

OPE12) 방오기능 연구를 위한 딱정벌레목의 표면구조 분석

김지영 · 김진희

국립생태원 생태정보연구실 생태모방연구팀

1. 서론

딱정벌레목(Coleoptera)에 속하는 곤충의 구조적, 기능적 특징들은 생태모방(Biomimicry)의 주요대상이 되어 왔다. 딱정벌레목에 속하는 종들은 겹날개의 구조색(structural coloration), 초소수성(superhydrophobic)과 탈착성(anti-adhesion)의 성질 등 독특한 특징을 많이 지니기 때문에 (Sun & Bhushan, 2012) 생태모방적 활용가능성이 매우 크다. 특히, 딱정벌레목의 표면구조는 대체로 매끄럽지 않으며, 볼록형, 오목형, 물결형, 비늘형로 다양하며, 이러한 표면구조들은 soil adhesion(토양 부착)을 방지하는 역할을 한다(Li et al., 2004). 본 연구는 생태모방 기반의 환경오염관리 기술개발의 목적으로 곤충의 방오기능을 연구하기 위해 진행되었으며, 딱정벌레목 중에서 토양과 관련이 깊은 사슴벌레과(Lucanidae)와 소똥구리과(Scarabaeidae)의 종들을 대상으로 표면구조를 알아보고자 하였다.

2. 자료 및 방법

연구대상종은 사슴벌레과에 속하는 톱사슴벌레, 흉다리사슴벌레, 애사슴벌레, 왕사슴벌레, 넓적사슴벌레, 참넓적사슴벌레, 사슴벌레, 다우리아사슴벌레를 포함하는 8종과 소똥구리과에 속하는 뿔소똥구리, 깨알소똥구리, 소요산소똥풍뎅이, 흑가슴검정소똥풍뎅이, 황소뿔소똥풍뎅이, 렌지소똥풍뎅이를 포함하는 6종이었다. 총 14종을 대상으로 정확한 종 동정을 위해 COI와 16S rDNA 유전분석을 진행하였다. 분자분석을 통해 획득한 염기서열은 DNASTAR computer package 5.05(Lasergene, Madison, WI, USA)를 이용해 시퀀스 정리(edit) 및 정렬(alignment)을 진행하였으며, MEGA6(Tamura et al., 2013)를 이용하여, Neighbor-joining 방법으로 계통수를 작성하였다. 또한 곤충의 표면구조를 확인하기 위해 실체현미경, 전계방사형주사전자현미경(FE-SEM)을 이용하여 분석을 진행하였다.

3. 결과 및 고찰

분자분석을 통해 확보된 염기서열을 NCBI에서 Blast해 본 결과 사슴벌레과에 속하는 종들은 reference 염기서열과 같은 계통군(clade)을 형성하였다. 반면, 소똥구리과에 속하는 종들은 NCBI에 올라온 reference 염기서열이 없었으며, 뿔소똥구리의 경우에는 염기서열 획득에 실패하였다. 그에 따라 이번 연구를 통해 획득한 시퀀스만으로 계통분석을 진행하였으며, 각각의 종들은 독립된 계통군(clade)을 형성하였다. 표면구조의 형태적 특징을 분석한 결과 사슴벌레과에 속하는 종의 표면구조는 대부분 작고, 볼록한 돔(small convex domes)의 형태를 나타내었으며, 소똥구리과에 속하는 종의 표면구조는 작고 오목하게 패인 홈(small concave pits)의 형태를 나타내었다. 또한, 사슴벌레과에 속하는 4개의 속인 톱사슴벌레속(Prosopocoilus), 왕사슴벌레속(Dorcus), 사슴벌레속(Lucanus), 산사슴벌레속(Prismognathus) 별로 돔의 높이 및 간격 등에서 약간의 차이를 보였다. 소똥구리과내에서도 뿔소똥구리가 속하는 Copris속과 깨알소똥구리가 속하는 Panelus속, 4종의 소똥풍뎅이종이 속하는 Onthophagus속 별로 패인 홈의 정도와 간격, 강모(setae)의 유무 및 길이등에서 차이를 보였다.

4. 참고문헌

- Li, J., Chui, Z., Ren, L., Sun, J., Yan, Y., 2004, Reduction of sliding resistance between clay and bionic plate, WIT Press, 73, 10.
- Sun, J., Bhushan, B., 2012, Structure and mechanical properties of beetle wings: a review, BSC adv., 2, 12606-12623.
- Tamura, K., Stecher, G., Peterson, D., et al., 2013, MEGA6:molecular evolutionary genetics analysis version 6.0., Mol, Biol, Evol., 30, 2725-2729.