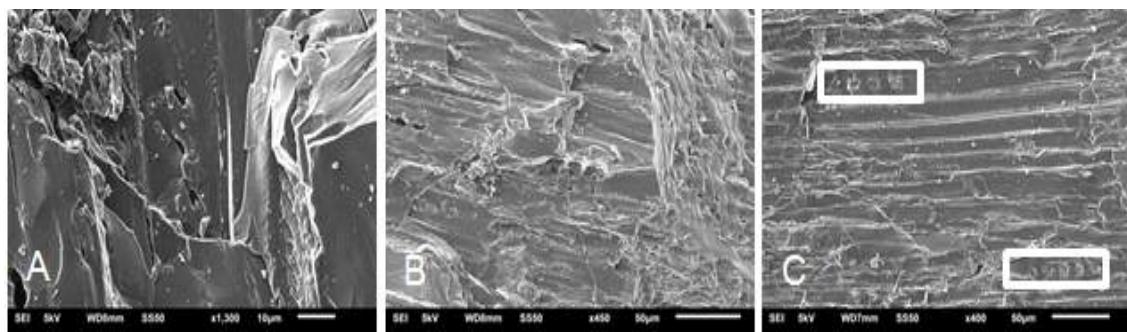


Figure 82. 바톤반도 라필리옹회암에서 산출된 목재화석의 해부학적 구조를 보여주는 주사전자현미경 사진들(KOPRIF 25058). A, 방사단면; 단열의 가도관 방사벽공이 존재. B, 접선단면; 단열의 방사계. C, 방사단면; 단열의 가도관 방사벽공들(백색 직사각형).

(2) 위버반도 목재화석

본 탐사를 통해 위버반도에서 처음으로 목재화석 산출이 확인되었다. 향후 더 많은 탐사 활동을 통해 바톤반도의 유사한 암상에서 산출되는 목재화석과의 비교연구가 가능할 것으로 기대된다.

다. 킹조지섬 목재화석 Database

과거 8속의 목재화석 분류군에 본 탐사를 통해 확인된 두 속의 분류군이 새롭게 더해져 그 목재식물상의 다양성이 증가되었다.

Table 26. 킹조지섬에서 산출 보고된 목재화석 분류군

Taxa	Reference
<i>Agathoxylon</i>	Torres and Lemoigne, 1988; Chun and Chang, 1991; Cantrill and Poole,

	2012: New
<i>Cupressinoxylon</i>	Poole et al., 2001; Cantrill and Poole, 2012
<i>Podocarpoxylon fildesense</i>	Torres, 1984; Zang and Wang, 1994; Poole et al., 2001;
<i>Podocarpoxylon</i>	Cantrill and Poole, 2012
<i>Nothofugus scalariforme</i>	Poole et al., 2001
<i>Nothofagoxylon neuquense</i>	Poole et al., 2001
<i>Nothofagoxylon corrugatus</i>	Poole et al., 2001
<i>Nothofagoxylon antarcticus</i>	Torres, 1984; Zang and Wang, 1994
<i>Nothofagoxylon</i>	Jagmin, 1987; Cantrill and Poole, 2012
<i>Eucryphiaceoxylon eucryphiooides</i>	Poole et al., 2001
<i>Myceugenelloxylon antarcticus</i>	Poole et al., 2001
<i>Caldcluvioxylon</i>	Torres, 1990; Zhang and Wang, 1994
<i>Protopodocarpoxylon</i>	New
<i>Phyllocladoxylon</i>	New

4. 고찰

필데스반도 Stoffles Point 주변에서 산출된 10개의 목재화석을 해부학적으로 분석한 결과, 9개의 목재화석이 나자식물 구과류로 확인되었고 이들의 분류군은 *Protopodocarpoxylon* sp., *Phyllocladoxylon* sp., *Agathoxylon* sp. 1, *Agathoxylon* sp. 2로 동정되었다. 그리고 나머지 목재화석은 쌍자엽 목재로 확인되었다. 이들은 채집된 표본수에 비해 그 다양성이 상대적으로 높게 나오는 특징을 보여주고 있으며 대부분의 목재화석이 나이테를 가지고 있다는 점에서 당시 남극반도가 지금과 유사한 고위도에 위치하고 있었음에도 불구하고 그 기후가 오늘날과는 다른 계절성의 온대 기후였다는 사실을 지지해주고 있다. 또한 킹조지섬 내에서 지역별로 구과류가 우점하는 지역이 존재하였음을 시사해준다.

바톤반도에서 산출된 목재화석들 중 현재까지 해부학적 구조를 확인한 표본들은 모두 구과류로 확인되었다. 이는 현화식물 목재화석이 산출되는 필데스반도의 목재식물상(wood flora)과는 다소 차이를 보인다. 향후 더 많은 표본의 결과에 따라 필데스반도 목재식물상과 바톤반도 목재식물상의 비교를 통해 킹조지섬의 시간적, 공간적인 식물상의 차이를 확인해 볼 수 있을 것으로 기대된다. 또한 과거 세종충에서 산출된 잎화석의 식물상과도 차이를 보이는데 이 역시 서로간의 비교연구를 통해 바톤반도 내에서의 지질시기에 따른 식물상의 변화를 살펴볼 수 있을 것이다.

제 18 절. 낫깃털이끼의 수분구배에 따른 광합성능과 유전자 발현 분석

요약: 본 연구에서는 낫깃털이끼 서식지의 수분구배에 따른 광합성능을 분석하고 발현차이를 보이는 유전자 선별을 하여, 환경변화에 대한 육상식물의 반응을 분자 수준에서 확인하고자 한다. 극지 선택류는 현화식물의 비중이 낮은 남극의 육상생태에서 가장 높은 비중을 차지하는 1차 생산자이며, 기후변화에 민감한 환경모니터링 지표종들이다. 또한 이들은 연중 극한의 저온과 극단적인 광주기 등 극심한 환경조건에서 생존하기 위하여 다양한 환경적응기작을 발달시켜 왔기 때문에 환경에 대한 분자 반응 기작을 연구하기에 매우 적합하다. 따라서 극지방 환경변화에 따른 선택류 반응 연구는 극지방 생물의 환경 반응 예측에 대한 좋은 성과를 얻을 수 있을 것이다. 이를 위해 킹조지섬 바톤반도의 남극세종과학기지 KGLE-09 site ($62^{\circ}13'13"S$; $58^{\circ}46'18"W$)의 낫깃털이끼 서식지 주변의 미소환경 정보를 수집하여, 서식지의 수분구배에 따라 세 곳의 개체군을 선택하였다. 주변으로부터 물의 유입이 많은 연안 지역, 모스카펫을 형성하며 자라는 지역, 암석 표면의 건조한 지역으로 나누어 이 곳에 서식하는 식물체의 수분함량을 조사하였으며, 그 결과, 이들의 수분함량은 순서대로 65%, 45%, 25%로 측정되었다. 수분 함량이 다른 식물체들을 대상으로 PSII 형광에 기초한 광합성량을 측정한 결과, 수분함량이 높을수록 광합성능을 대변하는 ETR 값이 증가하였다. 반면, 수분함량이 45%와 25%를 보였던 모스카펫지역과 암석표면 지역의 개체군에서는 고광 조건에서 광저해 현상을 보였다. 수분구배에 따른 낫깃털이끼의 차별적 유전자 발현 분석을 위해 각 지역의 이끼 샘플로부터 RNA를 추출하여 RNA-seq 분석을 수행하였으며 각 샘플별 차별적인 발현을 보이는 유전자(DEG)를 선별하였다. 그 결과, 수분함량이 가장 높았던 연안지역의 개체군의 유전자 발현량과 비교하여, 암석표면 개체군 샘플과 모스카펫 지역의 개체군 샘플에서 특이적으로 발현되는 DEG의 수는 각각 709개, 546개였으며, 건조 관련 유전자들은 수분함량이 낮을수록 그 발현이 증가하는 것으로 보였다. 암석표면 개체군 샘플과 모스카펫 지역의 샘플에서 공통적으로 발현이 증가하는 유전자는 10개였으며, 발현이 감소하는 유전자는 42개였다. 건조 조건에는 Rubisco small subunit과 ELIP 단백질들이 증가하였다. 수분과 광스트레스에 의해 유도되는 것으로 알려진 ELIP(early light-induced proteins) 단백질이 다수 포함된 것을 매우 특징적이다.

ABSTRACT: In this study, we analyze the photosynthetic ability of the water gradient of habitat for Antarctic *Sanionia uncinata* and try to predict the response of the terrestrial plants to environmental changes based on the genomic information by genetic screening showing the expression difference according to the water gradient of the habitat. Antarctic mosses are the primary producers with the most abundant biomass in terrestrial ecosystem of Antarctica. These are environmental indicator species sensitive to climate change. They are also well suited for studying molecular response mechanisms for environment change because they have developed a variety of environmental adaptation processes to survive extreme environmental conditions, such

as extreme low temperatures and extreme photoperiods throughout the year. Thus, in this study, we aimed to clarify the relationship between physiological phenomena and gene expression in response to the frequent environmental changes. To this end, we first collected microclimate information on the microenvironment of *S. uncinata* populations from the KGLE-09 site ($62^{\circ} 13'13''S$; $58^{\circ} 46'18''W$) of the Antarctic King Sejong Station, Baton Peninsula. Three habitats were selected according to the moisture gradient. Moisture contents of the plants inhabiting the area were divided into the coastal area with high influx of water from the surrounding area, the region where the moss carpet was formed and the dry area with the rock surface. The water content of these plants was 65%, 45%, And 25%, respectively. As a result of measuring the photosynthetic rate based on PSII fluorescence in plants with different water contents, the ETR value representing the photosynthetic ability was increased as the water content was going higher. On the other hand, the populations of moss carpet area and rock surface area showed photoinhibition at high light condition. RNA was extracted from the moss samples from each region for RNA-Seq analysis to clarify the differential expressed genes. As a result, the number of DEGs specifically expressed in the rock surface population samples and the population samples of the moss carpet area were 709 and 546, respectively, as compared with the gene expression of the coastal population having the highest moisture content. Ten genes were commonly increased in expression for both samples of the rock surface and of the moss carpet area, and 42 genes were decreased in expression. Rubisco small subunit and ELIP proteins increased in the dry condition. It is notable many of early light-induced proteins (ELIP) known to be induced by moisture and light stress are induced in the dry condition.

1. 서론

가. 연구개발의 목적

국내를 비롯 전 세계적으로 연구가 부진한 극지선태류의 환경변화에 대한 육상식물 반응 예측의 유전학적 기반 확보를 본 연구의 목표로 삼는다. 세부적으로는 첫 번째 낫깃털이끼의 수분구배에 따른 광합성능 분석, 두 번째 수분구배에 따라 차별적인 반응을 보이는 유전자 선별이다.

나. 연구의 필요성

극지선태류는 현화식물의 비중이 낮은 남극의 육상생태에서 가장 높은 비중을 차지하는 1차 생산자로서, 연중 극한의 저온, 극단적인 광주기 등 생물의 서식환경 중 가장 극심한 지역에서 생존하기 위해 다양한 환경적응 기작을 발달시켜 다른 지역에서는 확보할 수 없는 독특한 형질 보유하고 있고, 진화적으로 현화식물과 확연히 구분되는 생물진화 연구의 주요 연구대상인 동시에 기후변화에 민감한 환경모니터링 지표종으로서 최적의 모델이다. 그러므로, 극지방 환경변화에 따른 선태류 반응 연구를 통해 극지방 생물의 반응 예측에 대한 연구 성과를 얻을 수 있을 것이라 판단된다.

다. 국내외 기술개발 현황

생물체의 유전자와 환경요인의 상호작용에 대해 연구하는 환경유전체학은 최근 분자생물학 연구기법과 차세대 염기서열 분석법의 발달에 따라 빠른 성장을 보여왔다. 특히, 극지 선택류는 육상생태계 1차 생산량의 대부분을 담당하는 우점 분류군으로 생물진화의 주요 연구 모델이며 환경 모니터링에 적합한 지표종으로서의 높은 인식에도 불구하고 유전체를 비롯한 분자생물학 수준의 연구가 전무하다. 기후변화에 수반되는 환경요인의 변화에 가장 심각하게 노출되어 해마다 상당한 개체군 크기의 변동을 보이는 극지생물은 환경유전체학을 접목하기 가장 좋은 대상이지만 극지 연구 선진국에서조차 연구가 개시되지 않았다. 현재까지 발표된 극지 선택류 연구결과는 생태(52.6%), 생리(29.8%), 천연물(10.5%), 분류(5.3%) 등 분야가 매우 편중되어 있고 유전체 연구를 접목한 사례는 거의 전무한 실정이다. 모델선택류인 *P. patens*의 환경스트레스에 의한 발현유전체 변화 분석하여 (Khraiwesh et al., 2015) 건조, 염, 수분스트레스에 대한 *P. patens*의 저항성 정도를 생리적으로 검증하고 각 스트레스 조건에서 차별적으로 발현되는 단백질과 유전자를 찾아서 동정한 결과, 45개 신규 유전자를 발굴하여 차후 유전자 기능 분석과 스트레스에 대한 마커 유전자로 활용하였다. 극심한 건조 조건에서도 몇 년간 휴면상태로 지내다가 다시 수분이 주어지면 되살아나는 선택류 *Tortula ruralis*에 대한 건조 및 습윤 조건에서의 환경유전체 분석을 통해 만여 개 유전자를 탐색하고 데이터베이스화하여 세포수준의 건조조건에서 식물의 저항성을 연구하는 모델로 발전되었고(Oliver et al., 2004), 북극선택류 *Aulacomnium turgidum*의 발현유전체를 분석하여 북극 다산기지 주변 선택류 *A. turgidum*의 유전자 509종에 대한 염기서열 분석을 통해 자외선 조사량이 많은 극지의 특성을 고려하여 자외선에 의해 발현이 변화하는 유전자 2종을 선별하여 이들이 발현과 환경적응의 연관성 제시하였다(Liu et al., 2010).

선행 연구가 거의 없는 극지 선택류인 낫깃털이끼를 대상으로 극지방에서의 환경 적응과정과 잦은 환경변화에 반응하는 생리현상과 유전자 발현간의 상관관계 규명을 통한 기반자료 확보가 시급하다.

2. 재료 및 방법

가. 낫깃털이끼 샘플링

자연조건에서 생장한 남극 낫깃털이끼(*Sanionia uncinata*)를 킹조지섬 바톤 반도의 대한민국 남극세종과학기지 KGLE-09 site ($62^{\circ}13'13"S$; $58^{\circ}46'18"W$)에서 채집하였다 (Fig. 83). 다습, 중간 및 건조의 3가지 서로 다른 수분구배에 서식하는 식물체를 각 조건별 3 회씩 수집하였다. 조직을 액체 질소로 즉시 동결시키고 막자사발로 갈아서 1.5 ml Eppendorf 튜브에 옮기고 -80°C 에서 보관하였다.

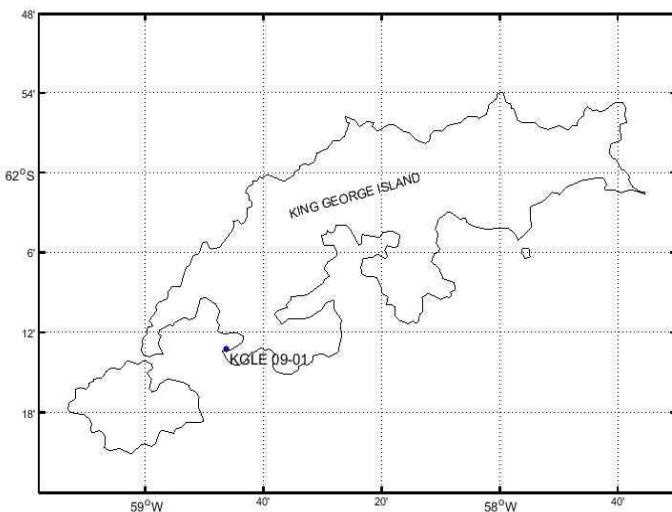


Figure 83. King George Island with the sampling area. *Sanionia uncinata* samples were collected on King George Island, Barton Peninsula, Antarctic, $62^{\circ}13'13''\text{S}$ $58^{\circ}46'18''\text{W}$.

나. 미소기후 측정

여름 동안 남극의 미소기후 측정장치를 사용하여 자연 환경내 *S. uncinata*의 공기온도, 표면온도, 상대습도, 절대습도 그리고 광도를 측정하였다. 데이터 로거(Hobo, Onset, Bourne, MA, USA)를 사용하여 각 센서의 판독 값을 10 분 단위로 기록하였다.

다. 광합성 및 엽록소 측정

광합성능 분석을 위한 엽록소 형광 측정은 현장에 서식하는 식물체를 대상으로 수행되었다. 최적 광화학 효율 (F_v / F_m), RLC 생성, 퀸칭 계수 및 엽록소 형광 방출 스펙트럼 등의 파라미터가 포함되었다. 측정 과정에는 휴대용 펄스 진폭 변조 (PAM) 형광 측정기 (Mini PAM, Walz, Germany)를 사용하였다. 표준화된 프로토콜을 따라서 각각 다른 조직에 대해 5회 반복 수행하였다. $F_v / F_m = (F_m - F_0) / F_m$, $F_v / F_m = (F_m - F_0) / F_m$ 의 식으로부터 F_v / F_m 을 구하였다. 이 방정식에서, F_0 는 암순응 후 최소 형광값, F_m 은 암순응 샘플에서 포화 후 최대 형광값을 의미하고, 연속적으로 RLC가 측정되었다. 빛은 8 단계 (PAR 0, 127, 192, 288, 424, 634, 833, 1161 및 $1514 \mu\text{mol photons m}^{-2}\text{s}^{-1}$)에서 최대 $1514 \mu\text{mol photons m}^{-2}\text{s}^{-1}$ 로 연속적으로 증가하도록 설정하고, 각 단계마다 10 초 동안 지속되는 동안 광계 2의 상대 전자 수송율(ETR)을 측정하였다.

라. RNA 시퀀싱을 위한 RNA 추출 및 라이브러리 준비

RNA 시퀀싱을 위해 채집한 이끼 샘플을 trizol과 혼합하고 현장에서 유봉을 사용하여 멀균된 1.5 ml 튜브에서 분쇄하였다. RNeasy Plant Mini Kit (Qiagen)을 사용하여 100 mg 조직에서 총 RNA를 분리한 후 RNase-free DNaseI (Qiagen)를 제조사의 메뉴얼에 따라 처

리하였다. RNA 양과 퀄리티는 Qubit RNA Broad-range Assay Kit (Life Technologies, Carlsbad, CA, USA), 2100 Bioanalyzer (Agilent Technologies, Santa Clara, CA, USA)와 1% 아가로즈 겔에서의 전기영동으로 각각 확인하였다. 시퀀싱 라이브러리를 만들기 위해 TruSeq RNA v2 (Illumina, San Diego, CA, USA)를 사용하였고, 각 시료별로 총 RNA 1.5 ug을 사용하였다. 제조업체의 권장 사항에 따라 라이브러리를 검증하고, Bioanalyzer 및 라이브러리 q-PCR 방법으로 정량화하였다. 각 샘플당 동일한 비율로 Illumina MiSeq Reagent Kit v3의 플로우 셀에 로드하여 MiSeq Sequencer 시스템(Illumina)에서 시퀀싱을 수행하였으며 총 3Gb의 시퀀싱 데이터가 생성되었다.

마. Reference-based assembly와 RNA-Sequencing 분석

서열 분석은 CLC Genomics Workbench (version 8.0; CLC bio)의 고효율 시퀀싱 모듈을 사용하여 수행되었다. 원시 판독은 어댑터 서열의 절단, 모호한 뉴클레오티드 및 낮은 퀄리티 서열의 트리밍을 진행하였다. CLC Genomics Workbench 내의 프로그램을 사용하여 Reference-based assembly를 진행하였고, 76 bp 미만의 사이즈 시퀀스 절단 후 *S. uncinata* 게놈 레퍼런스에 매핑하여 RPKM 값을 계산하였다. 유의성 검증을 위해 FDR *P*-value < 0.05로 설정하여 필터링했다. 이후 유전자의 차별적 발현 분석을 위해 log₂ fold change > 1 (up-regulated genes), < (-1) (down-regulated genes)의 설정을 적용하였다.

바. cDNA 합성 및 q-PCR 분석

RNA 농도는 260/280 nm에서 분광 광도계 (Nanodrop2000, Thermo, USA)를 사용하여 측정하고, 1.7-2.2의 범위 내에서 260/280 nm 비율이 유지되는 것을 확인하였다. 2 µg의 total RNA를 M-MLV reverse transcription system (Enzyomics)을 사용하여 cDNA를 합성하고, PCR 정제 키트 (Qiagen)를 사용하여 정제하였다. 생성된 cDNA는 10배 희석하여 qRT-PCR의 주형으로 사용하였다. RNA-Seq 데이터의 검증을 위한 qRT-PCR은 Rotor-Gene Real-Time System (Qiagen)에서 수행하였다. qRT-PCR은 각 cDNA 샘플에 대해 2 개의 biological replicate 과 4 개의 technical replicate로 구성하였다. 데이터를 기준으로 SunaTub (SunaTub_13753, SunaTub_1525)를 Reference primer로 사용하였다. 먼저 95°C에서 3분간 변성시킨 후, 95°C에서 30초, 55°C에서 30초, 72°C에서 1분을 반복하는 것을 28회 수행하였고, 28회 반복이 끝난 후 72°C에서 5분간 추가로 중합반응을 수행한 다음 -20°C에 냉동 보관하였다.

3. 결과 및 고찰

가. 미소기후 및 현장 조건

수분 구배에 따른 선택류 낫깃털이끼의 광합성능과 관련 유전자 발현의 차이를 분석하기 위해, KGLE09 현장 내 낫깃털이끼 개체군을 다습(Wet), 중간(Intermediate), 건조(Dry)의 3단계로 구하였다. 서식지의 미기후 측정을 위해서 경조지점의 62°13'13"S 58°46'18"W KGLE 09 사이트에 호보를 설치하였다(Fig. 83). 2015년 1월 동안 현장에서 온도, 광량 및 상대습도를 측정한 결과, 토양온도와 기온은 며칠 동안 0°C 이상을 유지했지만 자정 무렵엔 영하로 떨

어졌다. 토양 온도는 지의류나 이끼, 눈으로 덮여 공기온도보다 높았다. 상대습도는 공기와 토양 온도와 반대로 나타났다. 상대습도는 일반적으로 온도가 증가함에 따라 감소하지만, 온도변화가 덜할 때 일정 수준으로 유지되었다(Fig. 84).

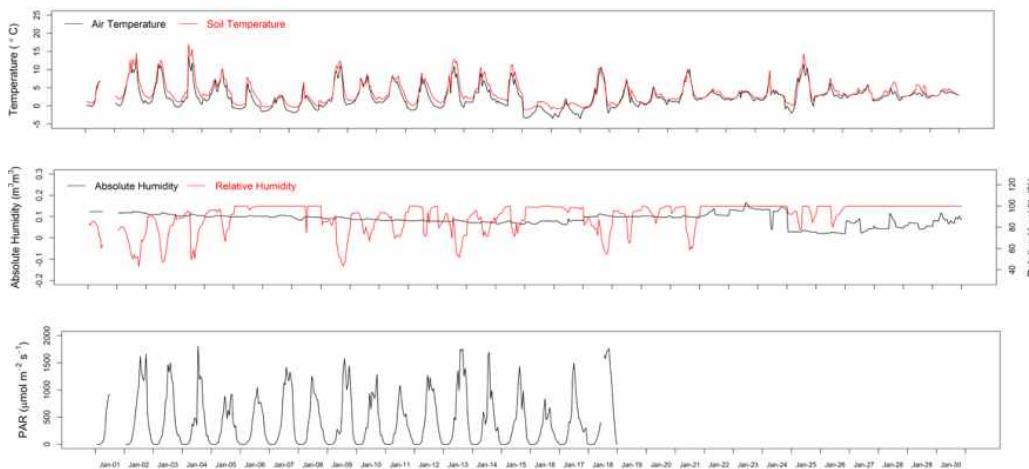


Figure 84. Daily variation of meteorological conditions in January 2015 where *Sanionia uncinata* (Hedw.) Loeske plants growing under natural conditions in the vicinity of the King Sejong Antarctic Station ($62^{\circ}14'29''S$; $58^{\circ}44'18''W$), on the Barton Peninsula of King George Island during the austral summer.

나. 건조 조건에서의 광합성

수분 구배가 다른 세 가지 서식지의 낫깃털이끼의 수분 함량을 측정하였다. 연안 지역에 가까운 다습한 곳에 서식하는 식물체의 경우 65%, 카펫을 형성하며 자라는 중간 지역의 식물체는 45%, 암석 표면의 건조한 곳에 서식하는 식물체는 25%의 수분을 포함하고 있었다(Fig. 85B).

이처럼 수분 함량이 다른 식물체들을 대상으로 PSII 형광에 기초한 광합성량을 측정한 결과, 수분함량이 높을 수록 광합성능을 대변하는 ETR 값이 증가하였고, 수분이 제한적인 건조, 중간 개체군에서는 고광 조건에서 광저해 현상을 보였다 (Fig. 85A). RLC(Rapid light curves)는 다양한 빛의 범위에서 식물의 반응을 나타낸다. Fig. 85A는 낮은 광에서 ETR 값이 상승하다가 고광조건에서는 광합성 경로가 제한되어 광저해가 일어나 광포화 상태에 이르는 전형적인 양상을 보인다. 포화광에서의 최대 ETR 값은 수분이 많을 때보다 건조한 조건에서 감소했다. 건조 스트레스는 빛의 포획과 그 이용간의 불균형으로 인해 식물의 광합성을 억제하는 것으로 알려져 있다(Foyer and Noctor, 2000). 수분함량에 따른 광저해는 산소 유도체에 의해 일어나는 카로티노이드의 파괴, 엽록소의 탈색 그리고 지질의 과산화 등을 수반하고 수분이 부족하면 물의 증산을 막기 위해 기공을 닫아버리므로 이산화탄소의 흡수가 불가능해져 광합성 속도가 저하되었다 (Fig. 85C).

엽록소 함량에 따라 광합성의 광 저해가 낮아져서 곡물 성장에 대한 탄수화물 손실을 감소시키기는 특성을 가지고 있다(Farquhar et al., 1989). Melick & Seppelt (1994)의 연구 결과, 건조스트레스는 엽록소 함량의 감소를 초래했다. 본 연구에서도 수분이 많은 상태에서 엽록소의 함량이 가장 높았고 건조할 수록 감소하는 경향을 보였다(Fig. 85C).

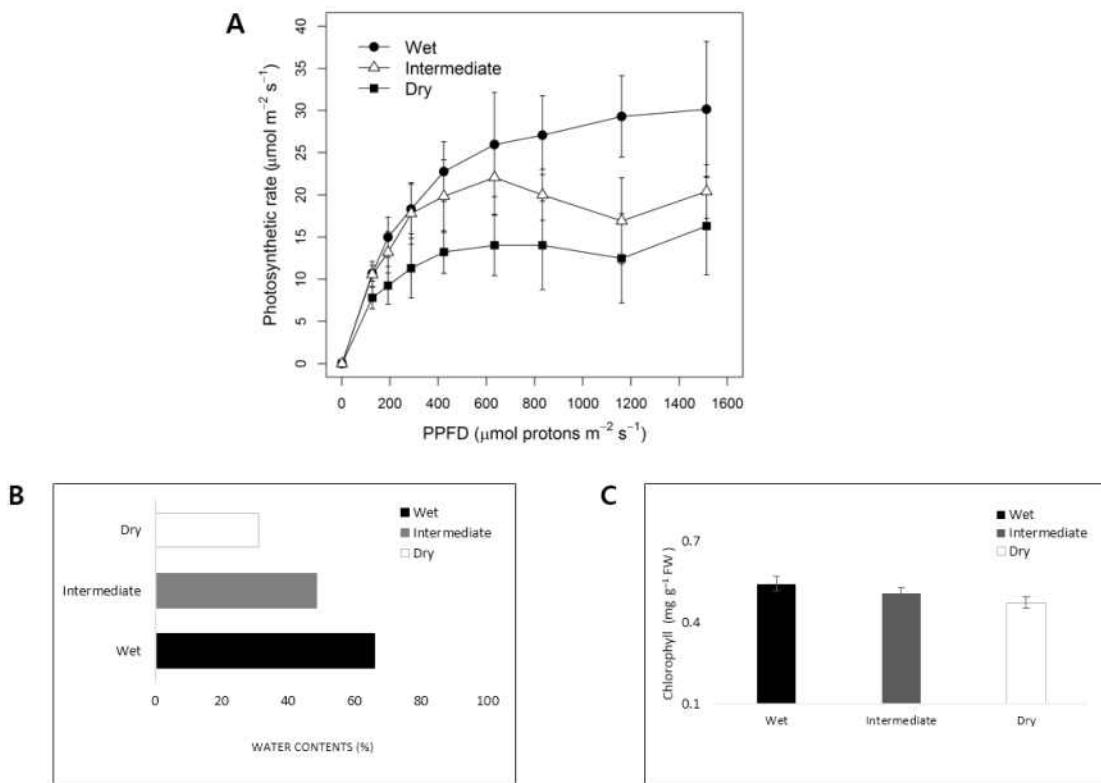


Figure 85. Impacts of dry/wet climatic condition on photosynthesis, water content and chlorophyll content in *S. uncinata*. Photosynthetic response of *S. uncinata* to the photosynthetic photon flux density (PPFD) under different water potential conditions. (A) Photosynthesis (b) Water contents (c) Chlorophyll

다. 수분구배에 따른 낫깃털이끼의 차별적 유전자 발현 분석

다습, 중간 및 건조한 환경과 연관된 낫깃털이끼의 차별적 유전자 발현 분석을 위해 RNA-seq을 수행하였다. 시퀀스 데이터 3.69Gb를 포함한 총 5264 만 건의 짧은 염기서열이 생성되었고 이를 낫깃털이끼 레퍼런스 게놈에 맵핑하였다. 맵핑 비율은 평균 27.52 %였으며 다습, 중간 그리고 건조한 환경 샘플에서 각각 20.86 ~ 30.39 %였다(Fig. 86).

RNA-seq 데이터는 RPKM 값으로 변환되어, 서로 다른 조건간 비교를 통해 차별적인 발현을 보이는 유전자(DEG)들을 선별하였다(Fig. 88). 이들 중 건조와 중간 샘플에서 특이적으로 발현되는 DEG의 수는 각각 709개, 546개였다. 전반적으로, 건조 관련 유전자들은 다습 샘플보다 건조 및 중간 샘플에서 더 많이 발견되었다. 선발된 DEG 중 중간과 건조한 조건에서 공통적으로 발현이 증가하는 유전자는 10개였으며, 발현이 감소하는 유전자는 42

개였다 (Fig. 88B). 건조 조건에서 가장 높은 발현을 보인 유전자는 Ribulose 1,5-bisphosphate carboxylase small subunit으로 다음 조건에 비해 건조 조건에서 23.83배, 중간 조건에서 3.26배 증가하였다. 그리고 scaffold502-snap-gen-2.17-mRNA-1 (caleosin), maker-scaffold597-snap-gene-1.16-mRNA-1 (alpha tubulin), snap_masked-scaffold520-processed-gene-1.1-mRNA-1 (beta tubulin 2), including snap_masked-scaffold2604-processed-gene-0.0-mRNA-1 (early light-induced protein 2), maker-scaffold118-snap-gene-0.4-mRNA-1 (early light-induced protein 3), snap_masked-scaffold239-processed-gene-1.12-mRNA-1(early light-induced protein 10) 등이 건조한 환경에서 발현이 증가하는 것으로 나타났다(Fig. 87). 수분과 광스트레스에 의해 유도되는 것으로 알려진 ELIP(early light-induced proteins) 단백질이 다수 포함된 것을 매우 특징적이다.

기존에 보고된 건조 관련 전사체 연구에서 식물세포를 보호하는 기능을 가진 유전자의 발현이 증가하는 것으로 알려졌다(Moore et al., 2009). ELIP 유전자도 대표적인 유전자 중 하나로, 피자식물(Alamillo and Bartels 2001), 석송류(Iturriaga et al. 2006), 이끼류(Zeng et al. 2002)에서 건조에 의해 발현이 증가하는 것으로 나타났다. ELIP는 건조 스트레스 반응에서 역할을 하는 다양한 환경 스트레스에 대한 식물의 반응에 관여하는 주요 조절인자 중 하나이다. ELIP는 강한 빛(Adamska and Kloppstech, 1994; Lindahl et al., 1997), UV-B (Adamska, 1995), 저온 (Montane et al., 1997), 낮은 산소와 CO₂ 농도(Montane et al., 1998), 영양 부족(Levy et al., 1993) 및 건조(Bartels et al., 1992) 등 다양한 환경 스트레스 요인에 대응하여 식물세포에 축적되는 것으로 알려져 있다.

RNA sequencing을 통해 선별된 건조 관련 DEG들의 발현을 qPCR을 통해 재확인하였다. 분석에 포함된 모든 유전자들이 예상된 크기의 증폭산물을 보였으며 그 발현 역시 RNA-seq 분석결과와 유사한 패턴을 보여, 유전자들의 차별적 발현을 재검증할 수 있었다(Fig. 89).

Condition	Sample ID	Raw reads	Trimmed reads	Mapped reads
Wet	WA_S1	11,525,438	11,518,018	3,502,558 (30.39 %)
	WB_S2	13,768,272	13,743,486	4,149,242 (30.14 %)
Intermediate	IA_S3	5,195,606	5,182,720	1,400,194 (26.65 %)
	IB_S4	4,011,456	3,993,894	836,732 (20.86 %)
Dry	DA_S5	11,008,446	10,986,672	3,357,280 (30.50 %)
	DB_S6	3,034,716	3,022,760	808,684 (26.55 %)

Figure 86. Summary of transcriptome sequencing results for *S. uncinata* with the mapped percentage against the reference genome.

Gene ID	Dry	Intermediate	Functional annotation
maker-scaffold118-snap-gene-0.4-mRNA-1	2.57	2.28	early light-induced protein 3
maker-scaffold259-snap-gene-2.17-mRNA-1	26.83	3.29	Ribulose 1,5-bisphosphate carboxylase small subunit
maker-scaffold502-snap-gene-2.17-mRNA-1	2.98	3.5	caleosin
maker-scaffold597-snap-gene-1.16-mRNA-1	20.02	10.47	alpha tubulin
snap_masked-scaffold239-processed-gene-1.12-mRNA-1	3.78	3.66	early light-induced protein 10
snap_masked-scaffold2604-processed-gene-0.0-mRNA-1	5.73	5.69	early light-induced protein 2
snap_masked-scaffold520-processed-gene-1.1-mRNA-1	4.86	4.91	beta tubulin 2

Figure 87. Representative desiccation-responsive genes in Antarctic moss *S. uncinata* fold change compared to wet.

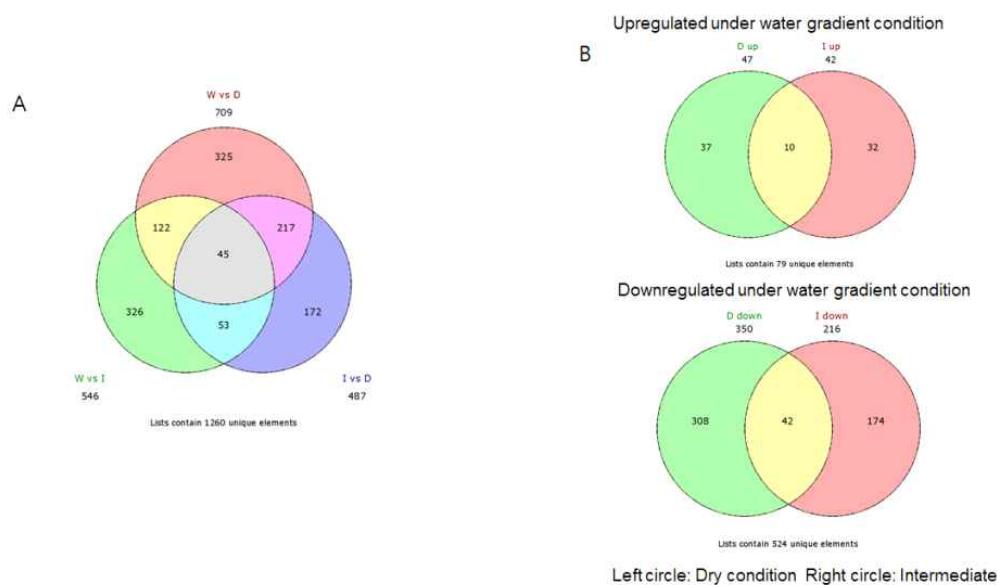


Figure 88. Three-way venn diagrams representing differentially expressed genes among different water content conditions (p-value of FDR < 0.05). Up- and downregulated genes in Dry and Intermediate conditions compared to those under wet condition are shown in two-way venn diagrams.

(A) Venn diagram for overall results of expression. (B) Venn Diagram for results of differentially expressed genes and diagram with filter for up- and downregulated genes in *S. uncinata*, respectively.

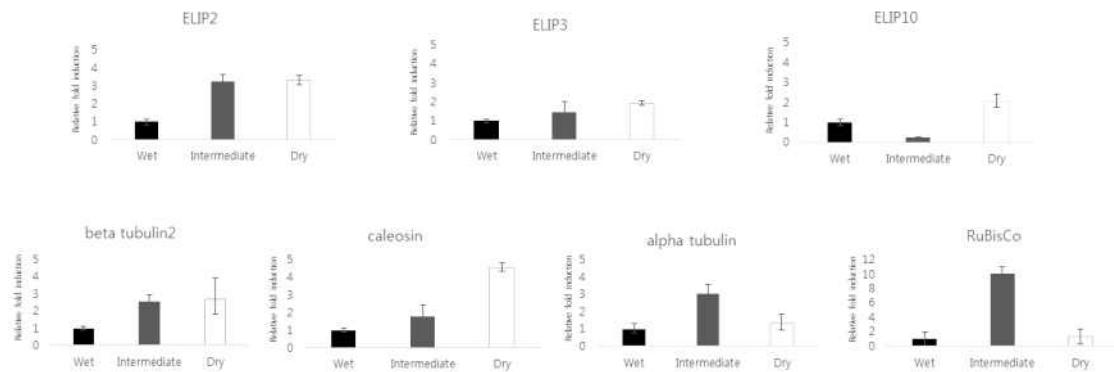


Figure 89. Quantitative real-time-PCR validation of differentially expressed transcripts from RNA-seq. To confirm the accuracy and reproducibility of the Illumina RNA-Seq results, seven desiccation-responsive genes were chosen for qPCR detection.

제 19 절. 지의류 생리 유전자발현 간 상관관계 분석

요약: 바톤반도의 주요 식생인 지의류의 생리 연구는 바톤반도의 미환경의 변화에 따른 반응과 분포 예측에 중요한 단서가 될 수 있다. 다양한 환경 조건에 따른 지의류의 광합성 활성을 확인하기 위하여 바톤반도 현장에 서식하는 지의류 *Cladonia gracilis*의 광합성활성을 분석하였다. 선형회귀분석결과 지의류의 수분함량이 최대 광화학 효율과 관련이 있는 것으로 추정되었다. 수분함량을 상(H), 중(M), 하(L)로 나누어 확인 한 결과 수분함량이 높아짐에 따라 최대광합성효율이 증가하고 또한 이산화탄소 생성률을 대변하는 ETR값이 안정적이며 광저해현상을 보이지 않았다. 이러한 결과로 *C.gracilis*의 광합성능을 결정하는 중요한 요소 중 하나가 수분함량이며 수분함량의 변화에 따른 유전자 발현 차이를 확인함으로써 미환경 변화에 따른 반응 예측에 중요한 정보가 될 수 있다.

1. 서론

남극 바톤반도는 작은 크기에 비하여 다양한 지형이 존재하고 이것은 환경특성차이를 유발하여 식생 분포를 다르게 한다. 미환경의 변화는 결국 식생의 분포의 변화를 발생시키고, 특정 환경 요인의 변화에 따른 육상식생의 생리 변화를 확인함으로써 분포 변화 예측의 기반이 될 수 있다. 지의류는 이끼와 함께 바톤반도의 육상생태계를 이루는 주요 식생이다. 지의류가 극한 지역에서 잘 서식할 수 있는 주요한 특징 중 하나는 주위의 수분과 지의체의 수분양을 일치시키는 poikilohydric한 성질 때문이다. 또한 건조 내성이 있기 때문에 수분양이 낮은 곳에서 지의체의 수분양이 함께 낮아진 이후에도 재수화 되었을 때 정상적인 대사 활동을 가능하게 한다(Fernandez-Marin 2016). 건조한 상태의 지의체가 수화되기 시작하여 적정한 수분양이 맞추어 지면 광합성과 호흡을 시작한다. 광합성은 지의류의 상태를 대변해 줄 수 있는 지표로써 사용될 수 있다. 지의류인 *Cladonia gracilis*는 지구 전체적으로 분포하는 코스모폴리탄 종이며, 바톤반도 내에서 유전형 다양성이 높은 분류군에 속한다. 또한 토양습도가 높고 선태류의 서식이 풍부한 지역에 서식하며, 건조한 지역에서 서식하는 지의류 보다 성장속도가 비교적 빨라 생리연구에 적합하다. 본 연구에서는 환경요인에 따른 *C. gracilis*의 광합성 활성에 대해 알아보고자 한다.

2. 재료 및 방법

가. 연구지역과 시료확보

바톤반도 장기모니터링 사이트 중 하나인 KGL03 (62° 13' 29" S, 58° 46' 40" W)은 큰 바위 들이 쌓여있는 사면이고, 사면 뒤쪽에는 이끼 군락이 두껍게 형성되어 있으며 아래쪽에는 군데군데 돌이 드러나 있는 형태이다. 이끼 군락 위에는 *C. gracilis* 가 매우 우점하게 서식하고 있다. 이전의 연구에서 KGL03사이트의 *C. gracilis*의 유전형을 분석 한 결과 두 가지의 유전형(GT1, GT2)이 검출되었고, 그 중 KGL03사이트에서 우점하는 GT1 유전형으로 나타나는 5개의 콜로니를 선별하였다. 수분함량 측정을 위한 시료는 콜로니의 가장자리에서 2 cm 에 부근에 위치한 지의체를 무게를 잰 튜브에 담에 생중량을 측정하고 65 °C에서 24hr

건조시킨 후 건중량을 측정하였다.

나. 광화학 효율과 환경 요소 측정

MINI-PAM II(Walz, Germany)장비로 광계II의 최대 광화학 효율(F_v/F_m), 유효 광화학 효율($Y_{(II)}$), ETR을 측정하였다. 콜로니의 가장자리로부터 2 cm 떨어진 지의체를 랜덤으로 선택하여 검은 천을 댄 판에 놓고 leaf clip으로 고정시킨 후 검은 천 안에서 20분간 암적응을 시켰다. 이후 F_v/F_m 과 ETR, $Y_{(II)}$ 값을 측정하였다. $Y_{(II)}$ 는 랜덤으로 선택 5위치를 선택하여 반복 측정하였다. 광화학 효율을 측정함과 동시에 대기온도, 대기습도 PAR값을 함께 측정하였다.

라. 상관관계 분석

대기온도, 대기상대습도, PAR, 수분함량간의 상관관계분석을 위하여 R을 사용하여 직선 회귀분석을 수행하였다.

3. 결과 및 토의

가. 상관관계 분석

최대광화학 효율이 어떠한 환경요소에 의해 영향을 받는지 확인하고자 선형 회귀분석을 수행하였다. 대기온도, 대기상대습도, 광량, 기질습도의 환경요소에 대해 확인 해 본 결과 네 가지 요인 모두에서 유의한 결과를 보였지만 수분함량이 최대광화학 효율과 관련이 있을 것으로 유추할 수 있었다.

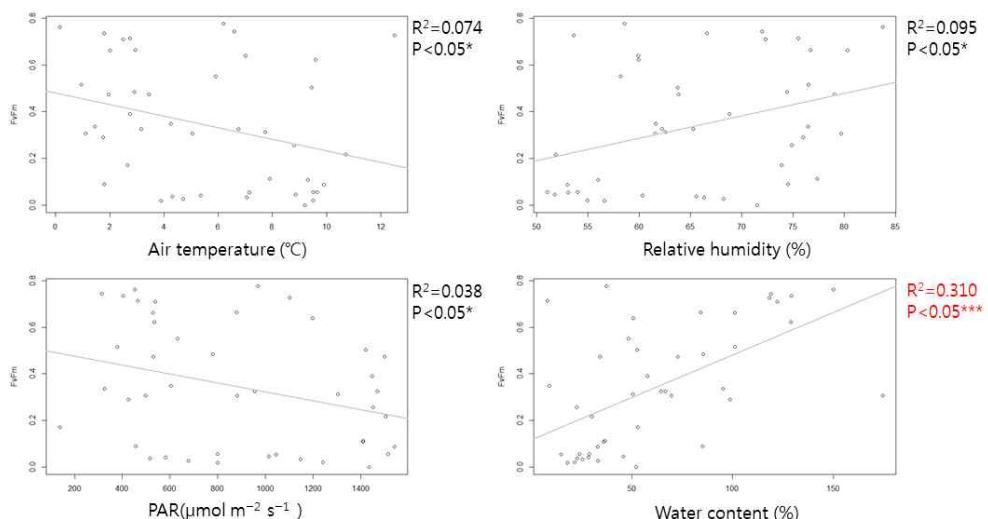


Figure 90. 최대광화학 효율과 대기온도, 대기상대습도, 광합성유효파장, 수분양의 관계

나. 광화학효율과 수분함량

수분함량에 따른 광화학 효율을 확인하기 위하여 수분함량을 상(18-34%), 중(57-101%), 하(122-174%)로 나누어 확인하였다. 수분함량이 높아짐에 따라 최대광합성효율이 증가하였다. 또한 이산화탄소 생성률을 대변하는 ETR값은 수분량이 낮을 때는 광량의 세기가 늘어감에 따라

불안정한 값을 보이지만 수분량이 충분하면 안정적으로 광저해현상을 보이지 않았다. *C. gracilis*는 $150 \mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$ 의 낮은 광에서도 광합성이 가능하다.

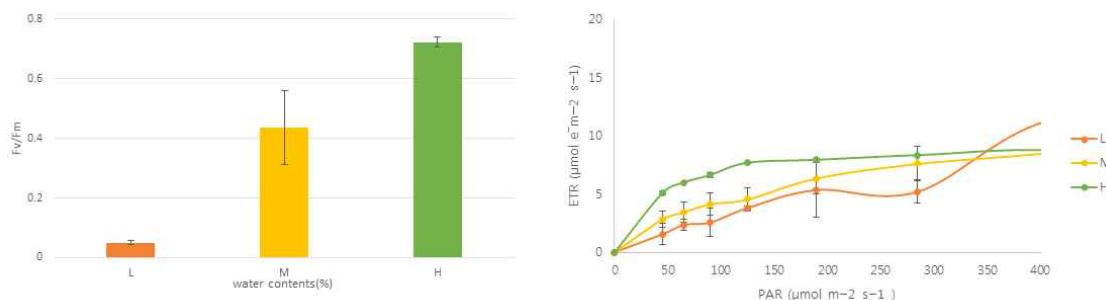


Figure 91. 수분함량에 따른 지의류 *Cladonia gracilis*의 광합성능 (A) 수분함량 차이에 따른 최대광합성효율, (B) 수분함량 차이에 따른 ETR 지표의 변화 비교

4. 결론

본 연구에서는 바톤반도에 서식하는 *C. gracilis*의 환경요인에 따른 광합성활성을 확인하였다. *C. gracilis*는 수분함량 증가할수록 최대광합성효율이 증가하고 이는 다른 요인과의 관계보다 높은 상관성을 가졌다. 또한 적절한 수분양이 충족되면 안정적인 대사활동이 시작되는 것을 유추할 수 있었다. 실제로 넓은 분포 범위를 가지는 많은 지의류 종들은 온도보다는 수분 요인이 더 중요하다(Gauslla 2014). 하지만 지의류는 광량, 대기상대습도 등의 간접적 요인에 의해 수분함량이 결정되기 때문에 다른 요인에 대한 영향도 확인할 필요가 있다. 추후 각 요인별 변화에 따른 *C. gracilis* 유전자 발현연구를 통해 미환경 변화에 따른 지의류의 반응 예측의 중요한 단서를 제공하고자 한다.

제 20 절. 남극 토양 환경모사실험 기초 연구

요약: 토양 환경에서의 질소는 생물 생장의 필수 요소 중 하나이며, 극지역에서는 제한요소로 알려져 있다. 본 연구에서는 남극의 토양환경에서 제한요소인 질소원과 생물 활성에 필수적인 탄소원의 유입과 온도변화에서 미생물 군집 천이 패턴을 분석하고 이 중 변화된 환경에 적응하기 위한 특정 기능 유전자의 종류와 이들의 대사 특성을 이해하고자 하였다. 그 결과 세균 군집 천이는 온도 변화 보다는 질소원, 탄소원의 유입에 더 큰 영향을 받는 것으로 확인되었다. 특히 총질소(TN, %)와 C/N ratio가 군집 천이와 통계적으로 유의미한 상관관계를 보였다. 기능적으로도 NC10-d20(탄소원, 질소원 첨가하여 10C에서 20일 배양)은 물질 분해 관련 세균이 증가한 것으로 보이며, NCT10-d20 (탄소원, 질소원, 미량원소 첨가하여 10C에서 20일 배양)는 에너지 대사관련 세균이 증가한 것으로 확인하였다.

1. 서론

전 지구적 이상기후 등의 영향으로 인하여 온실기체 발생과 생태계변화, 생물천이 등과 관련된 생지화학적 물질순환에 대한 관심이 커지고 있다. 토양 환경에서의 질소는 생물의 생장에는 필수 요소 중 하나이며, 극지역에서는 제한요소로 알려져 있다. 질소고정은 대기 중의 안정된 상태의 질소가 생물적 혹은 비생물적으로 반응성이 높은 질소화합물(암모니아, 질산염, 이산화질소 등)으로 변환되는 자연적인 과정인 동시에 질소는 생물에게는 없어서는 안 될 필수원소이다. 남극의 육상생태계에서는 식생이 제한적이고 곤충, 포유류와 같은 많은 동물종이 결핍되어 있으므로 이러한 생물의 사체 분해로 인한 질소원 유입은 지극히 제한적이다. 따라서 남극 육상생태계로의 질소 유입은 대기 중의 질소를 미생물이 생체 내로 고정하는 것이 주된 경로로 파악된다.

본 연구에서는 남극의 토양환경에서 제한요소인 질소원과 생물 활성에 필수적인 탄소원의 유입과 온도변화에 따른 세균 군집 천이 패턴을 분석하고 이 과정에서 변화된 환경에 적응하기 위한 특정 유전자에는 어떠한 것이 있으며, 이들의 대사 특성을 이해하고자 하였다.

2. 재료 및 방법

가. 환경모사실험 구축

남극 바톤반도에서 구조토가 잘 발달한 (62° , $13' 21.0''$ S, $58^{\circ}, 44' 47.0''$ E) 지역에서 표층 토양을 채취하였다. 채취한 토양을 바로 실험실로 옮겨 4 mm체로 거른 후 50 ml conical튜브에 40g씩 담았다. 영양염의 첨가 조건은 ① 대조군(무첨가), ② 수분(멸균 종류수 0.1ml/토양g), ③ 수분(멸균 종류수 0.1ml/토양g) + 질소원(NH_4Cl 5mg/토양g), ④ 수분(멸균 종류수 0.1ml/토양g) + 질소원(NH_4Cl 5mg/토양g) + 탄소원(Glucose 5mg/토양g), ⑤ 수분(멸균 종류수 0.1ml/토양g) + 질소원(NH_4Cl 5mg/토양g) + 탄소원(Glucose 5mg/토양g) + 미량원소(S, P, K, Ca, Mg, Fe 각 1mg/토양g)으로 5가지로 나뉘었다. 배양온도는 4°C, 10°C와 25°C 총 3가지에서 20일간 진행하였으며, 배양 1일, 3일, 20일째에 시료를 채취하였다.

시료채취 후 즉시 3M Clean-Trace ATP Systems을 이용하여 각 시료의 ATP를 측정하였다. gDNA 추출용 시료는 100% Ethanol을 첨가하여 gDNA를 고정한 후 -80°C에서 보관하였다.

나. 대용량염기서열 분석을 이용한 세균군집분석

시료의 0.3g을 MP bio Fast DNA® SPIN KIT (MP Biomedicals., United States)를 이용하여 토양 내 존재하는 gDNA를 추출하였다.

Test-PCR에서 양성 반응을 보인 샘플에 대해 서로 다른 barcode가 붙은 bacteria primer set (27F-519R)를 이용하여 PCR을 수행하였다. PCR 시약 조건은 DNA template에 AmpONE™ Taq DNA polymerase (2.5 또는 3 units), 10 × buffer (MgCl₂ 25 mM 포함), dNTP mixture (각 2.5 mM), 그리고 서로 다른 barcode가 붙은 primer 27F (5'-AGA GTT TGA TCM TGG CTC AG-3')와 519R (5'-GWA TTA CCG CGG CKG CTG-3')를 첨가하여 총량을 25μl가 되게 하였다. PCR 반응 조건은 94°C에서 5분간 초기 denaturation 후, 94°C에서 1분간 denaturation, 50°C에서 1분간 annealing, 72°C에서 1분 30초 간 extension반응하였다. 이러한 denaturation-annealing-extension 반응을 총 25회 반복하였다. PCR 양성반응의 산물을 같은 샘플끼리 pooling 후, 정제하였다. Pyrosequencing 수행에 사용 할 정제한 샘플들을 모두 하나로 pooling 후, Roche 454-FLX Titanium를 사용하여 분석하였다.

파이로시퀀싱 방법에 의해서 얻어진 염기서열은 PyroTrimmer (Oh et al., 2012)를 활용하여 품질이 낮은 염기서열에 대한 filtering과 clipping을 수행하였다. 선별된 염기서열은 UCHIME 프로그램 (Edgar et al., 2011)의 *de novo* chimera detection 기능을 활용하여 chimera 염기서열을 제거하였다. CLUSTOM을 이용하여 세균 다양성 분석을 위하여 97% 유사도로 clustering하였으며, clustering후 대표 염기서열을 뽑아 EzTaxon-e (Kim et al., 2012) DB 기반으로 동정을 수행하여 계층적 분류정보를 확보하였다.

다. 메타지놈분석

메타지놈 분석을 위하여 에탄올로 고정시킨 시료의 0.3g을 MP bio Fast DNA® SPIN KIT (MP Biomedicals., United States)를 이용하여 추출하였다. 추출 된 metaDNA를 가지고, 라이브러리를 제작 후, Illumina Miseq platform을 통해 paired-end 메타지놈 데이터를 산출하였다.

3. 결과 및 토의

가. Microcosm 시료의 ATP assay

배양기간 동안 배양 1일, 3일 그리고 20일째에 시료를 채취하여 ATP assay를 실시한 결과, 대조군에서 배양온도와 시간에 따라 생물의 활성이 가장 민감한 변화가 나타났다. 질소원만 처리한 실험군을 제외하고 다른 세 가지 실험군 모두 배양시간에 따라 서서히 ATP value가 증가하는 양상을 보였으며 (Table. 27), 충분한 변화 양상을 보기 위해서는 배양 시간을 늘릴 필요가 있는 것으로 사료된다.

Table 27. ATP measurement value of microcosm test (C, control, W; water, N; water+nitrogen, NC; water+nitrogen+carbon, NCT; water+nitrogen+carbon+trace metal, 4; 4°C, 10; 10°C, 25; 25°C)

Treatment	Incubation times		
	1 day	3 days	20 days
C4		2580±4160	628±28
C10	259±161	5686±8156	365±147
C25		7195±6976	787±94
W4		150±137	998±314
W10	65±60	144±115	643±259
W25		30±18	328±121
N4		102±49	128±50
N10	180±108	193±40	133±73
N25		130±49	55±13
NC4		121±29	1660±420
NC10	168±139	149±34	1965±1728
NC25		1983±1447	1769±704
NCT4		98±27	958±239
NCT10	155±56	89±16	438±95
NCT25		90±25	119±105

나. Microcosm 시료의 세균군집 천이

Microcosm 시료의 세균군집과 TN, TC, CN ratio, ATP와 다양성지수의 NMDS 결과, TN의 농도에 따라 군집이 영향을 받으며, 각 처리군에 따라 세균의 다양성지수에 영향을 주는 것을 확인하였다(Fig. 92). 세균 군집 천이 분석결과, 세균 군집 천이는 온도 변화보다는 질소원, 탄소원의 유입에 더 큰 영향을 받는 것으로 확인되었다. 특히 총질소(TN, %)와 C/N ratio가 군집 천이와 통계적으로 유의미한 상관관계를 보였다.

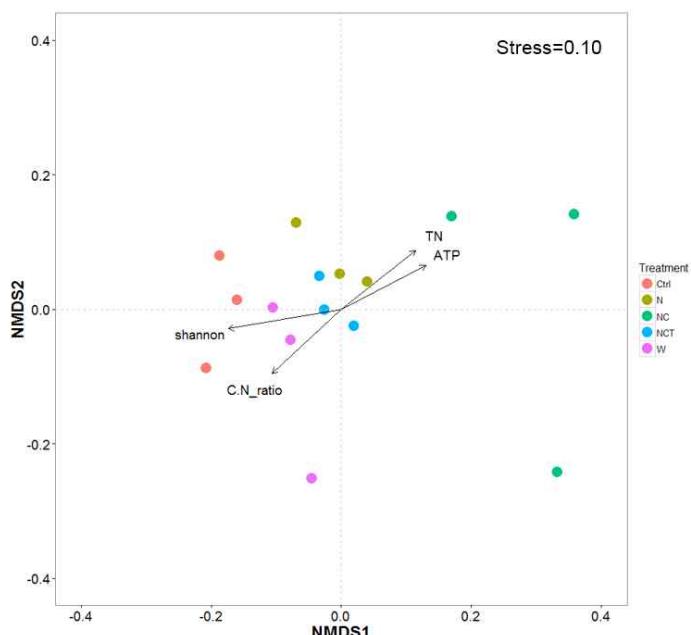


Figure 92. Non-metric multidimensional scaling (NMDS) ordinations of bacterial community composition. Correlated and significant environmental variables were overlaid onto the NMDS space.

질소원과 탄소원을 함께 처리해준 토양(NC)과 질소원과 탄소원, 미량원소를 함께 처리해준 토양(NCT)에서 배양 20일 후 세균군집의 다양성이 떨어지고 특정 OTUs(97% 유사)가 우점하는 변화를 보였다(Fig. 93). 질소원과 탄소원을 첨가하여 10°C에서 20일 배양 한 시료(NC10-d20)에서 확연한 군집 천이가 나타났는데, 특히 *Arthrobacter oryzae* OTU(60.0%)와 *Microbacteriaceae* 목에 속하는 OTU(5.7%)가 우점하는 것으로 관찰되었다. NCT10-d20는 *Microbacteriaceae* 목에 속하는 OTU가 24.5%, *Arthrobacter* 속에 속하는 OTU가 13.2%로 우점하였다. 이들의 생태학적 기능 연구를 위하여 군집 천이가 확연히 나타난 NC10-d20과 NCT10-d20시료에 대하여 메타지놈 분석을 진행하였다.

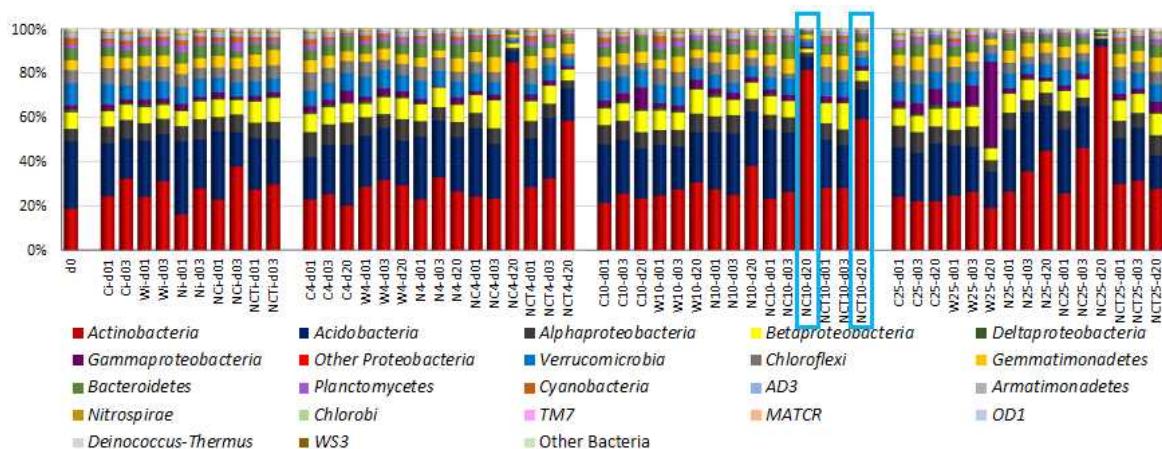


Figure 93. Bacterial community analysis results of microcosm test of Barton Peninsula soil (C, control, W; water, N; water+nitrogen, NC; water+nitrogen+carbon, NCT; water+nitrogen+carbon+Trace metal, 4; 4°C, 10; 10°C, 25; 25°C)

다. 메타지놈 분석

두 가지 시료(NC10-d20, NCT10-d20)에 대하여 메타지노믹스 분석결과, NC10-d20 시료에서는 방향족 화합물 대사와 관련된 유전자 중 특히, benzoate 1,2-dioxygenase를 포함한 benzoate 분해 기능 및 protocatechuate 3,4-dioxygenase 및 catechol 1,2-dioxygenase 등 beta-ketoadipate pathway 관련 기능이 더욱 풍부하였다. 이외에도 nitrate/nitrite reductase 등을 포함한 nitrate to ammonium 관련 기능도 NCT10-d20에 비하여 풍부한 것으로 나타났다. NCT10-d20 시료에서는 광합성 관련 유전자중 proteo- rhodopsin 유전자 (Ra 62.04)가 NC10-d20 (Ra 4.49)에 비하여 유의미하게 풍부한 것을 확인할 수 있었다. 또한, carbon monoxide dehydrogenase, NADH ubiquinone oxidoreductase, hydrogenase-4 component, formate hydrogenlyase 등 respiration 관련 유전자들이 NC10-d20 시료에 비하여 풍부한 것을 확인하였다.

이를 통하여 질소와 탄소를 첨가한 시료(NC10-d20)은 방향족화합물 등 물질 분해에 적응하는 미생물이 풍부해진 것으로 보이며, NCT10-d20는 에너지 대사관련에 적응된 미생물이 풍부해진 것으로 확인하였다.

남극 육상생태계에서의 미생물의 환경과의 상호작용과 생태학적 기능을 규명하기 위하여 환경모사실험과 metagenomics분석이 적합함을 확인하였다. 환경모사실험은 생태계 변화에 따른 미생물의 역할 및 상호작용 기작을 규명하는데 매우 유용할 것으로 예상된다 (Fig. 94).

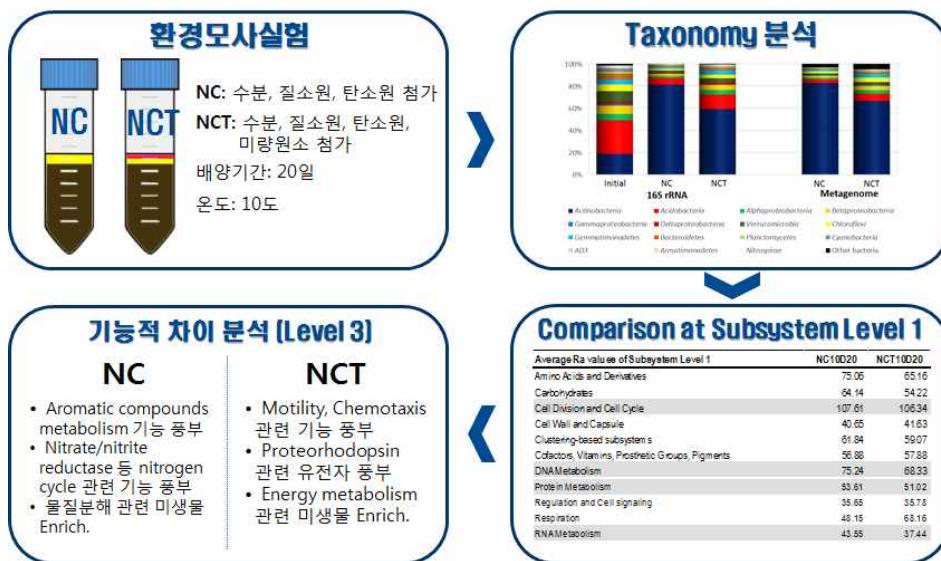


Figure 94. Pipeline of environmental simulations (microcosm test) to identify microbial function in Antarctic ecosystem

4. 결론

환경모사실험을 통해 남극 토양환경에서 제한 요인인 질소원 유입과 생물활성에 필수적인 탄소원 유입, 온도 변화에 대한 세균 군집 천이와 생태학적 기능적에 대한 분석을 수행하였다. 그 결과 세균 군집 천이는 온도 변화 보다는 질소원, 탄소원의 유입이 더 큰 영향을 받음을 알 수 있었다. 특히 총질소(TN, %)와 C/N ratio가 군집 천이와 통계적으로 유의미한 상관관계를 보였다. 기능적으로도 NC10-d20은 물질 분해 관련 유전자가 풍부해진 것으로 보이며, NCT10-d20는 에너지 대사와 관련된 유전자가 풍부해진 것으로 확인하였다. 향후 좀 더 정밀한 분석을 통하여, 우점하는 세균의 유전 정보를 획득하여 어떠한 유전자가 환경변화에 반응하고 있는지에 대하여 분석을 수행할 예정이다.

제 21 절. 담수호의 미생물 생태학 연구

요약: 남극대륙의 맥머도 드라이밸리 호수는 영구적으로 얼음이 덮여 있어 호수 내 수층이 안정되고 성층화 현상이 뚜렷이 나타난다. 이러한 남극 호수들은 서로 고립된 환경을 유지해 온 만큼 호수 내 존재하는 미생물 군집, 미생물의 생태학적 역할 그리고 환경 요소 특징이 서로 다르게 나타날 가능성을 가진다. 따라서, 미생물 군집 및 호수 생태계에 영향을 미치는 환경요소는 무엇인지, 그리고 남극 호수 내에 존재하는 특이적인 미생물 군집의 존재와 이들의 생태학적 역할을 알아보고자 하였다. 그 결과, 아질산염, 황산염과 같은 요소들이 서로 다른 호수 환경임에도 공동 주요 인자로 나타났고, Fryxell 호수는 pH, Miers 호수는 깊이, 그리고, West Lobe Bonney 호수의 경우는 암모늄 이온이 각 호수의 환경에 영향을 미치는 것으로 나타났다. 또한, 빙영양 상태를 유지하고 있는 만큼 어떤 영양분이 호수에 필요한지 두 호수를 대상으로 살펴 본 결과, East Lobe Bonney 호수는 인 결함 현상을 보였고, Miers 호수는 질소 결함 상태를 나타냈다. 각 영양분 공급에 따른 특정 미생물 군집 역시 변화를 보였는데, East Lobe Bonney 호수의 06M에서는 인 조건에서 *Fluviicola_g*가 눈에 띄게 나타났고, 탄소 조건에서는 *Pedobacter_g*와 *Dyadobacter_g*가 증가양상을 보였다. Miers 호수의 경우, 07M에서는 질소 조건에서 *Flavobacterium_g*에서 변화를 보였고, 세 영양분(C+N+P) 첨가 조건에서는 *Sphingorhabdus_g*가 눈에 띠는 증가를 보였다. 또한, Fryxell 호수 심층에서 메타지놈을 분석 한 결과, *De novo assembly*를 통해 현재 배양되지 않은 세균에 대한 유전 정보를 확보 하였다. 3 μm-여과지 시료에서 Nitrogen metabolism, Photosynthesis 등과 관련된 기능이 많이 존재하는 것이 확인되었고, 3 μm-이하 여과지 시료에서는 3 μm-여과지 시료에서 발견되지 않는 다양한 carbohydrate metabolism 관련 기능들이 발견되었다. 이러한 결과를 바탕으로 남극 호수 환경의 미생물 군집, 환경 및 영양 인자들의 영향을 알 수 있게 됨에 따라 앞으로의 남극 호수 연구에 대한 기초자료로 중요한 역할을 할 수 있다. 또한, 이러한 호수에 특이적으로 존재하는 세균의 유전적 정보를 알게 됨에 따라 이들의 생태학적 역할을 추측할 수 있고, 극한 남극 호수 환경에 대해 알 수 있는 중요한 정보가 될 수 있다.

1. 서론

남극 대륙의 맥머도 드라이밸리는 지각의 상승과 강한 바람 때문에 수분함량이 적고, 생명체로는 동식물은 없으나 박테리아, 곰팡이, 효모, protozoa 정도 수준에서 존재한다(Adams *et al.*, 2006; Cary *et al.*, 2010). 드라이밸리에는 약 3m에서 6m의 얼음 층이 영구적으로 덮혀 있어 오랜 기간 동안 고립되어 온 호수들이 존재하고, 두꺼운 얼음 층으로 인해 바람이나 외부 물질 유입 영향을 거의 받지 않아 대부분 호수의 수층이 안정되는 성층현상을 보이고 있다 (Spigel and Priscu 1998). 드라이밸리 호수 생태계 내에 다양한 시아노박테리아와 다른 박테리아 군집이 서식하고 있다고 보고되었고(Laybourn-Parry *et al.*, 1997; Priscu *et al.*, 1995; McKnight *et al.*, 2000), 호수들이 고립되어 움으로 용존산소, 황과 질소 화합물의 농도 등 호수 내에서 서로 다른 물리화학적 요소들의 특징을 보인다. 물리화학적인 요소들이 생물학적인 과정에 큰 영향을 준다는 연구(Campbell and Claridge, 1987)에 따라 각 환경에 적응하여 서식하는 고유한 미생물을 간직 할 가능성이 있을 것으로 보인다.

20년이 넘는 장기 모니터링 수행으로 물리화학적 기초자료가 안정적으로 확보되어 왔으나 미생물 연구는 호수 내 샘플링 수가 한 두 곳으로 국한(Vick-Majors *et al.*, 2013)되거나 방

법적 한계(Karr *et al.*, 2003; Tang *et al.*, 2009)로 인해 자료가 매우 부족하고, 물리화학적 요소들과 미생물 간의 상관관계 분석 역시 자료가 미비하다. 이전에 수행 된 연구 결과(Doran *et al.*, 2002)에 의하면, 남극 호수 역시 극한의 특이적인 환경을 유지해 옴으로 아직 알려지지 않은 세균의 존재 가능성 있다. 따라서 드라이밸리의 남극 호수들을 대상으로 미생물의 군집뿐 아니라, 세균과 환경인자들 간의 상관관계 분석을 실시하고, 호수 환경에 영향을 미치는 영양인자를 확인하여 남극 호수에 대한 이해를 높이고자 하였다. 또한, 얼음이 덮여 고립되어 온 호수 내에 특이적으로 존재하는 세균을 찾고, 유전정보를 알아냄으로서 생태학적 역할을 유추하고자 하였다.

2. 재료 및 방법

가. 연구 지역과 시료확보

담수 샘플채취는 남극 빅토리아랜드의 맥머도 드라이밸리(MDV) 내에 있는 5개의 호수(Fryxell (FRX), Hoare (HOR), East Lobe Bonney (ELB), West Lobe Bonney (WLB), Miers (MIE))에서 이루어졌다 (Fig 94). 세균분포와 환경요인 간 상관관계 분석을 위해 호수 내 깊이에 따라 4개 (FRX, HOR, and MIE) 또는 5개 (ELB and WLB)의 지점에서 물 시료를 채취하였고, 두 차례(11월과 12월)에 걸쳐 샘플링을 실시하였다. 채취 한 시료는 3 μm 와 0.2 μm 두 번의 여과 과정을 거쳐 총 80개의 샘플여과지를 확보하였다.

환경모사실험을 위한 담수 샘플채취는 2개의 호수(ELB와 MIE)에서 추가로 이루어졌고, ELB 호수는 6m, MIE 호수는 7m와 18 m 깊이에서 시료를 채취하였다. 메타지놈 분석을 위한 시료는 Fryxell 호수의 15 m 깊이의 물 시료를 채취하였고, 3 μm 와 0.2 μm 두 번의 여과 과정을 진행하였다. 각 호수의 샘플 채취 지점의 수온, 염분도 등 이화학적 특성분석은 공동탐사를 진행하였던 미국 몬타나 주립대에서 진행하였다.

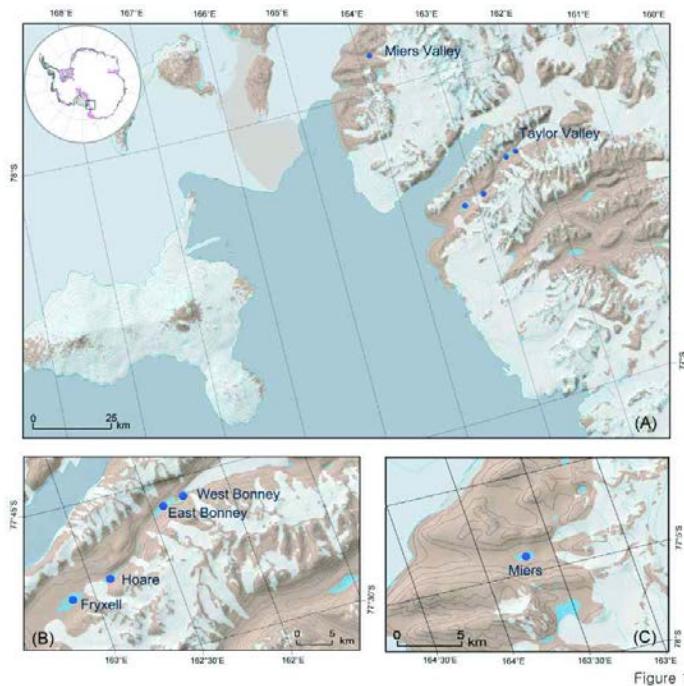


Figure 95. Sampling site of the ice-covered lakes in McMurdo Dry Valleys

나. 환경모사실험

특정 영양분에 대한 세균다양성 변화를 분석하고자, East Lobe Bonney (ELB) 호수의 6m, Miers (MIE) 호수의 7m와 18m를 대상으로 ① 대조군 (Control), ② 질소 (N), ③ 인 (P), ④ 탄소 (C, Carbon)와 ⑤ C/N/P를 첨가한 후, 4°C에서 배양 하였다. 방사성 동위원소 ^{3}H (thymidine 합성: Bacterioplankton)와 ^{14}C (중탄산염 흡수; Phytoplankton) 분석은 24시간 간격으로 각각 5일, 6일동안 측정하였고, 시간 변화에 따른 일차생산력을 비교하였다. 세균 군집 분석을 위해 기간에 따라 1 L씩 0.2 μm 여과지에 여과시켜 위에서 언급한 방법대로 gDNA를 추출하였고 파이로시퀀싱 분석을 수행하였다.

다. gDNA 추출 및 미생물 유전자 염기서열 분석

각 지점에서 채취한 담수샘플 중 일정 양 (500 ml부터 1,000 ml 내 범위)에 해당하는 여과지를 가지고, MP FastDNA® SPIN Kit (MP Biomedicals., United States)을 이용하여 담수 내 존재하는 미생물의 gDNA를 추출하였다. 추출한 gDNA는 1% agarose gel에서 전기영동을 통해 확인하였고, 각 샘플의 gDNA 농도는 fluorescence로 측정하였다.

메타지놈 분석용 샘플을 제외 한 모든 샘플의 추출 된 gDNA는 원핵생물 (세균) 검출을 위하여 PCR 수행에 사용하였다. 16S rRNA gene의 검출조건을 확인하기 위하여 test-PCR을 먼저 수행하였다. Test-PCR의 시약 조건은 DNA template에 AmpONE™ Taq DNA polymerase (1.5 units), 10 × buffer (MgCl_2 25 mM 포함), dNTP mixture (각 2.5 mM), 그리고 primer 27F (5'-AGA GTT TGA TCM TGG CTC AG-3')와 519R (5'-GWA TTA CCG CGG CKG CTG-3')를 첨가하여 총량을 50 μl 가 되게 하였다. PCR 반응 조건은 94°C에서 5분간 초기 denaturation 후, 94°C에서 1분간 denaturation, 50°C에서 1분간 annealing, 72°C에서 1분 30초간 extension 반응하였다. 이러한 denaturation-annealing-extension 반응을 총 25회 반복하였다. Test-PCR 결과를 1% agarose gel에서 전기영동을 수행 하여 약 500 bp의 위치에 뚜렷한 band 가 있는 양성 결과 샘플에 대해 다음 단계를 수행하였다.

라. 파이로시퀀싱 및 메타지놈 분석

메타지놈 분석용 샘플을 제외 한 모든 샘플에 대해 파이로시퀀싱 분석 진행하였다. Test-PCR에서 양성 반응을 보인 샘플에 대해 서로 다른 barcode가 붙은 bacteria primer set (27F-519R)를 이용하여 PCR을 수행하였다. 각 샘플마다 3 반복으로 PCR 반응을 수행하였고, PCR 시약 조건은 DNA template에 AmpONE™ Taq DNA polymerase (1.5 또는 3 units), 10 × buffer (MgCl_2 25 mM 포함), dNTP mixture (각 2.5 mM), 그리고 서로 다른 barcode가 붙은 primer 27F (5'-AGA GTT TGA TCM TGG CTC AG-3')와 519R (5'-GWA TTA CCG CGG CKG CTG-3')를 첨가하여 총량을 50 μl 가 되게 하였다. PCR 반응 조건은 94°C에서 5분간 초기 denaturation 후, 94°C에서 1분간 denaturation, 50°C에서 1분간 annealing, 72°C에서 1분 30초간 extension반응하였다. 이러한 denaturation-annealing-extension 반응을 총 25회 반복하였다.

PCR 반응 결과를 1% agarose gel에서 전기영동을 수행하여 PCR 양성반응을 확인하였다. 반응 후, 반응물에 포함 된 잔여물을 제거 하고, 반응물의 순수도를 높이기 위해 PCR 양성반응의 산물을 같은 샘플끼리 pooling 후, 정제 (purification) 하였다. 파이로시퀀싱 수행에 사용 할 정제한 샘플들을 모두 하나로 pooling 후, Roche 454-Titanium Plus를 사용하여 분석하였다.

메타지놈 분석을 위한 샘플은 Fryxell 호수 15m 깊이의 수 시료를 여과시킨 3.0 μm 과 0.2

μm 여과지로부터 추출 된 gDNA를 이용하였다. 추출 된 metaDNA를 가지고, 라이브러리를 제작 후, Illumina MiSeq platform을 통해 paired-end 메타지놈 데이터를 산출하였다.

3. 결과 및 토의

가. 드라이밸리 호수 내 세균분포와 환경요인 간 상관관계 분석 (Kwon and Kim *et al.*, 2017. In minor revision)

남극 호수 간의 세균 다양성 비교분석을 위해 드라이밸리의 5개 호수시료에 대하여 NMDS 분석을 수행하였다. 그 결과, 호수에 따라 세균군집이 구분되며, 각 호수마다 서식지 특이적인 미생물 군집이 존재하였고. 호수의 상층부에서는 세균군집구조가 상대적으로 유사하였다. 입자 크기별 시료의 경우 세균군집구조에 영향을 미치는 주요 환경요소는 서로 다른 것을 확인하였다 (Fig. 96).

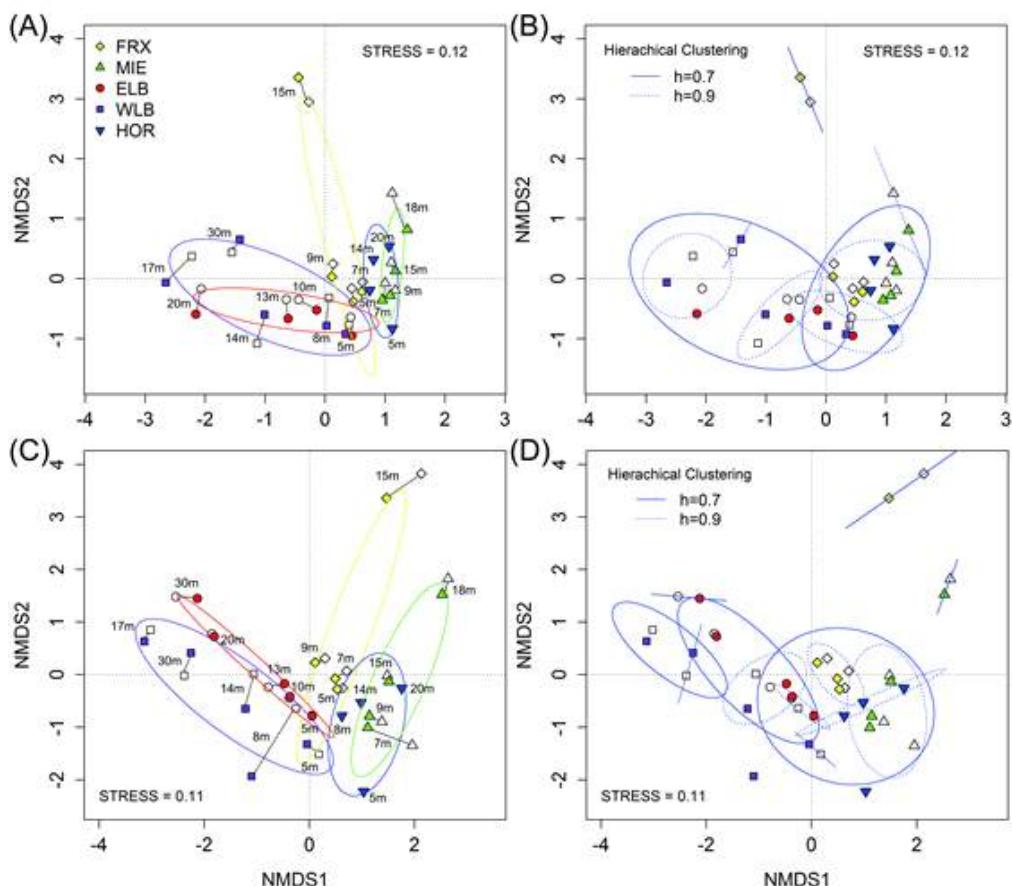


Figure 96. Correlation of bacterial community structures between ice-covered lakes. $0.2\mu\text{m} \sim 3\mu\text{m}$ size fraction (A and B) and $3\mu\text{m}$ size fraction (C and D)

또한, 호수 내 미생물과 환경요소간의 상관관계를 분석한 결과, FRX 호수에서 *Bacteroidetes*가 미생물 생산성과 엽록소 농도, *Betaproteobacteria*는 광합성 가능량(PAR)과 pH와의 관계를 보였고, MIE 호수는 깊이와 관계를 보였다 (Fig 97). WLB 호수에서는 심층에서

NH_4^+ 와 양의 관계를 보였고, 5개 호수에서 황산염이 공통 주요요소로 나타났다.

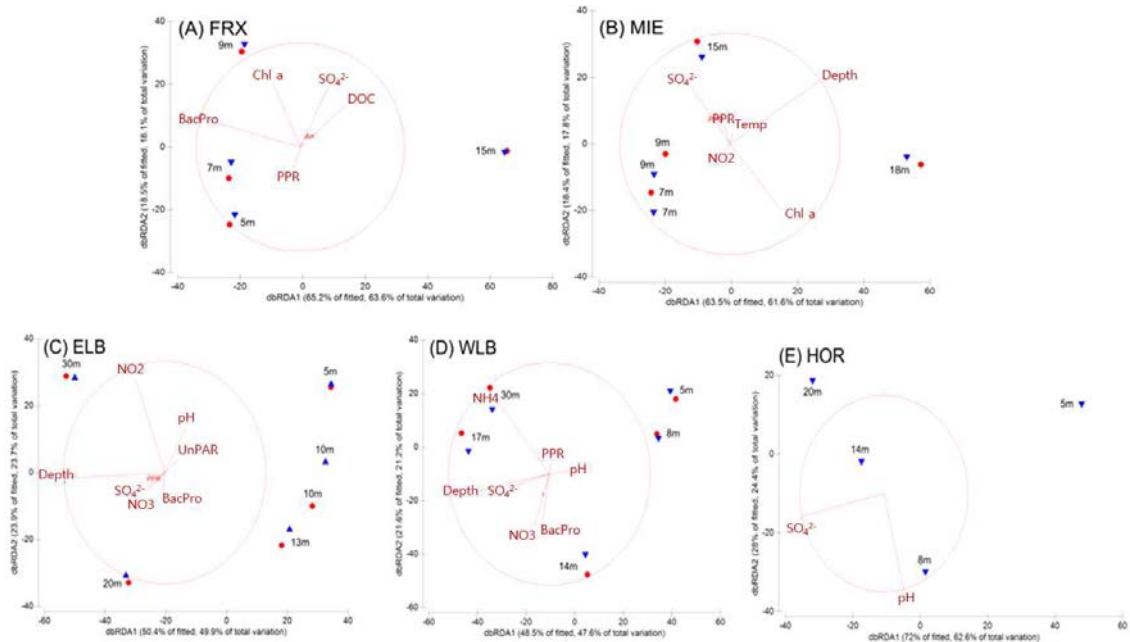


Figure 97. Correlation between environmental factors and bacterial community within the lake

나. 드라이밸리 호수의 환경모사실험 연구

환경모사 실험 결과, 세균에 의한 1차 생산력은 ELB 호수에서는 시간이 지남에 따라 인(P) 첨가에 반응하여 배양 5일 후에 뚜렷한 증가를 보였다 (Fig. 98). MIE 호수는 7 m에서 질소(N)와 인(P) 두 요소에 대해 일차생산력의 증가가 보였으나, 18 m에서는 질소에 대한 일차생산력만이 뚜렷이 증가 하였다. 식물플랑크톤 역시 동일한 결과로, ELB 호수는 인, 그리고 MIE 호수는 질소에 의한 반응이 뚜렷하게 나타났다. 두 결과를 통해 ELB 호수는 인이 결핍, MIE 호수는 질소가 결핍된 환경일 가능성을 보여 주었다.

세균 군집 구조를 분석하기 위해 배양시작일(T1), 배양 7일(T7), 10일(T10) 또는 11일(T11) 후 시료를 분석하였다. 그 결과 초기(T1) 군집은 ELB_6 m와 MIE_7 m가 매우 유사하며, MIE_18 m와 매우 상이하였다. 영양분 공급 후 세균 군집의 천이는 뚜렷하게 나타나지 않았으나, CNP 모두 첨가한 시료에서는 *Gammaproteobacteria*가 뚜렷한 증가를 보였다 (Fig 99).

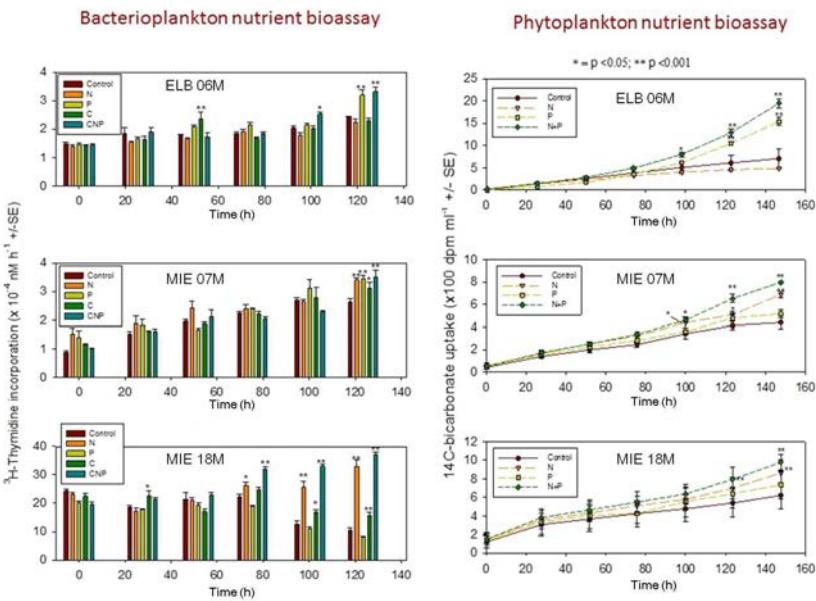


Figure 98. Detection of primary production using radioisotope. ^3H ;bacterioplankton, ^{14}C ;phytoplankton

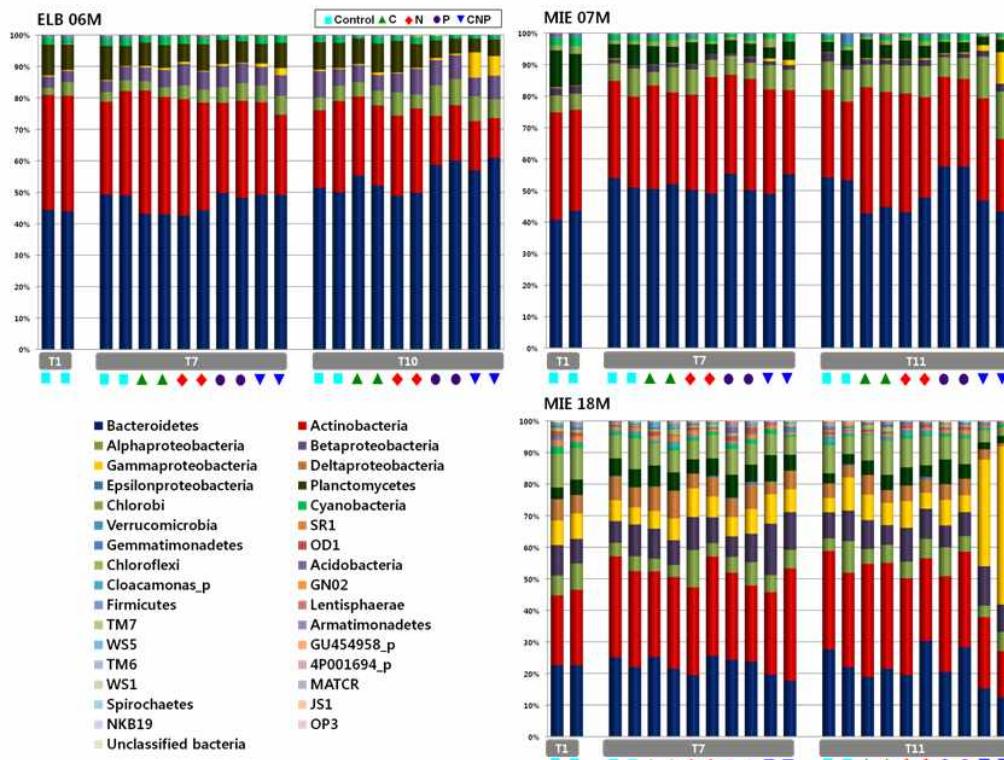


Figure 99. Bacterial community shift by adding nutrients and duration.
C:carbon, N:nitrogen, P:phosphorus, CNP:carbon+nitrogen+phosphorus,
T=Time(day)

세균군집구조의 변화를 각 샘플 내의 문(phylum) 수준에서 찾아보기 어렵기 때문에 영양분(Nutrients) 공급으로 인한 특정 종의 변화를 분석하고자 샘플 내 우점종들을 대상으로 하위

수준에서 추가 분석하였다 (Fig. 100). 그 결과, 대조군 (control)과 다른 영양분에 비해 ELB 06 M에서는 인 조건에서 *Fluvicola_g*가 눈에 띄게 나타났고, T6에서 T11로 시간이 지남에 따라 증가하였다. 탄소 조건에서는 *Pedobacter_g*와 *Dyadobacter_g*가 T11 배양 시, 증가양상을 보였다. MIE의 경우, 07M에서는 질소 조건에서 *Flavobacterium_g*에서 서로 다른 두 종(OTU 수준)이 서로 다른 존재양상을 나타냈다. 세 영양분(C+N+P) 첨가 조건에서는 *Sphingorhabdus_g*가 최대 배양시점(T10)에서 눈에띄는 증가를 보였다. MIE 샘플 18M에서는 세 영양분(C+N+P) 첨가 조건에서 다른 영양분조건에서는 나타나지 않았던 *Pseudomonas_g*가 나타남과 동시에 배양 10일 후에는 현저히 증가하였다. 다른 종들의 변화 비교를 위해 앞의 *Pseudomonas_g*를 제거하여 재 분석한 결과, 질소 조건에서 *Planktophila_g*가 배양 시간에 따라 현저히 줄어들고, *Solirubrobacterales_o*가 증가하는 양상을 보였다. 탄소조건에서는 *Planktophila_g*가 조금 증가하였다.

세 영양분(C+N+P) 첨가 조건에서는 샘플 내 각 영양분에서 나타난 변화 양상이 복합적으로 반영되어 나타났다. 또한, 앞선 방사성 동위원소 분석 결과가 유사하게 ELB 호수는 인, 그리고 MIE 호수는 질소에 의해 반응하는 세균 군집이 뚜렷하게 나타났다. 이러한 결과를 통해 ELB 호수와 MIE 호수가 각각 인 결핍과 질소가 결핍된 환경일 가능성을 다시 한 번 확인하였다.

다. 프릭셀 호수의 메타지놈 연구

프릭셀 호수 메타지놈 분석은 세균 사이즈에 따른 차이를 비교하기 위해 3.0 μm 이상과 0.2 μm 에서 3.0 μm 사이로 나누어 분석하였다. 메타지놈 자료로부터 미생물의 계통학적 분포 조사 결과, 3 μm 이상 시료에서는 *candidate division* WM88 (28%)이 우점하였고, *Alphaproteobacteria* 그룹 (10%)이 상당부분 차지 하였다. 3 μm 이하의 시료에서는 *candidate division* JS1 (16%), *Delta proteobacteria* (11%), 그리고 OD1 (10%) 그룹 순으로 우점하였다 (Fig 101).

*De novo assembly*를 이용한 contig binning 결과, 3 μm 이상 시료에서 3개 (MGC_8, MGC_14, MGC_18), 이하시료에서 2개(MGC_12, MGC_25)로 총 5개의 완성도 높은 유전체를 확보 하였다. 이들 유전체의 군집분석 결과, 모두 Candidate phylum과 가장 가까운 유전체로 확인 하였다 (MGC_8와 MGC_25, SAR406; MGC_14와 MGC_12, WM88;; MGC_18, WWE1). Candidate phylum은 아직 배양되지 않은 세균의 분류로 배양체가 없는 상황에서 유전체를 확보 한 것은 난배양 세균들의 생태학적 역할 및 생리학적 기능을 규명하는데 유용할 것으로 사료된다 (Fig. 102).

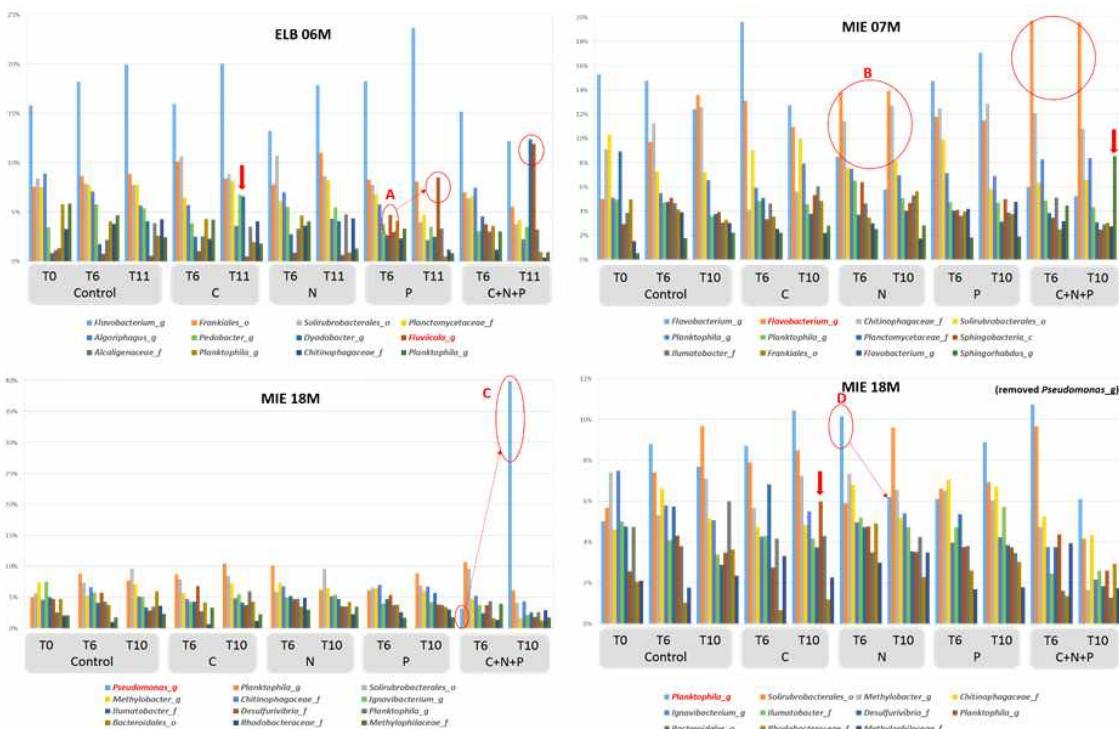


Figure 100. Top 12 of bacterial community shift by adding nutrients and duration. C:carbon, N:nitrogen, P:phosphorus, CNP:carbon+nitrogen+phosphorus, T=Time(day)

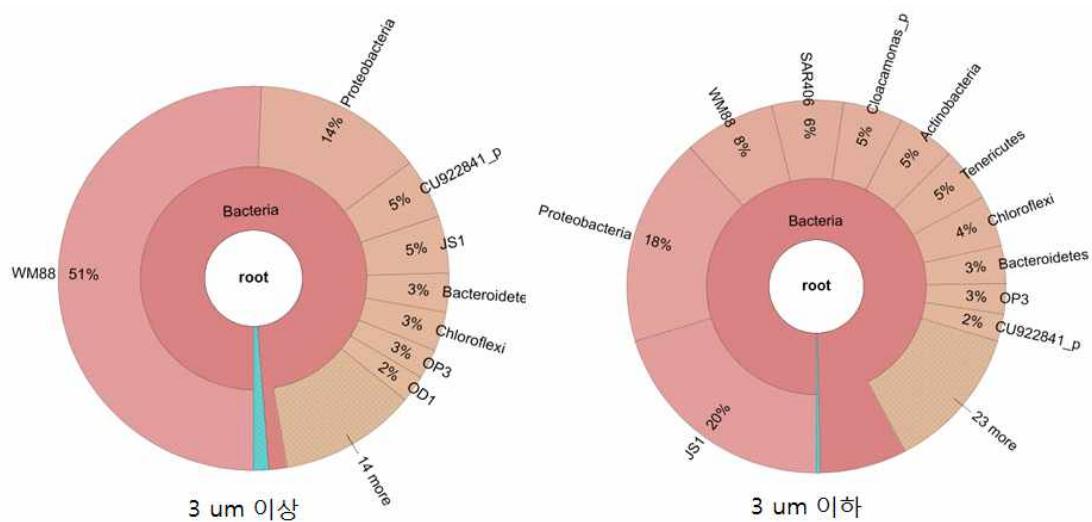


Figure 101. Taxonomic profiling based on 16S rRNA gene using metagenome

Table 6.

Cluster	No. of contigs	Total size (bp)	Copy no. of 16S rRNA genes in genome clusters	RPKM of each genome cluster	Closest taxa (based on 16S rRNA gene)	Closest taxa (based on single copy COG genes)
MGC_0	366	5,481,577	0	9.426	Mollicutes (Acholeplasma) Archaea uncultured bacteria Deinococcus (Deinococcales) CD1 Mollicutes (Haloplasmatales) N.D. SA406 (Mannimicroba) CD1 Aphrodoibacter (Rhodobacter) Fimicutes WME1 (Coccamonas) IS1 WME1 (Hyd24-12) N.D. WME1 (Coccamonas)	Deinococcus (uncultured deinococcus) Mollicutes (Acholeplasma) Archaea uncultured bacteria Deinococcus (Deinococcales) CD1 Mollicutes (Haloplasmatales) N.D. SA406 (Mannimicroba) CD1 Aphrodoibacter (Rhodobacter) Fimicutes WME1 (Coccamonas) IS1 WME1 (Hyd24-12) N.D. WME1 (Coccamonas)
MGC_1	252	3,156,231	1	7.802		
MGC_2	123	1,219,183	0	9.498		
MGC_3	147	1,223,996	1	6.048		
MGC_4	164	3,534,320	0	12.335		
MGC_5	41	432,089	1	7.333		
MGC_6	101	1,746,095	0	9.726		
MGC_7	2	12,554	0	6.694		
MGC_8	82	2,820,144	1	10.399		
MGC_9	32	715,712	1	8.627		
MGC_10	383	5,214,545	0	15.765		
MGC_11	66	639,480	1	15.472		
MGC_12	101	2,800,835	0	8.438		
MGC_13	209	2,359,789	1	13.725		
MGC_14	49	2,677,987	1	159.397		
MGC_15	33	408,706	2	11.995		
MGC_16	1	6,454	0	9.748		
MGC_17	10	184,542	0	54.628		
MGC_18	159	3,040,170	0	8.195		
Cluster	No. of contigs	Total size (bp)	Copy no. of 16S rRNA genes in genome clusters	RPKM of each genome cluster	Closest taxa (based on 16S rRNA gene)	Closest taxa (based on single copy COG genes)
MGC_3	63	1,274,176	1	4.95	CD1	CD1
MGC_9	105	5,273,684	4	19.52	SA406 (Mannimicroba), Deinococcus (Deinococcales)	SA406 (Mannimicroba), Deinococcus (Deinococcales)
MGC_12	53	2,738,228	1	3.51	WME1	WME1 (Hyd24-12)
MGC_15	213	1,965,528	0	2.41		CD1
MGC_17	67	2,158,851	1	5.76	DQ404758	Synergistes
MGC_18	132	1,837,342	0	2.78		Actinobacteria (Micrococcales)
MGC_20	361	3,844,371	2	2.34	CD1	CD1
MGC_21	424	4,493,257	0	16.85		OP9 (Aerobactera)
MGC_22	109	1,541,161	2	10.76	WME1 (Coccamonas), IS1	N.D.
MGC_23	153	8,611,181	1	11.81	WME1 (Coccamonas)	Actinomycetobacteria, WME1 (Coccamonas)
MGC_25	151	3,857,081	0	3.04		SA406 (Mannimicroba)
MGC_27	114	3,214,770	1	3.54	Actinobacteria	Actinomycetina
MGC_28	176	2,325,355	1	4.10	WME3	WME, WME3
MGC_30	256	3,027,014	3	3.18	SR1, WME	SR1
MGC_31	161	1,401,720	1	2.30	Aneroleales (Peolines)	Chromoflex (Anerolineales)
MGC_39	154	1,469,116	0	5.52		Actinomycetina (Bacillomycetidae)
MGC_40	113	1,938,987	2	5.60	DHMB8, OP11	OP11 (Sphaerotilacida)
MGC_50	101	2,030,790	1	5.91	Mollicutes	Mollicutes (Acholeplasma)
MGC_51	85	1,578,448	1	15.14	CD1	CD1
MGC_54	294	2,887,285	1	9.53	Aphrodoibacter (Gemmatimonadetes)	N.D.
MGC_55	250	4,125,063	6	9.72	CD1	CD1
MGC_57	25	2,303,978	1	5.00	Bacillomycetidae	Actinomycetina (Bacillomycetidae)
MGC_59	251	6,521,438	3	6.34	Mollicutes, SA406	SA406 (Mannimicroba), Mollicutes (Acholeplasma)
MGC_61	721	13,361,024	2	5.19	Desulobactenum	Desulfovobactera (Desulobacterales)
MGC_62	443	8,220,222	0	3.59		Desulfovobactera (Desulobacterales)
MGC_65	155	1,733,303	5	8.31	Euryarchaeota	Archaea

Figure 102. Taxonomy summary of high completeness genome using contig binning (above 3 um-size fraction filter)

시료 간 유전자 기능 정보 분석 결과, cell cycle 및 DNA/RNA metabolism에 관계된 값은 두 시료에서 매우 유사하게 나왔으나 그 외 다양한 유전자들이 3 μm 이상 시료에서 보다 많은 것을 확인하였다. 3 μm 이상의 시료에서 Nitrogen metabolism, Photosynthesis 등과 관련된 기능이 풍부한 것으로 확인되었고, 그 중 Nitrous oxide reductase 및 Nitrite reductase 관련 유전자들이 Nitrogen metabolism 증가시킨 주요 요인으로 확인되었다. 특히, Bacterial_light-harvesting_proteins들이 3 μm 이상의 시료에서 보다 높은 비율로 존재하는 것을 확인하였다. 이 외에도 Anaerobic_respiratory_reductases 관련 일부 유전자들, Electron transport complex protein Rnf, sulfate transporter, Acetyl-CoA fermentation to Butyrate, formate hydrogenylase 및 NiFe hydrogenase 관련 유전자들이 3 μm 이하 시료에 비하여 높은 비율로 존재하는 것을 확인하였다 (Fig. 103). 이에 반하여 3 μm 이하의 시료에서는 coverage 값은 낮지만, 3 μm 이상의 시료에서 발견되지 않는 1,3-propanediol dehydrogenase, Beta-mannosidase, Isocitrate lyase 등과 같은 다양한 carbohydrate metabolism 관련 기능들이 발견되었다 (Fig. 103).

Average Ra values of Subsystem Level 1	Average Ra values of Subsystem Level 3	3MA	3MB
Nitrogen Metabolism	Allantoin_Utilization	3.09	1.56
	Ammonia_assimilation	30.00	13.08
	Denitrification	23.62	5.44
	Dissimilatory_nitrite_reductase	225.29	31.86
	Nitrate_and_nitrite_ammonification	15.22	7.82
	Nitric_oxide_synthase	5.16	11.80
	Nitrogen_fixation	8.32	2.41
Phosphorus Metabolism	Nitrosative_stress	55.65	31.72
	Alkylphosphonate_utilization	8.64	0.62
	High_affinity_phosphate_transporter_and_control_of_PHO_regulon	15.73	4.84
	Phosphate_metabolism	91.55	71.13
	Phosphoenolpyruvate_phosphomutase	1.70	4.13
Photosynthesis	Phosphonate_metabolism	0.00	2.50
	Bacterial_light-harvesting_proteins	14.51	0.33
	Bacteriorhodopsin	0.00	4.54
	Chlorosome	0.00	2.65
	Photosystem_I	3.91	7.07
	Photosystem_II	3.86	1.51
	Photosystem_I_Heme_photosynthetic_reaction_center	6.28	0.15
Potassium metabolism	Phycobilisome	0.00	3.82
	Ptoeorkhodopsin	4.19	1.49
	Glutathione-regulated_potassium-eflux_system_and_associated_functions	76.29	43.16
	Hyperosmotic_potassium_uptake	47.07	30.50
Sulfur Metabolism	Potassium_homeostasis	74.58	41.73
	Alkanesulfonate_assimilation	26.88	16.88
	Alkanesulfonates_Utilization	1.92	1.07
	DMSP_breakdown	0.00	1.80
	Galactosylyceramide_and_Sulfatide_metabolism	18.40	28.05
	Inorganic_Sulfur_Assimilation	23.41	9.08
	L-Cystine_Uptake_and_Metabolism	5.68	4.78
	Sulfate_reduction-associated_complexes	16.76	14.94
	Sulfur_oxidation	12.59	5.03
	Taurine_Utilization	2.65	2.45
Utilization_of_glutathione_as_a_sulphur_source	Thioredoxin-disulfide_reductase	46.97	53.76
	Utilization_of_glutathione_as_a_sulphur_source	2.48	3.46

Figure 103. Comparative analysis between samples by gene category. 3MA (above 3 um-size fraction filter), 3MB (0.2 μ m – 3 μ m size fraction)

4. 결론

본 연구에서는 남극대륙의 맥머도 드라이밸리 호수 내 존재하는 미생물 군집과 환경요소 간의 상관관계 분석, 환경모사실험 및 메타지놈 분석을 수행하였다. 호수에 따라 미생물 군집에 영향을 미치는 환경요소가 다르고, 일부는 주요 공통 요소인 것을 확인하였다. 또한, 호수에 따라 특정 영양분에 대해 부족 현상이 나타나고, 그에 따라 특정 세균 군집 구조 변화에 영향을 주는 것을 확인하였다. 메타지놈 분석을 통해서 아직 배양되지 않은 세균의 유전적 정보를 확인함에 따라 주어진 환경에서의 생태학적 역할을 유추할 수 있었다. 이러한 연구 결과들은 드라이밸리 호수 환경 및 미생물 연구에 중요한 연구 자료로 제공될 것으로 사료된다.

제 4 장. 연구개발목표 달성도 및 대외기여도

제 1 절. 세부연구목표 및 달성도

1. 1차년도(2014년)

년차	총연구기간내 연차별 목표 대비 달성을(%)				연차별 계획대비 연구실적 달성을 (B) (%)
	세부연구목표	연구내용	가중치 (A)	달성실적	
1년차 (2014)	1. 생태계 구성요소 간 상호작용 기작 규명	1-1. 환경요인 변화 분석 - 기후특성 모니터링 센서 설치 - 지온 및 잔설분포 특성분석	0.35	- 장기모니터링 셋업 완료 - 지온 및 잔설 특성분석 완료	100
		1-2. 생물다양성 변화 분석 - 서식환경에 따른 육상식생 분포상 조사 - 무척추동물 분석기술 확립 및 외래종 유입 연구 사전조사 - 조류 등지공간분포 조사 - 토양균류 다양성 분석		- 분포상 조사완료 - 분석기술 확립 및 사전 조사 완료 - 조류등지 분포 조사완료 - 균류 염기서열 확보, 지형별 다양성 분석 진행 중	
		1-3. 환경·생물의 상관관계 분석 - 환경요인 차이에 따른 지의류분 포 패턴 분석 - 환경요인과 세균분포 간 상관관 계 분석		- 지의류 3종에 대한 분포 패 턴 분석 완료 - 분석완료	
	2. 킹조지섬 생물다양성과 계통학적 분석	2-1. 생물다양성 및 계통진화 - 홍조 김파래과 해조류의 계통진 화 분석 - 담수요각류, 조류 기생생물, 지 의류, 원생생물의 시료확보 및 다 양성 분석	0.35	- 김파래과 해조류 30종 계통분석 - 펭귄 기생생물 600점 및 지의류 1,000점 확보 - 원생생물 200점 다양성 분석 - 담수 요각류 진화연구 모델종 <i>B. poppei</i> 확보	100
		2-2. 고생물 분석 - 담수퇴적층 유전물질 분리 - 고화석 채취		- 담수코어 유전물질 확보 및 유 전자 증폭 시험 완료 - 목재화석 66개 확보	
	3. 생태계 응합연구 기반 기술 개발	3-1. 생물다양성 분석기술 - DNA 바코드 기계학습 알고리즘 및 GUI 개선 - 클라우드 기반 클러스터링 프로 그램	0.3	- 프로그램 개발 완료	100
		3-2. 생물반응 분석기술 - 생물종별 광합성 특성 분석 - 미생물반응 환경모사실험 셋업		- 프로그램 개발 완료 - 현화식물, 선태류 광합성 특성 분석 - 환경모사실험 셋업 완료	
		계	1.0		100

2. 2차년도(2015년)

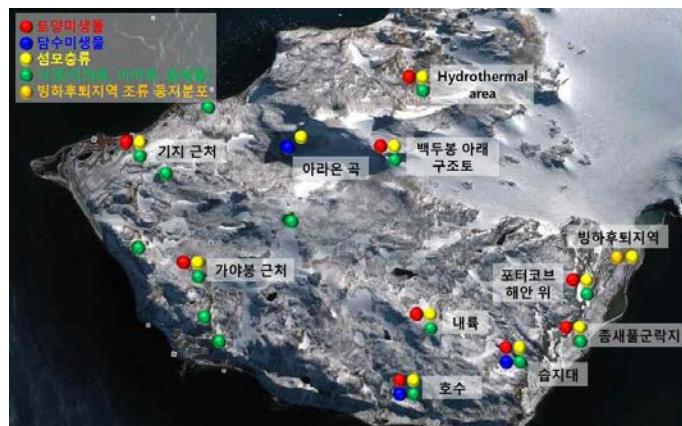
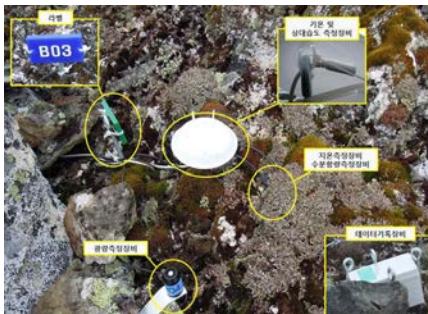
총연구기간내 연차별 목표 대비 달성을(%)				
구분	연차별 달성내용			연차별 계획 대비 연구실적 달성을 (B)(%)
	세부연구목표	연구내용	가중치 (A)	
2년차 (2015)	1. 생태계 구성요소 간 상호작용 기작 규명	1-1. 환경요인 변화 분석 - 기후특성 모니터링 센서 설치 - 구조토 지구물리 탐사 - 지화학 및 기온 특성분석	0.35	- 장기모니터링 셋업 완료 - 지구물리 탐사 완료 - 지화학 및 기온 특성분석 완료
		1-2. 생물다양성 변화 분석 - 구조토의 식생분포 분석 - 무척추동물 분포 분석 - 조류 공간분포 변화에 영향을 미치는 환경요인 분석 - 토양 고세균 다양성 연구		- 식생분포 분석 완료 - 무척추동물 분포분석 완료 - 조류 공간분포와 환경요인 상관성 분석 완료 - 고세균 다양성 연구 완료
		1-3. 환경·생물의 상관관계 분석 - 지형특성에 따른 지의류 및 공생미생물 분포패턴 분석 - 지형별 무척추동물 분포 비교분석		- 지의류와 공생미생물 상관관계 분석 완료 - 무척추동물 분포 비교분석 완료
	2. 킹조지섬 생물 진화 분기 추정 및 생물 지리 연구	2-1. 생물다양성 및 계통진화 - 비단풀목 해조류의 계통관계 분석 - 조류 기생생물, 지의류, 원생생물의 계통분석 - 담수 요각류의 계통 유전체학 분석		- 비단풀목 해조류 20종 계통분석 - 신속 지의류 <i>Giltosparina</i> 및 신종 12종 확인 - 원생생물 18속 20종의 계통 분석 - 담수 요각류 <i>Bacella</i> 속 근연종 3종 채집 - <i>B. pappi</i> 개놈 유전체 분석
		2-2. 고생물 분석 - 담수퇴적층 연대별 진핵미생물 군집구조 분석 - 고환경 해석		- 담수코어 유전물질 확보 및 유전자 증폭 시험 완료, 연대별 군집구조 변화 분석 완료 - 신생대 나자, 피자 화석 분석을 통해 과거 남극의 계절성 온대기후를 확인
	3. 생태계 융합연구 기반기술 개발	3-1. 생물다양성 분석기술 - 종관별력 향상을 위한 기반 기술 개발	0.3	- 복수의 유전자 데이터를 이용한 종 관별법 및 문자계통수 추정법의 개선 - 정보량 규준 AIC, BIC 개선
		3-2. 생물반응 분석기술 - 환경별현유전체 분석 파이프라인 구축		- 환경유전체 분석 파이프라인 구축 완료
		- 서식지별 동종간 광합성능 차이 분석 - 환경구배에 따른 식물유전자 발현 차이 분석 - 남극 환경조건 모사실험 미생물군집 변화 분석		- 2종의 선태류, 2종의 지의류에 대하여 서식지별 광합성능 분석 완료 - 수분함량 차이에 따른 유전자발현 분석 자료 확보 - 수분, 질소원, 탄소원, 미량원소 차이에 따른 미생물활성 변화 분석
		계	1.0	100

3. 3차년도(2015년)

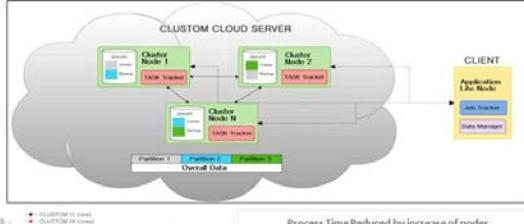
총연구기간내 연차별 목표 대비 달성을(%)				
구분	연차별 달성내용			연차별 계획 대비 연구실적 달성을 (B)(%)
	세부연구목표	연구내용	가중치 (A)	
3년차 (2016)	1. 생태계 구성요소 간 상호작용 기작 규명	1-1. 환경요인 변화 분석 - 모니터링지점 미세지형도 - 물리화학적 생태계 구성요소 간 상관관계 분석	0.35	- 장기모니터링 지점을 포함한 바톤반도 전역에 대하여 5.2cm 공간해상도 이미지 확보 및 미세지형도 작성 - 잔설의 두께, 광량, 온도 간 상관관계 분석
		1-2. 생물다양성 변화 분석 - 빙하후퇴지역의 초기 육상생물 천이 조사 - 무척추동물 분포 DB 구축 및 장기모니터링용 지표종 선정 - 미생물군집 연간변화 분석		- 포터소만 빙하후퇴지역의 식물분포 자료 확보 - 9개 지역에서 23종의 섬모충류 자료 확보, 온도변화에 민감한 <i>Anteholosticha</i> sp.를 지표종으로 선정 - 미생물군집의 2년간 시료 분석
		1-3. 환경·생물의 상관관계 분석 - 환경요인에 따른 무척추동물 분포 특성 분석 - 기후변화에 따른 남극큰재갈매기 등지 분포 변화 분석		- 섬모충 군집분포 분석결과 서식지간의 거리보다, 수분 등 환경이 더 중요한 환경요소임 - 지난 27년간 빙하 300미터 후퇴, 이 지역에 남방큰재갈매기의 등지 확장
	2. 기후변화와 생물상, 유전형 변화, 분포간 상관관계 분석	2-1. 생물다양성 및 계통진화 - 산말목 해조류의 계통분석 - 조류(鳥類) 기생생물의 숙주 특이성 진화 상관관계 분석 - 해양 저서 생물상 조사 - 선태류, 지의류의 웹기반 이미지 도감 제작	0.35	- 홍조류와 갈조류의 계통분석 수행 - 조류기생 갯털진드기 계통 분석, 북극종과 별개의 종으로 판별 - 무척추동물, 원생생물, 미세조류 계통분석 - 저서생물 분포 및 환경변화 영향 조사, <i>Echinodermata</i> , <i>Ascidacea</i> , <i>Cnidaria</i> 우점 - 선태류와 지의류의 웹이미지 도감 및 현장 가이드북 제작
		2-2. 고생물 분석 - 기후변화-생물밀도변화 간 상관관계 분석(퇴적코어) - 화석생물군 분석을 통한 후기 백악기-에오세의 고환경 복원		- 퇴적코어 분석, 시기별로 주요종의 변화 확인 - 백악기 에오세 고환경 복원, 계절성 온대 기후
	3. 생태계 융합연구 기반기술 개발	3-1. 생물다양성 분석기술 - 극지생물 특이 진화기작 탐색 - 미생물다양성 DB 구축	0.3	- 미생물다양성 DB 시스템 개발 - ANTOS 데이터베이스 개발 중
		3-2. 생물반응 분석기술 - 식물생리·유전자발현 간 상관관계 분석 - 환경모사실험 미생물 환경유전체 분석		- 식물 스트레스 반응 지표 유전자 3건 확보 완료 - 환경유전체 metabolic potential 분석시스템 개발 완료 - 환경적응 지표 미생물과 관련 유전자 탐색 완료
		계	1.0	100

제 2 절. 대표적 우수성과

1. 1차년도(2014년)

우수성과 - 1.	생태계 장기모니터링 시스템 구축
성과내용	 <ul style="list-style-type: none"> ○ 습지, 건조고지대, 구조토, 담수호 등 남극육상생태계의 대표적인 생태계 유형을 포함한 장기모니터링 지점 선정 및 기후 센서 설치 ○ 지형, 미기후, 토양화학 등 물리화학적 환경특성 자료 확보 ○ 미생물, 무척추동물, 섬모충류, 선태류, 지의류, 현화식물 등을 포함한 종합적인 장기모니터링 시스템 구축
성과우수성	<ul style="list-style-type: none"> ○ 남극 육상생태계 연구 모델 중 최고의 집적도를 가진 연구지역 ○ 선도적인 생태계 연구를 위한 기반 구축
	
<p>토양생태계 모니터링용 데이터로거 설치</p>	<p>식생 모니터링용 데이터로거 설치</p>
증빙자료	<ul style="list-style-type: none"> ○ 논문명 (제재지, 일시) ○ 학술발표명 (일시, 장소, 발표회명) ○ 기타

우수성과 - 2.	극지 신과, 신종 섬모충류 최초 규명
성과내용	<ul style="list-style-type: none"> ○ 바톤 반도 토양에 서식하는 토양 섬모충에서 1개 신과(new Family) 과 3개의 남극 신종(new Species) 후보종 확보
성과우수성	<ul style="list-style-type: none"> ○ 남극 신종에 대한 관심이 폭발적으로 증가하여 1960년대 4000종, 2010년 8000종이 기재되고 있으나, 우리나라의 경우 남극 신종은 박테리아 14종, 무척추동물 4종 등 18종이 전부임 ○ 극지 토양 섬모충의 경우 Foissner (1996)가 61종 중 1개의 신과 1개의 신속을 발표한 후 그간 극지 섬모충의 연구가 전무한 상태였으며 본 연구에서 찾은 후보군들은 남극 고유종일 가능성이 높음 ○ 섬모충류 같은 미소원생생물들은 Bio-indicator로 적합하다고 알려져 있는데 이번 연구에서 발견한 남극 고유종들의 분포 패턴과 변화를 추적한다면 환경모니터링에 유용하게 이용될 수 있음- 개발
	 <p style="text-align: center;"><i>Notohymena n. sp.</i> <i>Urosomoida n. sp.</i> <i>Keronopsis n. sp.</i></p> <p style="text-align: center;"><바톤반도에서 채집된 섬모충류 신종 후보종들></p>
증빙자료	<ul style="list-style-type: none"> ○ Morphology and molecular phylogeny of a new soil ciliate, <i>Notohymena</i> n. sp. (Ciliophora, Oxytrichidae), from King George Island / <i>Acta Protozoologica</i> (투고 준비 중) ○ A New freshwater Ciliate, <i>Urosomoida</i> nov. spec. (Ciliophora, Oxytrichidae) from King George Island / <i>Acta Protozoologica</i> (투고 준비 중)

우수성과 - 3.	세계최고 수준의 미생물다양성 분석 기술 확립																																					
성과내용	<ul style="list-style-type: none"> ○ 균류 LSU 표준염기서열 DB (MycoDE) 구축 <ul style="list-style-type: none"> - 세계 최대규모인 7,000 개 이상의 표준염기서열 선발 - 단계통 분석을 통해 진화기반 분류체계 구축 - 대용량 염기서열 자동분석 프로그램 개발 및 설치 ○ CLUSTOM-cloud 개발 <ul style="list-style-type: none"> - 최신 클라우드 기법인 in memory data grid 기술 적용 - 최적의 분산계산 환경 구축 - 대용량 염기서열 클러스터링 기술개발을 통해 전지구 규모의 통합 미생물 다양성 분석 기반 구축 																																					
성과우수성	<ul style="list-style-type: none"> ○ MycoDE는 UNITE (ITS 염기서열), RDP (LSU 염기서열)와 더불어 균류 다양성 분석을 위한 3대 종합 염기서열 데이터베이스임 <ul style="list-style-type: none"> - 동일한 염기서열을 이용한 DB인 RDP와 비교했을 때 정확성에서 훨씬 뛰어남 - 생태학 연구에 더 적합한 LSU 염기서열 DB에서 주요 DB로 성장 가능 ○ CLUSTOM-cloud <ul style="list-style-type: none"> - CLUSTOM 알고리듬은 현존하는 염기서열 클러스터링 알고리듬 중 가장 높은 정확도 가지고 있음 - 클라우드 환경구축 및 분산계산 기술을 접목함으로써 대용량의 염기서열에 대해서 가장 높은 정확성을 가진 클러스터링 기술 개발 ○ 기술수준을 인정 받아 2014 SCAR OSC의 "Innovation in Antarctic Science"세션에서 생물학분야로는 유일하게 초청받음 																																					
 <p>In-memory computing기반 대용량 염기서열 클러스터링 프로그램 개발.</p>  <table border="1"> <caption>Data from the left graph: Processing time [hrs] vs # reads</caption> <thead> <tr> <th># reads</th> <th>CLUSTOM (1 core)</th> <th>CLUSTOM (4 cores)</th> <th>CLUSTOM (16 cores)</th> <th>CLUSTOM (64 cores)</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>10^1</td> <td>~4.45</td> <td>~0.5</td> <td>~0.1</td> <td>~0.05</td> </tr> <tr> <td>10^2</td> <td>~15.3</td> <td>~1.5</td> <td>~0.3</td> <td>~0.1</td> </tr> <tr> <td>10^3</td> <td>~40</td> <td>~4</td> <td>~1</td> <td>~0.2</td> </tr> <tr> <td>10^4</td> <td>~100</td> <td>~10</td> <td>~2</td> <td>~0.5</td> </tr> </tbody> </table> <table border="1"> <caption>Data from the right graph: Total Process Time vs Number of Nodes</caption> <thead> <tr> <th>The Number of Nodes</th> <th>Total Process Time</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>3</td> <td>~21.3</td> </tr> <tr> <td>4</td> <td>~12.2</td> </tr> <tr> <td>5</td> <td>~10.2</td> </tr> <tr> <td>6</td> <td>~9.0</td> </tr> <tr> <td>7</td> <td>~7.8</td> </tr> </tbody> </table>		# reads	CLUSTOM (1 core)	CLUSTOM (4 cores)	CLUSTOM (16 cores)	CLUSTOM (64 cores)	10^1	~4.45	~0.5	~0.1	~0.05	10^2	~15.3	~1.5	~0.3	~0.1	10^3	~40	~4	~1	~0.2	10^4	~100	~10	~2	~0.5	The Number of Nodes	Total Process Time	3	~21.3	4	~12.2	5	~10.2	6	~9.0	7	~7.8
# reads	CLUSTOM (1 core)	CLUSTOM (4 cores)	CLUSTOM (16 cores)	CLUSTOM (64 cores)																																		
10^1	~4.45	~0.5	~0.1	~0.05																																		
10^2	~15.3	~1.5	~0.3	~0.1																																		
10^3	~40	~4	~1	~0.2																																		
10^4	~100	~10	~2	~0.5																																		
The Number of Nodes	Total Process Time																																					
3	~21.3																																					
4	~12.2																																					
5	~10.2																																					
6	~9.0																																					
7	~7.8																																					
증빙자료	<p>2014. 8. 오클랜드, SCAR OSC, Use of high-throughput sequencing in understanding Antarctic microbial communities</p> <p>2014. 8. 방콕, IMC10 (국제균학회), Development of fungal LSU sequence database and application to lichen microbiome studies</p> <p>2014. 5. 대구, Bioinformatics Effort to Better Understand Microbial Community 저작권 등록 D-2014-000037호, 균류의 분자생물학적 동정을 위한 염기서열의 계층적 분류체계</p>																																					

2. 2차년도(2015년)

우수성과 - 1.	바톤반도 토양 미생물 분포에 주요 영향을 미치는 지화학 요인
성과 내용	<ul style="list-style-type: none"> 바톤반도와 위버반도에서 약 260여개의 시료를 대상으로 토양의 세균 분포 분석과 총 69가지의 지화학 항목을 분석하여 미생물 분포와 지화학적 상관관계를 포괄적으로 분석하였음
성과의 우수성	<ul style="list-style-type: none"> 세계 3번째로 토양에서의 미생물 군집 구조 형성에 수많은 지화학적 요인이 중요한 작용을 하고 있음을 밝혀냈음. 참고로 첫 번째 연구는 뉴질랜드 와이카토 대학에서 수행하였으나 이 경우에는 38개의 지화학 항목을 대상으로 분석하였음(Lee et al., 2015, ISME), 두 번째 연구는 본 연구팀이 테라노바만 토양을 대상으로 하여 논문을 출판하였음(Kim et al., 2015, PLoS ONE). 미생물 분포는 크게 기지 주변부와 빙하 주변으로 크게 두 그룹으로 나뉘며, 미생물 분포에 영향을 미치는 지화학적 조성 또한 두 지역간 많은 차이가 보였으며, 이는 빙하의 노출시기와 화학적 풍화가 미생물 분포에 미치는 영향이 매우 큰 것으로 보임. 빙하 후퇴가 일찍 된 지역의 경우에는 토양 구성요소 중 silt와 Fe₂O₃, MgO, MnO, Ni, Cr, Co, Sc, Ni와 높은 상관성을 보이며, 반면 빙하 후퇴가 늦게 된 지역은 Ba, La, Ce, Pr, Nd, Be, Sm, Be, Gd, Eu, Tb와 높은 상관성을 보였음.
증빙자료	<p>Map of the Barrow Peninsula showing sampling sites (Weaver Peninsula, Marian Cove Beach (BE), King Sejong Station, Northwestern, Southwestern, Inland, Southeastern, Potter Cove) and geological features (Ice cap, Boulders, Glaciers). The map includes coordinates (42°17'N, 159°17'E) and a legend for sample types: Bench sand (2012/11 season), Soil (2010/11 season), and Soil (2011/12 season).</p> <p>Dendrogram showing similarity between samples based on environmental variables. The x-axis represents sample ID and the y-axis represents similarity (0% to 100%). The dendrogram shows a hierarchical clustering of samples into distinct groups.</p> <p>NMDS plot N=195 showing environmental variable correlations. The x-axis is NMDS1 and the y-axis is NMDS2. Environmental variables shown include pH, TOC, TIC, Salinity, Dissolved oxygen, and various metals (Fe, Mn, Ni, Cr, Cu, Zn, Pb, Cd, Hg, As, Se, Ba, La, Ce, Pr, Nd, Be, Sm, Gd, Eu, Tb). A green circle highlights a cluster of samples.</p> <p>NMDS plot N=122 showing environmental variable correlations. The x-axis is NMDS1 and the y-axis is NMDS2. Environmental variables shown include pH, Fe, Mn, Ni, Cr, Cu, Zn, Pb, Cd, Hg, As, Se, Ba, La, Ce, Pr, Nd, Be, Sm, Gd, Eu, Tb. A green circle highlights a cluster of samples.</p> <ul style="list-style-type: none"> 2015년 11월 5일 개최되는 한국미생물연합학술대회에서 구두발표 예정임 2015년 12월에 ISME Journal(SCIE, IF 9.302, JCR Rank 4.5)에 투고 예정임

우수성과 - 2.	남극 토양환경에 진화 적응한 섬모충류 그룹 확인
성과 내용	<ul style="list-style-type: none"> ○ 바톤 반도 토양에 서식하는 토양 섬모충류 군집구조 분석을 통해 3종의 신종, 1개 새로운 속을 포함 총 20종을 규명
성과의 우수성	<ul style="list-style-type: none"> ○ 처음으로 남극 바톤반도 토양 섬모충류에 대한 군집구조 규명 ○ 남극 대륙에서 약 70종만이 보고되어 있었는데 본 연구를 통해 바톤반도에서 20종이 발견되었으며 이 중 10종은 남극에서 처음 보고되는 것임 ○ 남극에만 서식하는 신종 3종과 1개의 새로운 속을 발견 ○ 남극 신종 <i>Pseudonotohymena antarctica</i>의 경우 2도에서만 성장하는 냉온성을 보이는 등 척박한 남극 환경에 생리적응력을 보여줌 ○ 토양 섬모충류는 척박한 남극 환경에서 박테리아의 상위 포식자로 중요한 토양 탄소 순환의 중개자이며 환경변화 (염도, 온도, pH)에 민감하게 반응하는 지표종임 ○ 이번 연구에서 발견된 남극 고유종들의 분포 패턴과 변화를 추적한다면 환경모니터링에 유용하게 이용될 수 있음
Antarctic species	<p>The phylogenetic tree on the left shows relationships between various Antarctic ciliate species. The tree is rooted at the bottom with <i>Euplotes antarcticus</i> and <i>Aspidisca sp.</i>. Major clades are indicated by red brackets, some labeled as 'New Genus/ Species/ Redescriptions'. The tree includes the following species with their support values:</p> <ul style="list-style-type: none"> Metaurostylopsis antarctica (97/100) Metabakuella sp. (91/100) Anteholostica rectangula (77/100) Hypotrich (89/100) Neokeronopsis asiatica (Parasterkiella thompsoni) (85/100) Hemiuromoida longa (85/100) Oxytricha cf. balladyna (53/100) Urosomoida sejongensis (99/100) Pseudonotohymena antarctica (99/100) Gonostomum strenuum (88/100) Keronopsis sp.1 (58/100) Keronopsis sp. (88/100) Paraholosticha muscicola (95/100) Holosticha diademata (100/100) Diophrys scutum (100/100) Diophrys oligothrix (100/100) Euplotes antarcticus (100/100) Aspidisca sp. (100/100) <p>On the right, detailed morphological drawings of several species are shown, each with a label and a list of anatomical features:</p> <ul style="list-style-type: none"> <i>A. rectangula</i>: Drawing A shows a rectangular cell with various organelles labeled (e.g., FTE, DKL, DH, DB, CO, E, T, G, CV, H). <i>P. antarctica</i>: Drawings B-E show different views of the cell. <i>U. sejongensis</i>: Drawings F-I show the cell. <i>P. muscicola</i>: Drawings J-L show the cell. <i>Keronopsis sp.</i>: Drawings M-O show the cell.
증빙자료	<ul style="list-style-type: none"> ○ <i>Paraholosticha muscicola</i> (Polar science, 2015, Jung et al.) ○ Patchy-distributed ciliate (Protozoa) diversity of eight polar communities as determined by 454 amplicon pyrosequencing (Animal Cells and Systems, 2015, Jung et al.) ○ <i>Urosomoida sejongensis</i> (Zootaxa, 2015, Jung et al.) ○ <i>Anteholosticha rectangula</i> (Acta protozoologica, 심사 중, Jung et al.) ○ <i>Pseudonotohymena antarctica</i> (Journal of Eukaryotic Microbiology, 투고 예정, Park et al.)

우수성과 - 3. 미생물다양성 분석 일괄 파이프라인 구축	
성과 내용	<ul style="list-style-type: none"> ○ 미생물다양성 분석을 위한 일괄 파이프라인 구축 <ul style="list-style-type: none"> - 유전자 및 시료 구분기능, quality trimming, quality filtering 기능이 탑재된 PyroTrimmer 프로그램 개발 - 오류 염기서열의 구분을 위한 USFinder 프로그램 개발 및 성능 향상 - 최고의 정확성을 가진 클러스터링 프로그램 및 성능향상 버전 개발, CLUSTOM, CLUSTOMJ, CLUTOM-Cloud - 균류다양성 분석을 위한 표준 염기서열 DB인 MycoDE 개발
성과의 우수성	<ul style="list-style-type: none"> ○ PyroTrimmer <ul style="list-style-type: none"> - 다양한 trimming 프로그램을 비교한 결과 염기서열 read bias가 가장 적은 프로그램으로 판명됨 (논문 작성 중) - 다양한 유전자와 시료가 혼합된 염기서열을 구분할 수 있는 유일한 프로그램 ○ USFinder <ul style="list-style-type: none"> - 확률분포 모델을 적용하여 선형적인 자료 없이 오류 염기서열 판별 - 생명정보 분석회사에 기술이전 (소프트웨어 등록, 특허 및 논문 준비 중) ○ CLUSTOM <ul style="list-style-type: none"> - 생물학적 논리 적용을 통해 최고의 정확성을 가진 클러스터링 프로그램임 - 클라우드 버전 개발을 통해 계산 효율성 및 처리능력에서 최고 성능 ○ MycoDE <ul style="list-style-type: none"> - 균류 다양성 분석을 위한 현존 유일한 표준 LSU 염기서열 DB인 RDP LSU DB에 비해 정확성이 훨씬 높음 (논문 작성 중)
증빙자료	<pre> graph TD A[NGS 염기서열 전처리] --> B[오류염기서열 처리] B --> C[클러스터링] C --> D[DB search] D --> E[통계 분석] E --> F[ClustStatistic 계량화] B --> G[PyroTrimmer Microbiol 50: 766-769] G --> H[USFinder 기술이전] H --> I[CLUSTOM PLoS One 8: e62623] I --> J[MycoDE 논문 작성 중] J --> K[ClustStatistic 계량화] </pre> <ul style="list-style-type: none"> ○ Oh, J., Kim, B.K., Cho, W.S., Hong, S.G., Kim, K.M. (2012) PyroTrimmer: a software with GUI for pre-processing 454 amplicon sequences. <i>J. Microbiol.</i> 50: 766-769. ○ Hwang, K., Kim, T.K., Oh, J., Yu, D.S., Kim, B.K., Hou, B., Caetano-Anolles, G., Hong, S.G., Kim, K.M. (2013) CLUSTOM: A novel method for clustering 16S rRNA next generation sequences by overlap minimization. <i>PLoS One</i> 8: e62623. ○ USFinder 소프트웨어 등록 (C-2015-01373) ○ USFinder 기술계약: 주)천랩 (연간 사용료 500만원) ○ Sequence quality trimming 비교 논문 작성 중 ○ CLUSTOMJ 및 CLUSTOM-cloud 논문 작성 중 ○ MycoDE 저작권 등록, 논문 작성 중

3. 3차년도(2015년)

우수성과 - 1.	모니터링지점 미세지형도 작성
성과 내용	<ul style="list-style-type: none"> ○ 모니터링지점 고해상도 이미지자료 획득 및 미세지형도 작성 <ul style="list-style-type: none"> - 바톤반도 전역 및 위버반도에서 획득된 고해상도 무인기 영상 약 6,700매와 Structure from Motion (SfM) 기법을 결합하여 바톤반도 전역에 대하여 5.2 cm 공간해상도의 모자이크 영상과 10.4 cm 공간해상도의 미세지형도를 생성 - 헬리카이트 플랫폼을 활용하여 모니터링 지점의 가시광 및 근적외선 영상 확보 후 정밀 영상 정합과 합성을 통하여 고해상도 모자이크 영상, 미세지형도 및 식생지수지도 생성
성과의 우수성	<ul style="list-style-type: none"> ○ 바톤반도 전역 고해상도 모자이크영상 제작 <ul style="list-style-type: none"> - 바톤반도 전역에서 약 5 cm 공간해상도의 고해상도 영상자료를 1주일 기간의 단시기 내에 확보함으로써 기후변화 및 인위적 영향에 의한 육상식생 변화 탐지를 위한 기준 마련 ○ 바톤반도 전역 미세지형도 구축 <ul style="list-style-type: none"> - 작성된 미세지형도는 환경요소 모델링 시 경사와 향의 불변 지형특성 및 태양 복사에너지 누적량, 수계 생성 확률 및 지표 수계 유량 등 가변 환경인자 모델링을 위한 필수 입력자료 생성 ○ 모니터링지점 식생지수지도 작성 <ul style="list-style-type: none"> - 동시에 확보된 가시광 및 근적외선 영상을 각각 정밀 정합하고 개별 결과물을 합성함으로써 식생 밀도 및 활력도를 반영하는 식생지수지도 작성
증빙자료	<ul style="list-style-type: none"> ○ Hyun, C.U., Kim, H.C., Hong, S.G. (2016) High resolution DEM generation using UAV images in Barton Peninsula, King George Island, Antarctica. August 23. Kuala Lumpur Convention Centre, Malaysia (SCAR 2016 Open Science Conference)

우수성과 - 2.	클라우드 컴퓨팅 기반 마이크로비옴 염기서열 클러스터링 소프트웨어 개발
성과 내용	<ul style="list-style-type: none"> ○ CLUSTOM-CLOUD 소프트웨어 개발 <ul style="list-style-type: none"> - 염기서열 클러스터링은 마이크로비옴 연구의 핵심 단계 - 자체 개발된 CLUSTOM 소프트웨어(PLoS ONE, 2013년)는 계산이 정확한 반면, 데이터 처리 용량이 제한적 - CLUSTOM의 Update로 CLUSTOM-CLOUD를 개발하여, 데이터 처리량 및 계산 속도를 각각 5배, 3배 이상 향상
성과의 우수성	<ul style="list-style-type: none"> ○ 생물정보학계에서 세계 최초로 In-Memory Data Grid 기반 프로그램 개발 ○ 현재까지 알려진 클러스터링 프로그램 중 가장 정확한 계산 수행 ○ JAVA로 구현되어 다양한 클라우드 환경에서 실행 가능 (예: 개인 PC, 서버급 컴퓨터, 아마존 EC2 클라우드 서비스 등) ○ 극지환경 마이크로비옴(생물다양성)의 정확한 이해를 위한 기반 기술로 활용가능
<p>The infographic is divided into five main sections:</p> <ul style="list-style-type: none"> 1. 소프트웨어 아키텍처 (In-Memory 기반): Shows a network of four nodes (NODE 0, NODE 1, NODE 2, NODE 3) each with multiple threads, connected to a central In-Memory Data Grid. 2. 빅데이터 분산 최적화 구현: Illustrates a hierarchical clustering process where data is distributed across multiple cluster nodes (Cluster Node 1 to Cluster Node N). Significance: A central box highlights "대용량 염기서열 (over 1 million!)" and shows a 3D scatter plot of sequence data points labeled with genera names like <i>Escherichia</i>, <i>Shigella</i>, <i>Yersinia</i>, etc. Below it, arrows point to "정확한 서열 군집화" and "미생물다양성 이해". 3. 클러스터링 워크플로어: A flowchart showing the clustering process: Initial Clustering (A), Distribute Task, Merge, Determine Initial Clusters (C), Refinement (D), Distribute Task, Merge, and Determine Final Clusters (F). 4. 최고 계산 정확도 확보: Bar charts comparing accuracy (%) for various methods across different taxonomic levels: species, genus, and family. The legend indicates methods like CLUSTOM-CLOUD, CLUSTOT, CLUSTOT-Tree, CLUSTOT-Tree-parallel, CLUSTOT-Tree-parallel-parallel, CLUSTOT-Tree-parallel-parallel-parallel, CLUSTOT-Tree-parallel-parallel-parallel-parallel, and CLUSTOT-Tree-parallel-parallel-parallel-parallel-parallel. 5. 아마존 클라우드 서비스 구축: Shows the integration of CLUSTOM CLOUD with Amazon Web Services (AWS) and EC2. 	
증빙자료	<ul style="list-style-type: none"> ○ Oh, J., Choi, C-H., Park, M-K., Kim, B.K., Hwang, K., Lee, S-H., Hong, S.G., Nasir, A., Cho, W-S., Kim, K.M. (2016) CLUSTOM-CLOUD: In-Memory Data Grid-based software for clustering 16S rRNA sequence data in the cloud environment. PLoS ONE 11:e0151064.

제 3 절. 인력활용/양성 성과

1. 1차년도(2014년)

해당사항 없음

2. 2차년도(2015년)

지원 총인원	지원 대상 (학위별, 취득자)				성별		지역별		
	박사	석사	학사	기타	남	여	수도권	대전	기타지역
1		1			1				1

- 추승호 Influence of microenvironment on the spatial distribution of *Himantormia lugubris* (Parmeliaceae) (강릉원주대학교 일반대학원 석사학위)

3. 3차년도(2016년)

지원 총인원	지원 대상 (학위별, 취득자)				성별		지역별		
	박사	석사	학사	기타	남	여	수도권	대전	기타지역
	1	1							

- 달성실적 상세내용(의의, 기대효과 등)

- 김석철 (2016) 남극 킹조지섬 바톤반도의 식생 분포 패턴. 강릉원주대학교 일반대학원 박사학위
- 최승호 (2015) 남극 지의류 *Himantormia lugubris*의 공간분포에 미치는 미환경의 영향 (강릉원주대학교 일반대학원 석사학위)
- 기후변화와 생태계 관련 연구에 참여할 수 있는 전문인력이 부족한 남극의 육상생태학 분야의 인력양성으로 관련분야 발전 기대

제 4 절. 국제화/협력 성과

1. 1차년도(2014년)

연구협력 파트너	수행형태	연구협력 내용(목표)	수행 결과 및 우수성	해당연도
이규송 (강릉원주대)	공동	○ 식생분포도 작성 및 식생-환경 관계 분석	○ 바톤반도 전역에 대한 식생자료 확보	2014
임현수 (부산대)	공동	○ 지형-기온 상관관계 분석	○ 지형특성, 잔설분포와 지온분포의 상관관계 규명	2014
이정훈 (이화여대)	공동	○ 지형-기온 상관관계 분석	○ 지형별 기온 패턴 분석	2014
김일희 (강릉대)	공동	○ 기생성 요각류, 따개비류의 종동정, 생태학적 자료 및 정보 공유	○ 남극 따개비 Lepas australis 동정 완료 후 논문 작성	2014
박중기 (충북대)	공동	○ 킹조지섬 연안 연체동물 이매폐류의 종동정	○ 남극 연체동물의 종구성 및 분포를 위해 공동연구 진행 중	2014
Arve Elvebakk (Tromso Univ.)	공동	○ 남북극 분포 지의류의 분류 및 진화	○ 신속지의류 7종 규명	2014
Mikhail Andreev (Komarov Botanical Institute)	공동	○ 남극지의류 진화 연구	○ 남극대륙 지의류 시료 확보, 계통분석 공동연구	2014
Goncalo Viera 등 (Univ. Lisbon)	공동	○ 킹조지섬 식생분포 원격탐사	○ 바톤반도 초정밀 원격탐사 자료 확보	2014
Craig Cary (Waikato Univ.)	공동	○ ANTOS 프로그램 개발	○ ANTOS 추진계획 수립 및 업무 분담	2014
John Priscu (Montana State Univ.)	공동	○ 담수호 생태계 연구	○ 남극 담수호 특이 미생물 군집 구조 규명	2014
Angelica Casanova (UDEC)	공동	○ 기후변화 실험구에서 식물의 생리반응	○ OTC 실험구에서의 식물 반응 연구	2014

2. 2차년도(2015년)

연구협력 파트너	수행 형태	연구협력 내용(목표)	수행 결과 및 우수성
정종우(이화여대)	공동	○ 남극 곤충의 군집구조 분석	○ Parachlus의 군집마커 및 계놈 분석
김일희(강릉원주대)	공동	○ 기생성 요각류의 종동정, 생태학적 자료 및 정보 공유	○ 남극대구 아가미에 기생하는 요각류 종동정
박중기 (충북대)	공동	○ 킹조지섬 연안 연체동물 이매폐류의 종동정	○ 남극 연체동물의 종구성 및 분포를 위해 공동연구 진행 중
Tamara contador (Magallanes 대학, 칠레)	공동	○ 칠레 수서생물 생리 및 생태 연구	○ 칠레 남단 수서 곤충 및 저서 생물 시료 확보
정재호(강원원주대)	공동	○ 남극 섬모충류 분류 및 계통	○ 극지방 섬모충류 군집구조 분석
Do Thi Thao (하노이 자연기술대학, 베트남)	공동	○ 연수생 2명 KOPRI에 파견하여 극지 미세조류의 생화학적 특성 분석	○ 극지 미세조류의 분자생물학적 활용 연구
Stefano Schiaparelli (제노바대학, 이태리)	공동	○ 서남극 연안생태계 연구	○ 세종, 장보고 기지 연안생태연구를 위한 표준화된 관측시스템 구축
Arve Elvebakk (Tromso Univ., 노르웨이)	공동	○ 지의류 계통분류	○ 신종지의류 12종 보고
Craig Cary (Waikato Univ.)	공동	○ ANTOS 연구 네트워크 구축	○ 남극생태계 연구 네트워크 구축을 위한 표준화 작업, 데이타베이스 구축 및 관리에 관한 협의
John Priscu (Montana State Univ., 미국)	공동	○ 남극 담수생태계 연구	○ 담수생태계 미생물 다양성, 지화학 특성 상관관계 분석 (논문 작성 중)
허재선(순천대)	공동	○ 남극지의류 내생 균류 및 PKS 유전자 특성 연구	○ 지의류 및 선태류 서식 내생균류 다양성 분석
Goncalo Vieira (Lisbon Univ., 포르투갈)	공동	○ 킹조지섬 육상생태계 미기후 모델링	○ 지형특성, 식생분포 공동조사
Angelica Casanova-Catny (Univ. Concepcion, 칠레)	공동	○ 기후변화에 의한 식물반응 연구	○ 기후변화 실험구에 대한 선태류 유전자 발현 분석

3. 3차년도(2016년)

연구협력 파트너	수행 형태	연구협력 내용(목표)	수행 결과 및 우수성
○ Craig Cary	공동	○ ANTOS 협력체계 구축	○ 남극생태연구의 방향 선도
○ Arve Elvebakk	공동	○ 신종 지의류 발표	○ 신속 12종의 신종 미생물 보고
○ 이규송	공동	○ 바톤반도 식생도 작성	○ 주요지의류 및 선태류의 분포도 작성완료
○ 임현수	공동	○ 토양화학 분석	○ 토양화학-미생물군집 간 상호관계 분석

제 5 절. KPDC 등록 이행실적

1. 1차년도(2014년)

데이터 이름 ¹⁾	메터데이터 ID ²⁾	메터데이터 제목 ³⁾	원시데이터 등록여부 ⁴⁾
데이터-2	KPDC_SFS_KGI_2013	2013-2014년 남극 킹조지섬 바톤반도에서 채취한 토양 및 담수 시료	등록
데이터-2	KPDC_2014KG_Bio_Lichen	2014년 남극 사우스 셔틀랜드 군도 (킹조지섬, 디셉션섬, 리빙스톤섬, 로버트섬, 넬슨섬, 리치필드섬)에서 채취한 지의류 시료	등록
데이터-2	KPDC_2014PA_Bio_Lichen	2014년 칠레에서 채취한 지의류 시료	등록
데이터-2	KPDC_2013KG_Env_AT/RH	2013년 남극 킹조지섬 바톤반도의 대기온도 및 상대습도 데이터	등록
데이터-2	KPDC_2012KG_Env_AT	2012년 남극 킹조지섬 바톤반도의 대기온도 데이터	등록
데이터-2	KPDC_??	Kelp Gull 등지좌표	등록
데이터-2	KPDC_MOSS	남극 세종기지 주변의 선택식물 목록	등록
원시데이터 등록률 ⁵⁾			100 %

2. 2차년도(2015년)

데이터 이름 ¹⁾	메터데이터 ID ²⁾	메터데이터 제목 ³⁾	원시데이터 등록여부 ⁴⁾
남극 바톤반도 생물연구를 위한 시료 채집	KPDC_SS_BP_2015	Soil and Fresh/Sea water samples from Barton Peninsular collected in 2014-2015	등록
2015년 킹조지섬에서 채취된 지의류/이끼류/식물 시료. Set1	KPDC_2015KG_Bio_Biot asamples(KGIK)	Lichen/Moss/Plant samples from King George island collected in 2015	등록
2015년 킹조지섬에서 채취된 지의류/이끼류/식물 시료. Set2	KPDC_2015KG_Bio_Biot asamples(KGIH)	Lichen/Moss/Plant samples from King George island collected in 2015	등록
2015년 푸타아레나스에서 채취된 지의류 시료	KPDC_2015PA_Bio_Lichen	Lichen samples from Punta Arenas collected in 2015	등록
2015년 킹조지섬에서 회수한 환경데이터	KPDC_2015KG_Env_HO BO/iButton	Environmental data about King George Islands collected in 2015.	등록
2014-2015년 아남극권과 남극 바톤반도, South Shetland Island에 서식하는 생물상 비교 및 진화유연관계, 환경에 따른 생물상 차이를 연구하기 위한 시료	KPDC_COMPARE-BIOT A_ANTARCTICA_2014-2015	To compare biota between Subantarctic and Antarctic regions, samples were collected form Barton Peninsular, South Shetland Islands and Navarino Island in Chile during the summer activity in 2014/2015	등록
2014-2015년에 채집한 섬모충에 대한 연구	KPDC_CILIATE_ANTA RCTICA_2014-2015	Ciliates samples from King George Island collected in 2014-2015	등록
2013-2014년에 채집한 섬모충에 대한 연구	KPDC_CILIATE_ANTA RCTICA_2013-2014	Ciliates samples from King George Island collected in 2013-2014	등록
남극 바톤반도 낫깃털이끼 수분구배에 따른 전사체 염기서열 정보	KPDC_SUN_ANTARCTI C_KGI_2015_RNAseq	RNAseq, water gradient, Sanionia uncinata, KGI, Antarctica	등록
원시데이터 등록률 ⁵⁾			100 %

3. 3차년도(2016년)

데이터 이름 ¹⁾	메터데이터 ID ²⁾	메터데이터 제목 ³⁾	원시데이터 등록여부 ⁴⁾
	KPDC_HOBO_ANTARCTICA_2015	Air temperature, air humidity, PAR, substrate temperature, and substrate humidity data from Barton Peninsular in King George Island collected in 2015	등록
	KPDC_LICHEN_SAMPLES_ANTARCTICA_2016	Lichen samples from South Shetland Islands collected in 2016	등록
	KPDC_HYPERSPECTRAL_IMAGES_KGI_2016	Hyperspectral images from Barton Peninsular in King George Island collected in 2016	등록
	KPDC_NIR-RGB_IMAGES_KGI_2016	NIR and RGB images from Barton Peninsular in King George Island collected in 2016	등록
	KPDC_SOIL_ANTARCTICA_2016	Soil and Fresh/Sea water samples from Barton Peninsular collected in 2015-2016	등록
	KPDC_ENVIRONMENTAL_DATA_ANTARCTICA_HOBO_2016	Environmental data about King George Islands collected in 2016	등록
2015-2016년 남극 바톤반도의 생물 (섬모충) 시료와 환경 정보 확인을 위한 채집	KPDC_CILIATE_BARTON_ANTARCTICA_2015	Sampling activity for identification between biotic (ciliate) and abiotic data from Barton Peninsular in Antarctica during the summer season in 2015/2016.	등록
Sequence data	0001	남극 선태류 RNAseq, 수분 구배	등록
원시데이터 등록률 ⁵⁾			100 %

제 6 절. 발표 논문 목록

순서	논문제목	학술지명	게재일	등급*						저자명 / 소속								
				최우 수	1등급		3등급				제1저자		교신저자		공동저자			
					A		B		국내		국외		성명	소속	성명	소속		
					등재	후보	학술 지	Proce eding	등재	후보	학술 지	Proce eding	성명	소속	성명	소속		
1	Antarctic skuas recognize individual humans	Animal Cognition	2016-07-31	O									이원영	극지	이원영	극지	한영덕	인하대
2	Genetic and Molecular Epidemiological Characterization of a Novel Adenovirus in Antarctic Penguins Collected between 2008 and 2013	Plos One	2016-06-16	O									이숙영	고려대	송진원	고려대	김정훈 서태건 노진순 김한겸 김원근 최한구 강성호	극지 극지 고려대 고려대 고려대 극지 극지
3	CLUSTOM-CLOUD: In-Memory Data Grid-Based Software for Clustering 16S rRNA Sequence Data in the Cloud Environment	Plos One	2016-03-08	O									오정수	생공연	조완섭 김경모	충북대 생공연	최치환	충북대
4	Characterization of stearoyl-CoA desaturases from the psychrophilic Antarctic copepod, <i>Tigriopus kingsejongensis</i>	Marine Biotechnology	2016 (in press)	O									정웅식	극지	김상희	극지	김은재 한세종 최한구	극지 극지 극지
5	Bacterial communities in Antarctic lichens	Antarctic Science	2016-08-01	O									박채행	극지	홍순규	극지	김경모 김옥선 정가진	KRIBB 극지 서울대

6	Enzymatic modification by point mutation and functional analysis of an omega-6 fatty acid desaturase from arctic Chlamydomonas sp.	Preparative Biochemistry & Biotechnology	2016-07-30	O				정웅식 김은재	극지 극지	김상희	극지	한세종 강성호 최한구	극지 극지 극지
7	Morphology and Molecular Phylogeny of the Soil Ciliate <i>Anteholosticha rectangula</i> sp. nov. from King George Island, Maritime Antarctica	ACTA Protozoologica	2016-06-30	O				정재호	극지	김상희	극지	박경민	극지
8	Behavioral responses of chinstrap and gentoo penguins to a stuffed skua and human nest intruders	Polar Biology	2016-06-04	O				이원영	극지	김정훈	극지	정진우	극지
9	<i>Pseudonothymena antarctica</i> n. g., n. sp. (Ciliophora, Hypotrichida), a new species from an Antarctic soil	Journal of Eukaryotic Microbiology	2016-05-30	O				박경민	극지	김상희	극지	정재호 민기식	극지 인하대
10	Complete genome sequence of Pedobacter cryoconitis PAMC 27485, a CRISPR-Cas system-containing psychrophile isolated from Antarctica	Journal of Biotechnology	2016-05-20	O				이재진	극지	김옥선	극지	정유정	극지
11	The complete mitochondrial genome of the Japanese fan lobster <i>Ibacus ciliatus</i> (Crustacea, Achelata, Scyllaridae)	Mitochondrial DNA	2016-05-01	O				안동하	인하대	민기식	인하대	김상희	극지
12	<i>Pseudorhodobacter psychrotolerans</i> sp. nov., a psychrotolerant bacterium isolated from terrestrial soil, and emended description of the genus Pseudorhodobacter	International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology	2016-02-01	O				이영미	극지	이홍금	극지	양재영	극지
13	Breeding records of kelp gulls in areas newly exposed by glacier retreat on King George Island, Antarctica	Journal of Ethology	2016-10-05	O				이원영	극지	김정훈	극지	김현철	극지
14	Assembly processed of moss and lichen community with snow melting at the coastal region of the Barton Peninsula, maritime Antarctic	Journal of Ecology and Environment	2016-10-24	O				김석철	장릉원 주대	이규송	장릉원 주대	김준석	장릉원 주대
15	Succession of bacterial community structure during the early stage of biofilm development in the Antarctic marine environment	Korean Journal of Microbiology	2016-03-31	O				이영미	극지	홍순규 이홍금	극지 극지	조경희	극지
16	Diving location and depth of breeding chinstrap penguins during incubation and chick-rearing period in King George Island, Antarctica	한국조류학회지	2016-06-30	O				이원영	극지	김정훈	극지	박성섭 최누리 김길원 정호성	극지 극지 인하대 극지
17	The complete mitochondrial genome of squat lobster, <i>Munida gregaria</i> (Anomura, Galatheoidea, Munididae)	Mitochondrial DNA Part B: Resources	2016-03-28	O				이치우	인하대	김상희	극지	송지훈	인하대
18	The Plastid Genome of the Cryptomonad <i>Teleaulax amphioxiae</i>	Plos One	2015-06-05	O				김종임	충남대	이원호 신웅기	군산대 충남대	윤환수	성균관대
19	Highly heterogeneous soil bacterial communities around Terra Nova Bay of Northern Victoria Land, Antarctica	Plos One	2015-03-23	O				김민철	극지	김옥선	극지	조안나	극지
20	The complete mitochondrial genome of an Antarctic moss <i>Syntrichia filaris</i> (Mull.Hal.) R.H. Zander	Mitochondrial DNA	2016-07-31	O				윤영준	극지	이형석	극지	강윤지	극지

21	Gibbosporina, a new genus for foliose and tripartite, Palaeotropic Pannariaceae species previously assigned to <i>Psoroma</i>	Lichenologist	2016-01-14	O						Arve	트롭소대	Arve	트롭소대	홍순규	극지
22	Morphology and Molecular Phylogeny of Two New Brackish Water Ciliates of <i>Bakuella</i> (Ciliophora: Urostylida: Bakuellidae) from South Korea	Journal of Eukaryotic Microbiology	2015-11-30	O						조은아	인하대	민기식	인하대	정재호	극지
23	The complete mitochondrial genome of the red-banded lobster <i>Metanephrops thomsoni</i> (Crustacea, Astacidea, Nephropidae): a novel gene order	Mitochondrial DNA	2015-08-10	O						안동하	인하대	김상희	극지	민기식	인하대
24	Morphology and molecular phylogeny of a new freshwater ciliate <i>Urosomoides sjongensis</i> n. sp. (Ciliophora, Sporadotrichida, Oxytrichidae) from King George Island, Antarctica	Zootaxa	2016-01-29	O						정재호	강릉원주대	최한구	극지	백예슬	극지
25	Chinstrap penguin foraging area associated with a seamount in Bransfield Strait, Antarctica	Polar Science	2015-12-02	O						고쿠분	일본극지	고쿠분	일본극지	이원영	극지
26	Morphology and molecular phylogeny of an Antarctic population of <i>Paraholosticha muscicola</i> (Kahl, 1932) Wenzel, 1953 (Ciliophora, Hypotricha)	Polar Science	2015-12-01	O						정재호	강릉원주대	김상희	극지	박경민	극지
27	Patchy-distributed ciliate (Protozoa) diversity of eight polar communities as determined by 454 amplicon pyrosequencing	Animal Cells and Systems	2015-09-18	O						정재호	강릉원주대	김상희	극지	박경민	극지
28	Diel diving behavior of breeding gentoo penguins on King George Island in Antarctica	Animal Cells and Systems	2015-07-31	O						이원영	극지	김정훈	극지	고쿠분	일본극지
29	A new sex determination method using morphological traits in adult chinstrap and gentoo penguins on King George Island, Antarctica	Animal Cells and Systems	2015-04-24	O						이원영	극지	김정훈	극지	정진우	극지
30	Isotopic values of Antarctic Krill in relation to foraging habitat of penguins	Ornithological Science	2015-02-12	O						고쿠분	일본극지	고쿠분	일본극지	최은정	극지
31	Influence of microenvironment on the spatial distribution of <i>Himantornia lugubris</i> (Parmeliaceae) in ASPA No. 171, maritime Antarctic	Journal of Ecology and Environment	2015-11-30	O						최승호	강릉원주대	이규송	강릉원주대	김석철	강릉원주대
32	Avian gut microbiota and behavioral studies	The Korean Journal of Ornithology	2015-06-01	O						이원영	극지	이원영	극지		
33	Complete mitochondrial genome of the Antarctic barnacle <i>Lepas australis</i> (Crustacea, Maxillopoda, Cirripedia)	Mitochondrial DNA	2016-05-01	O						백예슬	극지	최한구 김상희	극지극지	민기식	인하대
34	The complete mitochondrial genome of the Violet-spotted reef lobster <i>Enoplometopus debelius</i> (Crustacea, Astacidea, Enoplometopidae)	Mitochondrial DNA	2016-05-01	O						안동하	인하대	김상희	극지	민기식	인하대
35	Complete mitochondrial genome of the South Polar Skua <i>Stercorarius maccormicki</i> (Charadriiformes, Stercorariidae) in Antarctica	Mitochondrial DNA	2016-05-01	O						한영덕	공주대	김상희	극지	백예슬	극지

36	Complete mitochondrial genome of the hydrothermal vent ghost shrimp <i>Paraglypturus tonganus</i> (Crustacea, Axiidea, Callianassidae)	Mitochondrial DNA	2016-03-01	O					김세주	생공연	김상희	극지	김종욱	KIOST
37	Algal and Fungal Diversity in Antarctic Lichens	Journal of Eukaryotic Microbiology	2015-03-01	O					박채행	극지	홍순규	극지	김경모	생공연
38	Vegetation abundance on the Barton Peninsula, Antarctica: Estimation from high resolution satellite images	Polar Biology	2014-11-01	O					신정일	극지	김현철	극지	김현철	극지
39	Diversity of endophytic fungi associated with bryophyte in the maritime Antarctic (King George Island)	Polar Biology	2014-01-01	O					유난희	순천대	허재선	순천대	김정아 정민혜 정용화 홍순규 정재승 고영진	순천대 순천대 순천대 극지 순천대 순천대
40	Biodiversity and physiological characteristics of Antarctic and Arctic lichens-associated bacteria	World Journal of Microbiology and Biotechnology	2014-10-01	O					이영미	극지	이영미	극지	김은혜	극지
41	A Novel Adenovirus in Chinstrap Penguins (<i>Pygoscelis antarctica</i>) in Antarctica	Viruses-Basel	2014-05-07	O					이숙영	고려대	송진원	고려대	김정훈	극지
42	The first report on Amphipoda from Marian Cove, King George Island, Antarctic	Oceanological and Hydrobiological Studies	2014-03-31	O					김지훈	극지	김원	서울대	Jazdze wska	Lodz대

제 7 절. 특허 실적

순서	해당년도	해당계정	명 칭	국가	출원		등록		비고
					국내	국외	국내	국외	
1	2016	PE16020	남극 요각류 티그리오푸스 킹세종엔시스 유래의 스테아로일-CoA 불포화효소 및 이의 용도	한국	O				
2	2016	PE16020	북극 클라미도모나스 유래 오메가-6 지방산 불포화효소와 그 용도	한국	O				
3	2015	PE15020	고유염기서열 검색 프로그램	한국	O				

제 8 절. 기술료 계약실적

순서	해당년도	계약건명	계약금액(계약조건)	계약업체(국명)	계약일자	연구책임자(연구원)
1	2015	고유염기서열 검색 프로그램 (제C-2015-013736호)	500만원	(주)천랩 (대한민국)	2015. 7. 1	홍순규

제 5 장 연구개발결과의 활용계획

제 1 절. 향후 연구 방향

○ 생물반응 모델링

- 미환경별 생물반응자료 확보
- 생물반응 모델 개발
- 종별 및 유전자형별 정밀분포자료 확보

○ 미환경 모델링

- KGI-LTER 지점의 장기적이고 안정적인 데이터 확보
- 남극 세종과학기지 주변 육상의 크리티컬 존 관측을 통한 대기환경 요소, 지질 환경요소, 생물요소 등 생태계 반응 종합관측
- 육상생태계에서 생물 요소와 무생물 요소간의 상호작용 분석
- 빛, 온도, 습도, 토양수분, 잔설, 지형 등의 상호작용에 관한 미환경 모델링

○ 환경변화에 대한 생태계 변화 예측기술 개발

- 미환경 모델링과 생물반응 모델링의 결합을 통해 가상생태계 모델링
- 기후변화에 의한 킹조지섬 육상생태계 변화 시나리오 도출

제 2 절. 성과 활용 계획

○ 본 연구의 핵심결과인 생물반응자료 및 생물반응 모델링 프로토타입은 2025 장기연구목표인 "기후변화에 의한 킹조지섬 생태계 변화 예측기술 개발"을 위한 핵심기술 중 하나인 "생물반응 모델링 기술"개발에 활용

○ 물리화학적 환경 및 생물상변화 모니터링 자료는 생태계변화 예측기술의 검증에 활용

○ 생태계변화에 민감한 종 등 생태계변화 지표 개발

○ 킹조지섬에서 구축한 생태계 연구 시스템을 남체틀랜드군도 및 남극반도 지역으로 확장하여 국제공동연구 선도

○ 극지생물의 보호와 극지환경의 보전을 위한 국제적 생태연구에 기여함으로써 남극조약의 이행 및 국제적 위상 제고

○ 킹조지섬 생태계를 대상으로 개발한 생태계변화 예측기술 및 각종 분석기술은 한반도를 포함한 다양한 생태계 분석에 활용

1. 환경요인 변화 분석

○ 바톤반도 전역 고해상도 모자이크영상 제작

- 바톤반도 전역에서 약 5 cm 공간해상도의 고해상도 영상자료를 1주일 기간의 단시기 내에 확보함으로써 기후변화 및 인위적 영향에 의한 지표 식생 변화탐지를 위한 기준 자료를 마련하였다.

○ 바톤반도 전역 미세지형도 구축

- 바톤반도 전역에서 약 10 cm 공간해상도의 미세지형도를 제작하였다. 미세지형도는 환경 요소 모델링 시 경사도나 경사 방향과 같은 정적인 지형기복 특성 및 태양광 에너지 지표 누적량, 지표 수계 분포 확률 및 지표 수계 흐름 누적량 등 가변 환경인자 모델링을 위한 필수 입력 자료로 활용될 수 있다.

○ 모니터링지점 식생지수지도 작성

- 동일 지점에서 동시에 획득된 가시광 및 근적외선 파장 영역의 영상을 파장 영역별로 정밀 정합하고 개별 파장 영상을 중첩함으로써 식생 밀도 및 활력도를 반영하는 식생지수지도 작성 프로토콜을 마련하였다. 향후 식생 분포 모니터링 시 다중 시기에 작성된 식생지수지도를 입력 자료로 활용할 수 있다.

제 6 장. 연구개발과정에서 수집한 해외과학기술정보

제 7 장 참고문헌

- Adams, B.J., Bardgett, R.D., Ayres, E., Wall, D.H., Aislabie, J., Bamforth, S., Bargagli, R., Cary, C., Cavacini, P., Connell, L. 2006. Diversity and distribution of Victoria Land biota. *Soil Biology and Biochemistry*. 38, 3003-3018.
- Adamska I and Kloppstech K (1994) Low temperature increases the abundance of early light-inducible transcript under light stress conditions *J Biol Chem* 2269: 30221-6
- Adamska I. (1995) Regulation of Early Light-Inducible Protein Gene Expression by Blue and Red Light in Etiolated Seedlings Involves Nuclear and Plastid Factors. *Plant Physiol* 107:1167-1175. DOI: 107/4/1167
- Alamillo JM and Bartels D (2001) Effects of desiccation on photosynthesis pigments and the ELIP-like dsp 22 protein complexes in the resurrection plant *Craterostigma plantagineum* *Plant Science* 160: 1161 - 1170
- Arenz, B.E., Blanchette, R.A. 2011. Distribution and abundance of soil fungi in Antarctica at sites on the Peninsula, Ross Sea Region and McMurdo Dry Valleys. *Soil Biology and Biochemistry*. 43, 308-315.
- Atyeo W. T, Peterson P.C. (1970). Acarina: Astigmata: Analgoidea: feather mites of South Georgia and Heard Islands. *Pacific Insects Monographs*. 23:121 - 151.
- Atyeo, W. T. and P. C. Peterson. (1967). Astigmata (Sarcoptiformes): Proctophyllodidae, Avenzoariidae (Feather mites). *Antarctic Research Series* 10:97 - 103.
- Auguet, J.-C., Barberan, A., Casamayor, E.O. 2009. Global ecological patterns in uncultured archaea. *The ISME journal*. 4, 182~190.
- Babalola, O.O., Kirby, B.M., Roes-Hill, M.L., Cook, A.E., Cary, S.C., Burton, S.G., Cowan, D.A. 2009. Phylogenetic analysis of actinobacterial populations associated with Antarctic Dry Valley mineral soils. *Environmental Microbiology*. 11(3), 566 - 576.
- Bartels D., Hanke C., Schneider K., Michel D., Salamini F. (1992) A desiccation-related Elip-like gene from the resurrection plant *Craterostigma plantagineum* is regulated by light and ABA. *The EMBO journal* 11:2771.
- Bates, S.T., Berg-Lyons D., Caporaso, J.G., Walters, W.A., Knight, R. Fierer, N. 2011. Examining the global distribution of dominant archaeal populations in soil. *The ISME journal*. 5, 908-917.
- BLANCO, J.O., COSTA, E.S., DE ARUJO, J., DURIGON, E., ALVES, M.A.S. 2009. Kelp gulls, *Larus dominicanus* (Aves: Laridae), breeding in Keller Peninsula, King George Island, Antarctic Peninsula. *Zoologica*, 26, 562 - 566.
- Campbell, I.B., Claridge, G. 1987. *Antarctica: soils, weathering processes and environment*, Vol 16 (Elsevier).
- Cantrill, D.J., Poole, I., 2012. *The vegetation of Antarctica through geological time*. Cambridge University Press, New York. 487p.

- Cary, S.C., McDonald, I.R., Barrett, J.E., Cowan, D.A. 2010. On the rocks: the microbiology of Antarctic Dry Valley soils. *Nature Reviews Microbiology*. 8, 129-138.
- Chai, J.I., Guk, S.M., Sung, J.J., Kim, H.C. and Park, Y.M. (1995). Recovery of *Pseudoterranova decipiens* (Anisakidae) larvae from codfish of the Antarctic Ocean. *Korean J Parasitol* 33: 231-234.
- Choe, D. M. 1980. Illustrated Flora and Fauna of Korea. Vol. 24. Musci-Hepaticae., Min. Edu. Seoul. 790 pp. (in Korean).
- Choi SH, Kim SC, Hong SG, Lee KS. 2015. Influence of microenvironment on the spacial distribution of *Himantormia lugubris* (Parmeliaceae) in ASPA No. 171, maritime Antarctic. *J. Ecol Environ.* 38: 493-503.
- Chun, H.Y., Chang, S.K., 1991. Study on the gymnospermous fossil woods from the King George Island. *Korean Journal of Polar Research* 2, 179 - 185.
- Chung HS, Lee BY, Chang SK, Kim JH, Kim YD. 2004. Ice cliff retreat and sea-ice formation observed around King Sejong Station in King George Island, West Antarctica. *Ocean Polar Res* 26: 1 - 10.
- Convey P, Bindschadler RA, di Prisco G, Fahrbach E, Gutt J, Hodgson DA, Mayewski P, Summerhayes CP, Turner J. 2009. Antarctic climate change and the environment. *Antarct. Sci.* 21: 541-563.
- Convey, P., Stevens, M.I. 2007. Antarctic biodiversity. *Science*. 28, 1877-1878.
- COOK, A.J., FOX, A.J., VAUGHAN, D.G., FERRIGNO, J.G. 2005. Retreating glacier fronts on the Antarctic Peninsula over the past half-century. *Science*, 308, 541 - 544.
- Covey P. 2010. Terrestrial diversity in Antarctica - Recent advances and future challenges. *Polar Science* 4: 135-147.
- Culberson C.F. 1972. Improved conditions and new data for the identification of lichen products by a standardized thin-layer chromatographic method. *Journal of Chromatography*. 72: 113 - 125.
- Dabert, M., S. J. Coulson, D. J. Gwiazdowicz, B. Moe, S. A. Hanssen, E. M. Biersma, et al. (2015). Differences in speciation progress in feather mites (Analgoidea) inhabiting the same host: the case of *Zachvatkinia* and *Alloptes* living on arctic and long-tailed skuas. *Experimental and Applied Acarology*. 65:163 - 179.
- Daverert, J. and Mironov, S. V. (1999). Origin and evolution of feather mites (Astigmata). *Experimental and Applied Acarology*. 23: 437-454.
- David RM and Rodney DS (1994) Seasonal Investigations of Soluble Carbohydrates and Pigment Levels in Antarctic Bryophytes and Lichens *The Bryologist* 97: 13-19
- Diaz, J.I., Fusaro, B., Longarzo, L., Coria, N.R., Vidal, V., Jeres, S., Ortiz, J. and Barbosa, A. (2013). Gastrointestinal helminths of Gentoo penguins (*Pygoscelis papua*) from Stranger Point, 25 de Mayo/King George Island, Antarctica. *Parasitol Res* 112: 1877-1881.
- Ding, Z., Li, L., Che, Q., Li, D., Gu, Q., Zhu, T. 2016. Richness and bioactivity of culturable soil fungi from the Fildes Peninsula, Antarctica. *Extremophiles*. 20, 425-435.

- Domaschke, S., M. Vivas, et al. (2013). Ecophysiology and genetic structure of polar versus temperate populations of the lichen *Cetraria aculeata*. *Oecologia* 173, 699-709.
- Doran, P.T., Priscu, J.C., Lyons, W.B., Walsh, J.E., Fountain, A.G., McKnight, D.M., Moorhead, D.L., Virginia, R.A., Wall, D.H. Clow, G.D. 2002. Antarctic climate cooling and terrestrial ecosystem response. *Nature*. 415, 517-520.
- Dubinin, V. B. (1951). Feather mites (Analgesoidea). Part. I. Introduction to their Study. *Fauna, USSR*, 6: 363pp.
- Dubinin, V. B. (1952). Feather mites of birds of Wrangel Island. *Trudy Zool Inst Leningr* 12:251 - 268.
- Dubinin, V. B. (1953). Feather mites (Analgesoidea). Part. II. Epidermoptidae and Freyanidae.. *Fauna, USSR*, 6: 411pp.
- Edgar, R.C., Haas, B.J., Clemente, J.C., Quince, C., Knight, R. 2011. UCHIME improves sensitivity and speed of chimera detection. *Bioinformatics*. 27, 2194-2200.
- Ellis, L.T., Bednarek-Ochyra, H., Ochyra, R., Cykowska, B., Dulin, M.V., Ezer, T., Kara, R., Flores, J.R., Suárez, G.M., Garcia, C., Martins, A., Sérgio, C., Garilleti, R., Kirmaci, M., Agcagil, E., Kurbatova, L.E., Lebouvier, M., Papp, B., Szurdoki, E., Philippov, D.A., Plášek, V., Pócs, T., Sabovljević, M., Sawicki, J., Sim-Sim, M., Szűcs, P., Bidló, A., Váňa, J., Vigalondo, B., Lara, F., Draper, I., Virchenko, V.M. & Wolski G.J. 2012. New national and regional bryophyte records, 33. *Journal of Bryology*. 34: 281 – 291.
- Farquhar GD, Hubick KT, Condon AG, Richards RA (1989) Carbon Isotope Fractionation and Plant Water-Use Efficiency *Ecological Studies* 68:21-40
- FAVERO, M., SILVA, P., FERREYRA, G. 1997. Trophic relationships between the kelp gull and the Antarctic limpet at King George Island (South Shetland Islands, Antarctica) during the breeding season. *Polar Biology*, 17, 431 - 436.
- Favero-Longo SE, Worland MR, Convey P, Lewis Smith RI, Piervittori R, Guglielmin 491 M, Connone N. 2012. Primary succession of lichen and bryophyte communities following glacial recession on Signy Island, South Orkney Islands, Maritime Antarctic. *Antarctic Science* 24: 323-336.
- Fernández-Marín, B., A. Holzinger, et al. (2016). Photosynthetic strategies of desiccation-tolerant organisms. *Handbookofphotosynthesis* 719-737.
- Fernández-Marín, B., A. Holzinger, et al. (2016). Photosynthetic strategies of desiccation-tolerant organisms. *Handbookofphotosynthesis* 719-737.
- Foissner W., Agatha S., Berger H. (2002a) Soil ciliates (Protozoa,Ciliophora) from Namibia (Southwest Africa), with emphasis on two contrasting environments, the Etosha region and the Namib desert. Part I: Text and line drawings, *Denisia* 5: 1-1063
- Foissner W., Agatha S., Berger H. (2002b) Soil ciliates (Protozoa, Ciliophora) from Namibia (Southwest Africa), with emphasis on two contrasting environments, the Etosha region and the Namib desert. Part II: Photographs. *Denisia* 5: 1064-1459
- Foissner, W. (1996). Faunistics, taxonomy and ecology of moss and soil ciliates (Protozoa, Ciliophora) from Antarctica, with description of new species, including *Pleuroplitoides*

- smithi gen. n., sp. n. *Acta Protozoologica* 35: 95 - 123
- Foyer CH. and Noctor G. (2000) Oxygen processing in photosynthesis: regulation and signaling *New Phytol.* 146:359-388
- Gaud J, Atyeo WT. (1996). Feather mites of the World (Acarina, Astigmata): the supraspecific taxa. *Annales du Musée Royal de l'Afrique centrale Sciences Zoologiques*. Part I (text), Part II (illustrations).
- Gaud, J. (1976). Acariens Sarcoptiformes plumicoles parasites sur les oiseaux lariformes et columbiformes d'Afrique. *Musée Royal de l'Afrique. Tervuren, Belgique Annales – serie in-8 – Sciences Zoologiques*. 214:1 - 101.
- Gauslaa, Y. (2014). Rain, dew, and humid air as drivers of morphology, function and spatial distribution in epiphytic lichens. *TheLichenologist* 46, 1-16.
- Green, J.L., Holmes, A.J., Westoby, M., Oliver, I., Briscoe, D., Dangerfield, M., Gillings, M., Beattie, A.J. 2004. Spatial scaling of microbial eukaryote diversity. *Nature*. 432, 747-750.
- Hansen J.R & Jenneborg L.H. 1996. Benthic marine algae and cyanobacteria. In A. Elvebak & P. Presterud (eds): *A catalogue of Svalbard Plants, fungi, algae and cyanobacteria*. Norsk Polarinstitutt Skrifer 198. pp361-374. Oslo: Norwegian Polar Institute.
- Hoberg, E.P. (1984) Trematode parasites of marine birds in Antarctica: the distribution of *Gymnophallus deliciosus* (Olsson, 1893). *Antarctic J* 195: 159-160.
- Horne, P. A. and Rounsevell, D. (1982). A collection of feather mites (Acari: Astigmata) from Greater (Eastern) Antarctica. *Pacific Insects*. 24(2): 196-197.
- Hwang, K., Oh, J., Kim, T.K., Kim, B.K., Yu, D.S., Hou, B., Caetano-Anolles, G., Hong, S.G., Kim, K.M. 2013. CLUSTOM: A novel method for clustering 16S rRNA next generation sequences by overlap minimization. *PLOS ONE*. 8, e62623.
- Iturriaga C, Pineda M, Fernández-Valero EM, Vanier MT, Coll MJ (2006) Niemann - Pick C disease in Spain: Clinical spectrum and development of a disability scale *J Neurol Sci* 249: 1 - 6
- Jagmin, N.I.B., 1987. Estudo anatômico dos troncos fósseis de Admiralty Bay, King George Island (Peninsula Antártica). *Acta Biologica Leopoldensia* 9, 81-98.
- Karr, E.A., Sattley, W.M., Jung, D.O., Madigan, M.T., Achenbach, L.A. 2003. Remarkable diversity of phototrophic purple bacteria in a permanently frozen Antarctic lake. *Applied and environmental microbiology*. 69, 4910-4914.
- Kennedy AD. 1995. Antarctic terrestrial ecosystem response to global environmental change. *Annu. Rev. Ecol. Syst.* 26: 683-704.
- Kershaw, K. A. (1985). *Physiological ecology oflichens*, Cambridge University Press
- Khraiwesh B, Qudeimat E, Thimma M, Chaiboonchoe A, Jijakli K, Alzahmi A, Salehi-Ashtiani K. (2015) Genome-wide expression analysis offers new insights into the origin and evolution of *Physcomitrella patens* stress response. *Scientific reports*, 5: 17434.
- Kim JH, Ahn IY, Hong SG, Andreev M, Lim KM, Oh MJ, Koh YJ, Hur JS. 2006. Lichen

- flora around the Korean Antarctic Scientific Station, King George Island, Antarctic. *J Microbiology*. 44(5): 480-91.
- Kim JH, Ahn IY, Lee KS, Chung HS, Choi HG. 2007. Vegetation of Barton Peninsula in the neighbourhood of King Sejong Station (King George Island, maritime Antarctic). *Polar Biol* 30: 903-916.
- Kim JH, Chung H, Choi H-G, Kim Y. 2003. Macroalgal flora of Kongsfjorden in Svalbard Islands, the Arctic. *Ocean and Polar Research* 25: 569-591.
- Kim, O., Cho, Y., Lee, K., Yoon, S., Kim, M., Na, H., Park. S.C., Jeon, Y., Lee, J., Yi, H., Won, S., Chun, J. 2012. Introducing EzTaxon-e: a prokaryotic 16S rRNA gene sequence database with phylotypes that represent uncultured species. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*. 62, 716-721.
- KIM, S.I., KIM, H.C., SHIN, J.I., HONG, S.G. 2013. Land-cover classification of Barton Peninsular around King Sejong station located in the Antarctic using KOMPSAT-2 satellite imagery. *Korean Journal of Remote Sensing*, 29, 537 - 544.
- Krantz, G. W. (1978). A manual of Acarology. 2nd ed. O. S. U. Book Stores. Corvallis.
- Krohne DT. 2001. General ecology, 2nd edn. Brooke-Cole, Belmont.
- Kwon, M., Kim, M., Takacs-Vesbach, C., Hong, S.G., Kim, S.J., Priscu, J.C., Kim, O.-S. 2017. Niche specialization of bacteria in permanently ice-covered lakes of the McMurdo Dry Valleys, Antarctica. *Environmental Microbiology*. In minor revision.
- Laskowski, Z., Korczak-Abshire, M. and Zdzitowiecki, K., (2012). Changes in acanthocephalan infection of the Antarctic fish Notothenia coriiceps in Admiralty Bay, King George Island, over 29 years. *Polish Polar Res* 33: 99-108.
- Laybourn-Parry, J., James, M.R., McKnight, D.M., Priscu, J., Spaulding,, S.A. Shiel, R. 1997. The microbial plankton of Lake Fryxell, southern Victoria Land, Antarctica during the summers of 1992 and 1994. *Polar Biology*. 17, 54-61.
- LEE, WY, KIM, H.C., HAN, Y.-D., HYUN, C.U., PARK, S., JUNG, J._W., KIM, J.H. 2017. Breeding records of kelp gulls in areas newly exposed by glacier retreat on King George Island, Antarctica. *Journal of Ethology*, 35, 131 - 135.
- Lee, Y. M., E. H. Kim, et al. (2014). Biodiversity and physiological characteristics of Antarctic and Arctic lichens-associated bacteria. *WorldJournalofMicrobiologyandBiotechnology* 30, 2711-2721.
- Levy H., Tal T., Shaish A., Zamir A. (1993) Cbr, an algal homolog of plant early light-induced proteins, is a putative zeaxanthin binding protein. *Journal of Biological Chemistry* 268:20892-20896.
- Lewis Smith RI. 1984. Terrestrial biology of the Antarctic and sub-Antarctic. In: *Antarctic Ecology*. Laws, R.M. (Ed.), Academic Press, London, pp. 61-162.
- Lewis Smith RI. 1990. Signy Island as a paradigm of biological and environmental change in Antarctic terrestrial ecosystems. In: *Antarctic Ecosystems, Ecological Change and Conservation*. Kerry KR, Hempel G. (Eds.), Springer-Verlag, Berlin, pp. 32-50.
- Lindahl M, Funk C, Webster J, Bingsmark S, Adamska I, Andersson B (1997) Expression of

ELIPs and PS II-S protein in spinach during acclimative reduction of the Photosystem II antenna in response to increased light intensities Photosynthesis Research 54: 227-236

Liu S, Lee H, Kang PS, Huang X, Yim JH, Lee HK, Kim IC. (2010). Complementary DNA library construction and expressed sequence tag analysis of an Arctic moss, *Aulacomnium turgidum*. Polar biology, 33(5), 617-626.

Longton RE. 1988. The Biology of Polar Bryophytes and Lichens. Cambridge University Press, Cambridge, 391 pp.

McKnight, D.M., Howes, B., Taylor, C., Goehringer, D. 2000. Phytoplankton dynamics in a stably stratified Antarctic lake during winter darkness. Journal of Phycology. 36, 852-861.

Melick DR, Seppelt RD. (1994) Seasonal investigations of soluble carbohydrates and pigment levels in Antarctic bryophytes and lichens. Bryologist, 97:13-19.

Miller, M. P., Knaus, B. J., Mullins, T. D., and Haig, S. M. (2013). SSR_pipeline—Computer software for the identification of microsatellite sequences from paired-end Illumina High-Throughput DNA sequence data (ver. 1.1, February 2014): U.S. Geological Survey Data Series 778.

Mironov, S. V. (1989). A brief review of the feather mites of the genus *Zachvatkinia* in the USSR (Analgoidea, Avenzoariidae). Parazitologiya. 36: 91 - 115.

Mironov, S. V. (1991). Tow new species of the feather mites superfamily Analgoidea from the Antarctic birds. Informatsionnyi Byulleten Sovetskoi Antarkticheskoi Ekspeditsii 116: 69-75.

Mironov, S. V. (2003). On some problems in the systematics of feather mites. Acarina 11(1): 3 - 29.

Mironov, S.V., Proctor, H.C. (2008). The probable association of feather mites of the genus *Ingrassia* (Analgoidea: Xolalgidae) with the blue penguin *eudyptula minor* (Aves: Sphenisciformes) in Australia. Journal of Parasitology. 94(6):1243 - 1248.

Moe, R.L. & Silva, P.C. 1979. Morphological and taxonomic studies on Antarctic Ceramiaceae (Rhodophyceae). I. *Antarcticothamnion polysporum* gen. et sp. nov.. British Phycological Journal 14: 385-405.

Montané D., Farriol X., Salvadó J., Jollez P., Chornet E. (1998) Fractionation of wheat straw by steam-explosion pretreatment and alkali delignification. Cellulose pulp and byproducts from hemicellulose and lignin. Journal of Wood Chemistry and Technology 18:171-191.

Montané M.-H., Dreyer S., Triantaphylides C., Kloppstech K. (1997) Early light-inducible proteins during long-term acclimation of barley to photooxidative stress caused by light and cold: high level of accumulation by posttranscriptional regulation. Planta 202:293-302.

Moore JP, Le NT, Brandt WF, Driouich A, Farrant JM. (2009) Towards a systems-based understanding of plant desiccation tolerance Trends Plant Sci 14:110-7

- Noguchi, A. 1987. Illustrated Moss Flora of Japan 1. Daigaku Printing Co., Ltd., Hirisima. 242 pp.
- Noguchi, A. 1988. Illustrated Moss Flora of Japan 2. Daigaku Printing Co., Ltd., Hirisima. 491 pp.
- Noguchi, A. 1989. Illustrated Moss Flora of Japan 3. Daigaku Printing Co., Ltd., Hirisima. 742 pp.
- Noguchi, A. 1991. Illustrated Moss Flora of Japan 4. Daigaku Printing Co., Ltd., Hirisima. 1012 pp.
- Noguchi, A. 1994. Illustrated Moss Flora of Japan 5. Daigaku Printing Co., Ltd., Hirisima. 1253 pp.
- Ochyra, R. 1998. The moss flora of King George Island Antarctica. Cracow: Polish Academy of Sciences, W. Szafer Institute of Botany. 278 pp.
- Ochyra, R., Lewis Smith, R.I. & Bednarek-Ochyra, H. 2008. The Illustrated moss flora of Antarctica. Cambridge: Cambridge University Press. 685 pp.
- Oh, J., Kim, B.K., Cho, W.S., Hong, S.G., Kim, K.M. 2012. PyroTrimmer: a software with GUI for pre-processing 454 amplicon sequences. Journal of Microbiology. 50, 766-769.
- Olech M. 2004 Lichens of King George Island, Antarctica. Institute of Botany, Jagiellonian University. Cracow. Poland. 391 pp.
- Oliver MJ, Dowd SE, Zaragoza J, Mauget SA, Payton PR. (2004) The rehydration transcriptome of the desiccation-tolerant bryophyte *Tortula ruralis*: transcript classification and analysis. BMC Genomics, 5: 89.
- Orange A, James P.W., White F.J. 2001. Microchemical methods for identification of lichens. British Lichen Society. London. 101 pp.
- Osyczka P & Olech M. 2005. The lichen genus Cladonia of King George Island, South Shetland Islands, Antarctica. 26(2): 107 - 123.
- Parnikoza I, Dykyy I, Ivanets V, Kozeretska I, Kunakh V, Rozhok A, Ochyra R, Convey P. 2012. Use of *Deschampsia antarctica* for nest building by the kelp gull in the Argentine Island area (Maritime Antarctica) and its possible role in plant dispersal. Polar Biol. 35: 1753-1758.
- Petz W. (2005) Ciliates. In: Antarctic marine protists, (Eds. F. J. Scott, H. J. Marchant). Canberra, Australian Biological Resources Study, 347 - 448
- Petz W., Valbonesi A., Schiftnner U., Quesada A., Ellis-Evans J.C. (2007). Ciliate biogeography in Antarctic and Arctic freshwater ecosystems: endemism or global distribution of species? Fems Microbiology Ecology 59: 396 - 408
- Pielou EC. 1969. An introduction to mathematical ecology. Wiely-Interspecies, New York. 165p.
- Poole, I., Hunt, R.J., Cantrill, D.J., 2001. A fossil wood flora from King George Island: Ecological implications for an Antarctic Eocene vegetation. Annals of Botany 88, 33-54.
- Proctor, H. C. (2003). Feather mites (Acari: Astigmata): ecology, behavior, and evolution.

- Annual Review of Entomology. 48:185 - 209.
- QUINTANA, R.D., TRAVAINI, A. 2000. Characteristics of nest sites of Skuas and Kelp Gull in the Antarctic Peninsula. *Journal of Field Ornithology*, 71, 236 - 249.
- Rinnan, R., Rousk, J., Yergeau, E., Kowalchuk, G.A., Bååth, E. 2009. Temperature adaptation of soil bacterial communities along an Antarctic climate gradient: predicting responses to climate warming. In *Global Change Biology* 15(11). p.2615-2625.
- Robinson, S.A., J. Wasley, and A.K. Tobin. 2003. Living on the edge-plants and global change in continental and maritime Antarctica. *Global Change Biology*. 9: 1681-1717.
- RÜCKAMP, M., BRAUN, M., SUCKRO, S., BLINDOW, N. 2011. Observed glacial changes on the King George Island ice cap, Antarctica, in the last decade. *Global and Planetary Change*, 79, 99-109.
- Ruisi, S., Berreca, D., Selbmann, L., Zucconi, L., Onofri, S. 2007. Fungi in Antarctica. *Reviews in Environmental Science and Biotechnology*. 6, 127-141.
- Sancho, L., F. Valladares, et al. (2000). Ecophysiology of Antarctic versus temperate populations of a bipolar lichen: the key role of the photosynthetic partner. *AntarcticEcosystems:modelsforwiderecologicalunderstanding* 190-194.
- SANDER, M., CARNEIRO, A.P.B., MASCARELLO, N.E., DOS SANTOS, C.R., COSTA, E.S., BALBAO, T.C. 2006. Distribution and status of the kelp gull, *Larus dominicanus* Lichtenstein (1823), at Admiralty Bay, King George Island, South Shetland, Antarctica. *Polar Biology*, 29, 902-904.
- Schaefer, P. and Strandtmann, R. W. (1971). Notes on the incidence and niche preference of Mallophaga and Analgoidea ectoparasitic on the South Polar Skua. *Pacific Insects Monographs*. 25: 15-16.
- Simpson EH. 1949. Measurement of diversity. *Nature* 163: 688.
- Sonesson, M., B. Schipperges, et al. (1992). Seasonal patterns of photosynthesis in alpine and subalpine populations of the lichen *Nephroma arcticum*. *Oikos* 3-12.
- Spigel, R.H., Priscu, J.C. 1998. Physical limnology of the McMurdo Dry Valleys lakes (Wiley Online Library).
- Steig JDP, Schneider SD, Rutherford ME, Mann JC, Comiso DT, 2009. Warming of the Antarctic ice-sheet surface since the 1957 International Geophysical Year. *Nature* 457: 459-462.
- Stenroos S. 1995 Cladoniaceae (Lecanorales, lichenized Ascomycotina) in the flora of Chile. *Gayana Botanica*. 52(2): 89-131.
- Stenroos S., Hyvönen J., Myllys L., Thell A., Ahti T. 2002. Phylogeny of the genus *Cladonia* s. lat.(Cladoniaceae, Ascomycetes) inferred from molecular, morphological, and chemical data, *Cladistics*. 18: 237 - 278.
- Stenroos S., Velmala S., Pykälä J., Ahti T. 2016. Lichens of Finland. Finish museum of Natural History. 896 pp.

- SUÁREZ, N., POZZI, L., YORIO, P. 2010. Nest site selection of the Kelp gull (*Larus dominicanus*) in the Beagle Channel, Tierra del Fuego, Argentina. *Polar Biology*, 33, 215-221.
- Tamura K., Stecher G., Peterson D., Filipski A., and Kumar S. 2013. MEGA6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 6.0. *Molecular Biology and Evolution*. 30: 2725-2729.
- Tang, C. 2009. Microbial diversity studies in sediments of perennially ice-covered lakes, McMurdo Dry Valleys, Antarctica.
- Ter Braak CJF, Šmilauer P. 2002. CANOCO reference manual and CanoDraw for Windows user's guide: software for canonical community ordination (version 4.5). Ithaca, NY: Microcomputer Power, 500p.
- Torres, T., 1984. Nothofagoxylon antarctica n. sp., madera fósil del Terciario de la isla Rey Jorge, islas Shetland del Sur, Antártica. Serie Científica INACH 31, 39-52.
- Torres, T., 1990. Etude paleobotanique du Tertiaire des Iles Roi Georges et Seymour, Antarctique. Ph.D. thesis, Université Lyon 1.
- Torres, T., Lemoigne, Y., 1988. Maderas fósiles terciarias de la Formación Caleta Arctowski, Isla Rey Jorge, Antártica. Serie Científica INACH 37, 69 - 107.
- Turner J, Bindschadler R, Convey P, di Prisco G, Fahrbach E, Gutt J, Hodgson D, Mayewski P, Summerhayes C. 2009. Antarctic Climate Change and the Environment. Scientific Committee on Antarctic Research. Cambridge.
- Valladares, F. and L. Kappen (2007). Opportunistic Growth and Desiccation Tolerance. *Functional Plant Ecology*, Second Edition, CRC Press.
- Vasyukova, T. T., Mironov, S. V. (1990). Fauna and ecology of feather mites of anseriform and charadriiform birds of Yakutia. Yakutskii Nauchnyi Tsentr SO AN SSSR, Yakutsk (in Russian)
- Vasyukova, T. T., Mironov, S. V. (1991.) Feather mites of Anseriformes and Charadriiformes of Yakutia. Izd Nauka, Novosibirsk (in Russian).
- Vick-Majors, T.J., Priscu, J.C., Amaral-Zettler, L.A. 2014. Modular community structure suggests metabolic plasticity during the transition to polar night in ice-covered Antarctic lakes. *The ISME journal*. 8, 778-789.
- Vidal, V., Ortiz, J., Diaz, J.I., Ruiz De Ybanez, M.R., Amat, M.T., M.R., Palacios, M.J., Benzal, J., Valera, F., De La Cruz, C., Motas, M. and Barbosa, A. (2012). Gastrointestinal parasites in Chinstrap Penguins from Deception Islands, South Shetlands, Antarctica. *Parasitol Res* 110: 723-727.
- Vidal, V., Ortiz, J., Diaz, J.I., Zafrilla, B., Bonete, M.J., Ruiz De Ybanez, M.R., Palacios, M.J., Benzal, J., Valera, F., De La Cruz, C., Motas, M., Bautista, V., Machordom, A. and Barbosa, A. (2015). Morphological, molecular and phylogenetic analyses of the spirurid nematode *Stegophorus macronectes* (Johnston & Mawson, 1942). *J Helminthol* 90: 214-222.
- Walker, C.B., de la Torre, J.R., Klotz, M.G., Urakawa, H, Pinel, N, Arp, D.J., et al. 2010.

- Nitrosopumilus maritimus genome reveals unique mechanisms for nitrification and autotrophy in globally distributed marine crenarchaea. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America. 107, 8818~8823.
- Wiencke, C. & Clayton, M.N. 2002. Antarctic Seaweeds. Synopses of the Antarctic benthos. Volume 9 (Editor: J.W. Wägele). pp. [2] 1-239. Ruggell: A.R.G. Gantner Verlag KG.
- Wilbert N., Song W. (2008) A further study on littoral ciliates (Protozoa, Ciliophora) near King George Island, Antarctica, with description of a new genus and seven new species. J. Nat. Hist. 42: 979 - 1012
- Zeng Q, Chen X, Wood AJ (2002) Two early light inducible protein (ELIP) cDNAs from the resurrection plant *Tortula ruralis* are differentially expressed in response to desiccation, rehydration, salinity, and high light J Exp Bot 53:1197-1205
- Zhang, S., Wang, Q., 1994. Paleocene petrified wood on the west side of Collins Glacier in the King George Island, Antarctica. In: Shen, Y. (Ed.), Stratigraphy and palaeontology of Fildes Peninsula, King George Island, Antarctica. State Antarctic Committee Monograph 3, Science Press, Beijing, pp. 223 - 238 (in Chinese with English summary).
- Øvstedral D.O. and Smith R.I.L. 2001. Lichens of Antarctica and South Georgia. A Guide to their Identification and Ecology. Studies in Polar Research, Cambridge University Press, Cambridge. 411 pp.

(국내 과제용)

주 의

1. 이 보고서는 극지연구소에서 수행한 기본연구사업의 연구결과보고서입니다.
2. 이 보고서 내용을 발표할 때에는 반드시 극지연구소에서 수행한 기본연구사업의 연구결과임을 밝혀야 합니다.
3. 국가과학기술 기밀유지에 필요한 내용은 대외적으로 발표 또는 공개하여 서는 안 됩니다.