

산간 소하천에 서식하는 녹색강도래의 생활환

정 근*

강원대학교 농업생명과학대학 생물자원과학부 응용생물학전공

Life Cycles of *Sweltsa* Species (Plecoptera: Chloroperlidae) in a Small Mountain Stream. Chung, Keun* (Applied Biology Program, Division of Bioresources Sciences, College of Agriculture and Life Sciences, Kangwon National University, Chuncheon 24341, Korea)

Abstract Life cycles of *Sweltsa illiesi* and *S. lepnevae* were determined from a headwater stream in Mt. Jumbong. Identification of nymphs was done by using DNA barcoding. Nymphs begin to have species specific color pattern on their head several months prior to adult emergence and differ in the form of the third antennal segment. Two species appear to have similar semivoltine life cycles in this stream, beginning to hatch from June and finishing adult emergence about 701 days later. The combined annual mean biomass in ash free dry mass (AFDM) was estimated as 96 mg AFDM m⁻². The combined annual secondary production were 373 mg and 297 mg AFDM m⁻² yr⁻¹, calculated by using size frequency method and increment summation method respectively.

Key words: *Sweltsa illiesi*, *Sweltsa lepnevae*, life cycle, secondary production

서 론

녹색강도래(Chloroperlidae, Plecoptera)는 우리나라의 소하천에서 흔히 볼 수 있는 수서곤충으로 전에는 *Alloperla joosti* Zwick와 *A. rostellata* (Klapálek), *Sweltsa lepnevae* Zhiltzova와 *S. nikkoensis* (Okamoto)의 4종이 기록되어 왔으나 Ham (2008)에 의해 *Alloperla mediata* (Navas)와 *Sweltsa illiesi* Zhiltzova and Levanidova가 추가되고, Stark (2010)가 충청북도와 강원도에서 채집된 *Kathroperla doma*를 신종으로 보고하여 지금은 우리나라에 총 7종의 녹색강도래가 기록되어 있다. 특히 Ham (2008)은 녹색강도래 성충의 생식기뿐만 아니라 몸의 등에 나타난 흑색무

늑의 형태를 이용하여 우리나라에 서식하는 녹색강도래 6개 종을 쉽게 동정할 수 있는 길을 열어 놓았다.

저자는 Chung (2005a)에서 강원도 인제군 점봉산 강선리의 한 소하천에서 대형무척추동물상을 조사했었다. 그 당시 녹색강도래는 속 수준에서 밀도와 생물량이 추정되었는데, 녹색강도래 약충의 형태가 똑같은 것 같아 한 종으로 이루어진 것으로 생각되어 종을 확인하고자 2004~2005년도에 조사하천에서 성충을 채집한 결과 채집하천 주변의 성충은 한 종이 아닌 복수의 종으로 구성되어 있었다. 실험실에서 약충을 우화 시켜 성충을 확인하고자 했으나 약충 탈피각과 성충을 연결시키기가 쉽지 않았다. 강도래 약충의 등에도 성충의 등무늬와 동일한 무늬가 나타나는데 대개 우화 직전에 나타난다. 따라서 다양한 시기에 채집된 강도래 약충은 정확하게 동정될 수 없었다.

DNA barcode는 미토콘드리아의 cytochrome oxidase I subunit의 일부 염기서열을 이용하여 종을 구분하는 데 이

Manuscript received 13 November 2015, revised 18 December 2015, revision accepted 24 December 2015
* Corresponding author: Tel: +82-33-250-6434, Fax: +82-33-259-5558, E-mail: kunchung@kangwon.ac.kr

용되는 것으로 (Herbert *et al.*, 2003), 그 유효성에 의문도 있지만 (예: Elias *et al.*, 2007), 형태적으로 구별이 어려운 종을 동정하거나, 특히 종을 알 수 없는 유충을 성충에 연결시키는 데 유용한 것으로 알려져 있다 (Gill *et al.*, 2014; Jackson *et al.*, 2014).

본 연구의 목적은 DNA barcode를 녹색강도래 약충의 종을 확인한 다음, 종 동정에 필요한 약충의 외부형태를 탐색하는 것이다. 이를 근거로 앞에서 언급된 점봉산의 한 1차하천에 서식하는 녹색강도래 약충의 종을 확인하여 그들의 생활환을 밝히고 2차생산력을 추정하고자 한다.

재료 및 방법

1. 조사하천

조사하천은 강원도 인제군 강선리에서 점봉산의 남사면을 흐르는 작은 1차하천(38°03'N, 128°25'E)이다. 이 하천의 총 길이는 약 600 m이며 3차하천과 합류하는 해발 800 m 지점의 마지막 10여 m는 경사가 매우 급하다. 1997년 5월에 측정된 바로는 하폭은 대략 1 m 이하이지만 몇 군데는 넓게 퍼져 있어 가장 넓은 곳은 2.7 m에 달하고 물 깊이는 5~10 cm이었다. 하천의 수온은 자동기록기(Hobo[®] temp)로 2시간 간격으로 측정되었으며 연간 일 평균수온은 0~14°C로 유지되었다 (Chung, 2005b), 전기전도도는 15~25 $\mu\text{s cm}^{-1}$, pH는 5.1~6.9를 나타내었다. 하류 10여 m의 급경사구간을 제외한 나머지 구간에서는 주변의 큰 나무들로 인해 하천의 수관이 막혀있었다. 조사하천에 대한 자세한 설명은 Chung (2005a)에 있다.

2. 채집과 선별

녹색강도래는 다른 저서성 대형무척추동물과 함께 경사가 심한 3차하천으로의 합류구간을 제외한 하류 20~300 m에서 파이프형 채집기(직경 20 cm, 높이 40 cm)로 1997년 11월부터 1998년 10월까지 4~6주 간격으로 총 11회 채집되었다 (Chung, 2005a). 1997년 11월부터 이듬해 1월까지의 임으로 선별된 5개 지점에서 표본추출 하였다. 실험실에서 대형무척추동물을 선별해 본 결과 5 반복만으로는 일부 종에 대한 생활사 추정하기에 충분한 표본량을 확보할 수 없을 가능성이 있었으므로 1998년 2월부터 10월까지의 채집지점을 8개로 늘렸다.

대형무척추동물은 채집기 안쪽으로 하천 바닥의 5~10 cm 깊이까지 채집되었는데, 그들이 붙어 있는 나뭇잎과 나뭇가지도 함께 채집되었다. 큰 돌은 대형무척추동물이 떨어

어져 나올 수 있도록 욕실용 솔로 솔질한 다음 3회 이상 물로 씻어내려 채집물에 포함시켰다. 채집물은 현장에서 3~5% formalin으로 처리되어 실험실로 옮겨졌다.

녹색강도래를 포함한 대형무척추동물은 망목 1 mm체를 위로하고 0.25 mm체를 아래로 겹쳐 놓은 상태에서 채집물을 1 mm체에 부은 후 물로 씻었다. 1 mm 체에 걸린 개체는 모두 골라내었고, 1 mm체는 통과했지만 0.25 mm체에 걸린 개체에 대해서는 표본 양에 따라 1/1~1/64에 대해서만 선별작업을 수행하였다. 부분 선별에는 Waters (1969)의 텀테이블을 이용한 부분 채집기가 사용되었다. 몸이 큰 개체를 선별하는 것은 현미경없이 가능했으나, 작은 개체들은 나뭇잎 조각이나 나뭇가지에 매달려 있어서 잘 보이지 않으므로 해부현미경을 저배율(7~10배)로 사용하여 선별하였다. 선별된 표본은 다시 3~5% formalin 용액에 보관되었고 1999~2003년에 걸쳐 몸길이와 두께가 측정되었다. 몸길이는 해부현미경을 이용하여 투명한 petri dish 아래에 1 mm 크기의 방안지를 깔고 그 위에 투사된 곤충의 길이(1 mm 단위)로 측정되었으며, 두께는 두 눈의 가장 먼 바깥가장자리들 사이의 거리를 접안렌즈 내부의 micrometer를 이용하여 20배에서 0.01 mm 간격으로 측정되었다. 그림에는 편의상 0.1 mm 간격으로 표현되었다. 채집과 선별에 대한 자세한 내용은 Chung (2005a)에 나와 있다.

3. 약충 동정

조사하천의 녹색강도래 약충의 종을 확인하기 위하여 2012년 2월에 조사하천을 다시 방문하여 하천의 10~60 m 구간에서 약충을 채집하여 산채로 실험실로 가져온 다음 80% EtOH, -20°C에 보관하였다. 이 시기에는 조사하천이 이미 산림청의 유전자원보호구역으로 지정되어 있어 출입이 자유스럽지 않아 종 확인용 성충을 얻기 위해 2012~2014년에 하천 크기와 고도, 수관폐쇄 등 서식환경이 조사하천과 유사한 다른 2개 장소(진동리하천, 명개리하천)에서 녹색강도래 약충을 채집하였다(진동리하천: 강원도 인제군 기린면 진동리, 수관 막힌 지점과 열린 지점 모두를 포함한 2차하천, 38°00'26.90"N, 128°28'59.01"E, 해발 512 m; 명개리하천: 강원도 홍천군 내면 명개리, 수관 막힌 1차하천: 37°51'41.25"N, 128°32'25.12"E, 해발 800 m). 두 하천에서 채집된 약충 중 DNA barcoding 용 개체들은 현장에서 스포이드로 한 마리씩 골라내어 80% EtOH로 처리되었고, 실험실에서 새로운 80% EtOH 용액으로 옮겨진 다음 -20°C에 보관되었다.

한편, 우화용 약충은 나뭇잎과 모래채 등이 포함된 채산채로 비닐주머니에 넣어진 후 실험실에서 포식자 - 주

로 Perlidae와 Perlodidae (Plecoptera) 약충, Rhyacophilidae (Trichoptera) 유충 등 - 가 크기에 관계없이 모두 제거된 후, 하루살이와 깔따구, 물지렁이 등 녹색강도래 약충의 먹이가 될 만한 몸이 작은 수서곤충과 그들의 먹이인 나뭇잎 등 크고 작은 유기물과 함께 강제 폭기되는 약 16°C의 해당 하천수에서 성충으로 우화할 때까지 관리되었다. 사육용 물은 하천수로 3~4일마다 교환되었다. 우화한 성충은 80% EtOH, -20°C에 보관되었다.

진동리하천과 명개리하천에서 채집되어 실험실에서 우화한 성충 (*S. illiesi* 4개체, *S. lepnevae* 3개체, *S. nikkoensis* 3개체)과 80% EtOH, -20°C에 보관 중이던 몸이 큰 약충 (조사하천 13개체, 진동리하천 3개체)은 다리 한 개 또는 두 개씩, 몸이 작은 약충 (체장 약 3 mm, 조사하천에서 4개체)은 몸 전체가 1.5 mL tube 속에서 완전히 건조된 후, Proteinase K 이용한 insect lysis buffer (Ivanova *et al.*, 2006) 50 μ L가 추가되어 55°C에서 24~36시간 동안 용해되었다 (Shelly *et al.*, 2005). 총 DNA는 GF/F filter (Whatman®), 0.5 mL tube, 뚜껑이 제거된 2 mL tube의 조합으로 이루어진 home-made spin column (<http://microbes.tistory.com/20>)을 이용하여 추출되었다. 0.5 mL tube의 끝은 볼로 가열한 0.5 mm 철사로 구멍을 한 개만 내었고, tube 안에는 직경 47 mm filter의 1/8을 플라스틱 막대로 다져 넣었다. 이들의 조합은 Wang and Rossman (1994)의 Fig. 1에서 Sephadex G-10 beads가 제외된 것과 같다. 중합효소연쇄반응 (PCR)은 20 μ L reaction AccuPower® PCR Premix (Bioneer)을 이용하였고, mtDNA COI의 barcoding 지역의 염기쌍을 증폭하기 위해 세벌의 프라이머, LCO1490 (5'-GGT CAA CAA ATC ATA AAG ATA TTG G-3')과 HCO2198 (5'-TAA ACT TCA GGG TGA CCA AAA AAT CA-3') (Folmer *et al.*, 1994), 또는 LepF1 (5'-ATT CAA CCA ATC ATA AAG ATA T-3')과 LepR1 (5'-TAA ACT TCT GGA TGT CCA AAA A-3') (Hebert *et al.*, 2004), dgLCO1490 (5'-GGT CAA CAA ATC ATA AAG AYA TYG G-3')과 dgHCO2198 (5'-TAA ACT TCA GGG TGA CCA AAR AAY CA-3') (Meyer, 2003)이 사용되었다.

PCR은 94°C에서 1분 1회, 94°C에서 5분과 45°C 1.5분, 72°C 1.5분을 5회 반복한 다음, 94°C에서 1분과 50°C 1분, 72°C 1분을 35회 반복하고, 마지막으로 72°C에서 5분의 조건에서 수행되었다 (Shelly *et al.*, 2005). 모든 PCR산물은 1% 아가로스겔과 methylene blue를 이용하여 band가 확인되었고, Macrogen (서울특별시 금천구)에서 한 방향(5' → 3')으로 서열판독 되었다. 염기서열은 Clustal Omega (Sievers *et al.*, 2011)로 정렬하고, Mega6 (Tamura *et al.*, 2013)의 pairwise distance, between group mean distance로

종이 구별되었다.

mtDNA COI에 의해 성충과 종이 일치된 barcoding 용 약충은 이후부터는 상온에서 보관되었으며, 해부현미경 SZX12 (Olympus, $\times 90$)와 BX50 (Olympus, $\times 100$)하에서 형태적 특징이 파악되었고 이를 바탕으로 1997~1998 표본 중 몸길이가 5 mm 이상인 약충에 대하여 동정이 시도되었다.

4. 생활환과 2차생산력 추정

성충생육기의 길이는 가장 작은 약충이 처음 채집된 날과 그전 달 채집일과의 중간 일을 생육기 시작일로 가정하였고, 성숙한 약충이 마지막으로 채집된 날과 그다음 채집일과의 중간을 우화종료 시점으로 가정하여 계산되었다. 두 종의 통합 2차생산력은 size frequency법과 increment summation법 (Benke and Huryn, 2007)으로 추정되었다. 각 몸길이 계급에 대한 체중 (회분의 건조생물량: mg AFDM) 추정값은 회귀식 '체중 = $\exp(-5.99516) \times (\text{몸길이})^{2.97105}$ ' (Chung, 2008)로 구해졌다. 돌이켜 보면 이 회귀식을 얻는 데에는 *Sweltsa*에 속한 세종 모두 (*S. illiesi*와 *S. lepnevae*, *S. nikkoensis*)의 약충이 사용되었다.

결과 및 고찰

1. 약충 동정

Sweltsa 약충의 mtDNA COI을 위한 PCR은 primer LepF1과 LepR1 쌍과 dgLCO1490과 dgHCO2198 쌍에서 좋은 결과를 보였다. 이 두 primer 쌍에서는 모든 시도에서 아가로스겔 상에서 band가 형성되었으나 맨 처음 사용되었던 LCO1490과 HCO2198 쌍에서는 많은 시도 (>60회)에도 불구하고 실험 초기의 단 1건에서만 band가 형성되었다.

PCR 산물은 한 방향으로 염기를 읽었으므로 염기서열의 앞부분 일부가 제외되어 판독 가능한 염기수는 633~648개 (한 개체는 608염기)이었다. 세 종은 mtDNA COI 염기서열로 뚜렷하게 구별되었다. 성충 4개체와 약충 10개체인 *S. illiesi*의 염기서열 평균 종내변이는 0.6% (0.0~1.9%), 성충 3개체와 약충 7개체로 이루어진 *S. lepnevae*의 염기서열 평균 종내변이는 0.7% (0.0~3.1%)이었다. *S. lepnevae* 중에서 명개리하천에서 채집된 한 개체가 동종의 다른 개체들과 2.6~3.1%의 차이를 보였으나 나머지 9개체는 서로 0.0~1.0%의 차이를 보였다. 성충과 약충이 각각 3개체인 *S. nikkoensis*는 평균 1.3% (0.0~1.9%)의 종내변이를 보였다. 반면 중간 염기서열 변이의 평균값은 *S. illiesi*-*S. lepnevae*

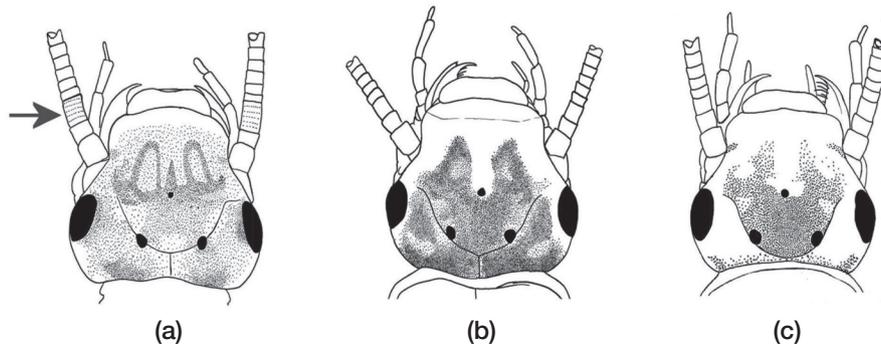


Fig. 1. The color pattern on the head of *Sweltsa* nymphs. (a) *S. illiesi*, (b) *S. lepnevae*, (c) *S. nikkoensis*. The 3rd antennal segment of *S. illiesi* is much longer than the second, and have irregular transverse pattern.

는 11.4%, *S. illiesi*-*S. nikkoensis*는 16.9%, *S. lepnevae*-*S. nikkoensis*에서는 16.3%이었다.

DNA barcoding 결과 실험하천과 명개리하천에는 *S. illiesi*와 *S. lepnevae*만 확인되었으며, 진동리하천에는 *S. nikkoensis*를 포함한 세 종 모두가 서식하는 것으로 나타났다. 이것은 조사하천에서 세 종의 성충 모두를 채집할 수 있었던 2004~2005년의 성충채집 때와는 좀 다른 결과를 보여주는 것이다. 그렇지만 다른 몇 장소(강원 원주 부론면 정산리, 강원 춘천 서면 오월리, 강원 홍천 서석면 수하리, 경기 가평 북면 적목리, 경북 청도 운문산 신원리, 전남 화순 송단리, 충남 금산 산안리)에서 채집된 녹색강도래 약충을 성충으로 우화 시키거나, 비록 작은 수(진동리하천을 제외한 각 장소마다 1~2개체)이지만 DNA barcoding한 결과, 경기도 가평군 북면 적목리의 용소 폭포에서 *S. illiesi* 성충 한 개체가 채집된 것을 제외하면 모두 *S. nikkoensis*만 확인되었다(pairwise barcoding distance 0.0~2.0%). 경기 가평 북면 적목리의 하천이 넓었다는 것(하폭 약 6 m 이상)을 제외하면 이들 하천은 모두 1~2차 하천에 속한 작은 하천이었다. 해발고도는 강원도 춘천 서면 오월리의 180 m에서 경기 가평 북면 적목리의 516 m까지 다양하였지만 조사하천이나 명개리하천과는 다르게 모두 수관이 열려 있는 하천이었다. 해발 677 m에 위치한 진동리하천은 수관이 닫힌 곳과 열린 곳 모두에서 녹색강도래가 채집되었고, 조사하천 주변에도 수관이 열린 장소가 있는 것(2004~2005년에 햇빛 받으며 성충채집 함)으로 미루어 짐작해 볼 때, *S. illiesi*와 *S. lepnevae*는 그늘진 곳을 선호하고 *S. nikkoensis*는 수관이 열려 있는 하천구간을 선호하는 것으로 생각된다. 다만, 이러한 추론은 1997~1998 조사가 서식처 선호성을 밝힐 목적으로 수행된 것이 아니므로 보다 정확한 판단을 위해서는 목적에 맞도록 설계된 후속 연구가 필요하다.

2. 약충의 형태적 특징

Sweltsa 약충의 몸 등면에는 우화 며칠 전부터 그들이 속한 종의 성충의 무늬(Ham, 2008)가 나타나지만, 그 이전에는 이와 전혀 다른 약충만의 무늬를 갖고 있었다. DNA barcoding으로 종이 확인된 약충은 종에 따라 머리 무늬와 더듬이의 둘째와 셋째 마디 길이 및 그 형태에서 큰 차이를 보였다(Fig. 1). *S. illiesi*와 *S. lepnevae*에 속한 성숙한 약충의 머리에는 앞 흘눈 양 옆으로는 삼각형 내지 앞이 좁은 마름모꼴의 체색과 동일하지만 질은 밤색 무늬가 있었는데 대략 우화 전개의 늦가을(10월)부터 나타나기 시작했다. 이 무늬는 *S. illiesi*에서는 앞이 좁고 모서리가 둥글며, 폭이 좁은 마름모꼴이었다(Fig. 1a). *S. lepnevae*에서는 앞 꼭짓점이 다소 일그러지고 뒤쪽으로 폭이 넓은 삼각형 모양이었다(Fig. 1b). 한편 *S. illiesi*의 더듬이 셋째마디(Fig. 1a의 →표)는 둘째 마디 길이의 1.5배 이상으로 길고, 마디의 내부조직이 울퉁불퉁한 가로띠를 만들기 때문에 여러 개의 가로방향 굴곡이 있는 것처럼 보이며 저배율로 관찰할 때에는 간혹 마디가 하나 더 있는 것처럼 보이기도 했다. 그러나 *S. lepnevae*의 세째 더듬이 마디는 둘째 마디와 비슷한 길이이며($< \times 1.5$) 마디 내부에 가로방향 굴곡이 있는 경우가 아주 드물었다. *S. nikkoensis*의 약충은 이마봉합선(frontal suture) 앞쪽으로 세 흘눈 사이에 외골격색과 다른 약간 검은 색의 무늬가 있으며 이마봉합선 바로 뒤쪽에는 이런 색소가 거의 없는 것(Fig. 1c)이 앞의 두 종과 달랐다. 이들도 어린 약충 때에는 머리에 무늬가 없다.

3. 조사하천의 녹색강도래 종구성

총 2025개체 중에서 몸이 작은 개체는 머리무늬가 없었으므로 몸이 큰(몸길이 5 mm 이상) 개체들을 대상으로 머리의 무늬와 더듬이 둘째와 셋째 마디의 모양을 기준으로

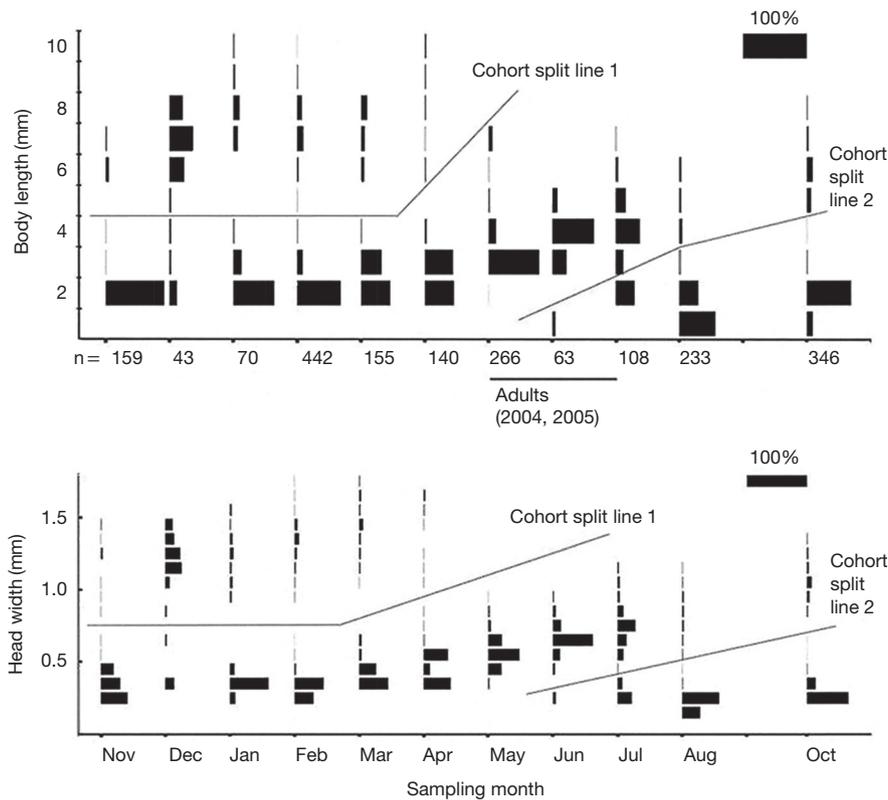


Fig. 2. Combined seasonal growth pattern of *Sweltsa illiesi* and *S. lepnevae* in a headwater stream in Mt. Jumbong, November 1997~ October 1998. Width of histogram represents the proportion of sampled population in each size class. Cohort line 1 and 2 separate 3 year-classes of two *Sweltsa* species. Body length was measured as the distance between the anterior margin of the head and the tip of abdomen. Head width is the distance between the largest distance between outer margins of two eyes.

중 동정을 시도했다. 몸이 큰 개체들의 일부는 표본을 여러 번 검경하면서 마지막에 formalin이 첨가되지 않아 부패했거나(79개 중에서 2개 vials), 일부는 formalin 농도가 충분하여 전체적인 표본 보관상태는 양호 했으나 더듬이가 분실되고 또 머리 무늬가 사라진 개체들이 많았다. 그 결과 동정 가능했던 223개체 중 *S. illiesi*는 132개체, 나머지 91개체는 *S. lepnevae*로 확인되었다. 몸이 큰 *S. illiesi*와 *S. lepnevae*의 약충은 채집월에 따라 해당 월에 차지하는 비율이 다소 차이는 있었으나 항상 동시에 출현하였고 우화전의 마지막 채집월인 1998년 4월에도 두 종 모두가 확인 되었다. 따라서 실험하천에 서식하는 두 종의 녹색강도래는 부화와 성장, 우화, 산란시기가 서로 크게 다르지 않을 것으로 보인다.

4. 생활환

Sweltsa 속 두 종의 약충은 성장에 2년이 걸리는 semi-voltine 생활환을 갖는 것(Fig. 2)으로 나타났다. 동시출생

집단 분리선(Cohort split line) 1은 3년차와 2년차 약충집단을, 분리선 2는 2년차와 1년차 약충집단을 나누어 주었다. 몸길이만으로 보면 5월에 몸이 가장 긴 표본들은 3년차 약충, 또는 우화직전의 약충으로 오인될 수도 있었지만, 두쪽 자료는 그들이 2년차 약충임을 확인해 주었다.

이들의 몸길이는 10 mm까지, 두쪽은 1.72 mm까지 성장했다. 성장은 주로 봄부터 가을 사이에 느리게 이루어졌으며 수온이 낮은 겨울에는 몸길기와 두쪽 모두의 성장이 거의 정지했다(Fig. 2). 1998년에는 성충 우화가 4월경 있었던 것으로 추정되었다. 이는 5~6월에 걸쳐 성충이 채집되었던 2004~2005년에 비하여 대략 1달 정도 이른 것으로, 1998년의 수온상승이 다른 해에 비하여 1개월 빨랐던 것(Chung, 2005b)을 반영하는 것으로 보였다. 매 채집 시기마다 한 동시출생집단에 속한 개체들의 몸길기와 두쪽은 변이가 큰 것으로 나타났다. 이 현상의 원인으로서는 개체의 유전적 특성과 부화시기에 따른 성장기간의 차이 등을 들 수 있겠지만, 최소한 우화 직전에 두쪽 크기가 두 집단으로 나뉘는 것은 암수 성에 따른 것으로 생각된다. 포충

망으로 채집된 성충 몇 개체를 확인한 결과 일반적으로 두 종의 암컷 성충의 두폭은 대략 1.7~1.8 mm이었지만, 수컷 성충의 두폭은 1.3~1.4 mm 정도에 지나지 않았다.

1996~1998년에 부화한 세 동시출생집단의 생활사가 크게 다르지 않았다고 가정하면, 두 종 모두 6월 초~중순(11일경)에 부화를 시작하여 2년 후의 5월 중순(13일)에 우화를 종료하는 701일간의 생육기를 지내는 것으로 추정되었다. *S. nikkoensis* 약충의 7월 몸길이가 4~5 mm (원주 부른 정산리, 춘천 서면 오월리)인 것으로 볼 때 *S. nikkoensis*도 다른 두 종과 마찬가지로 2년의 생활환을 갖는 것으로 생각된다.

5. 2차 생산력

성숙한 약충의 종구별은 가능했지만 부화 이듬해 늦가을까지는 종구별이 불가능했으므로 연평균 생물량과 생산력은 두 종이 하나로 묶여 추정되었다. 두 종의 통합 연평균 생물량은 96 mg AFDM m⁻², 통합생산력은 size frequency 법으로는 약 373 mg AFDM m⁻² yr⁻¹, increment summation 법으로는 297 mg AFDM m⁻² yr⁻¹으로 추정되었다. *Sweltsa* 약충 표본 중에는 물지렁이나 Chironomidae 유충을 삼키다 죽은 개체가 있는 것으로 보아 몸이 작고 외골격이 부드러우며, 빠른 회피동작을 구사할 수 없는 이들 분류군이 *Sweltsa* 약충의 주요 먹이가 아닌가 생각된다. 포식자 대형무척추동물의 일반화된 조생산효율(gross production efficiency)을 0.35라고 가정할 때(동화효율, 0.7; 순생산효율, 0.5) (Benke and Huryn, 2007), *Sweltsa* 두 종의 약충은 1년의 조사기간 동안 약 0.85~1.1 g AFDM m⁻² yr⁻¹의 먹이를 소비한 것으로 추론될 수 있다. 이 값은 보기에 따라서는 매우 작은 양일 수 있지만, 이들이 선호하는 먹이의 개체수로 환산하면 *Sweltsa* 약충이 적지 않은 먹이생물을 소비한다는 것을 알 수 있다. 몸길이가 4.0~5.0 mm인 비포식성 Chironomidae 1개체의 체중이 0.1066 mg AFDM (Chung, 2008)임을 감안하면 두 종의 *Sweltsa* 약충은 이런 크기의 먹이를 매년 약 8000~10000개체 m⁻²를 소비한다는 결론이 나온다. 소하천 먹이사슬에서 충분히 중요한 역할을 할 것으로 생각된다.

적 요

점봉산의 한 소하천에 서식하는 녹색강도래 *Sweltsa illiesi*와 *S. lepnevae*의 생활환이 추정되었다. 약충은 DNA barcode로 동정되었다. 이들의 약충은 성충으로 우화하

기 몇 달 전부터 머리에 종 특이적 무늬가 나타났으며, 더듬이 셋째 마디의 모양이 서로 달랐다. 두 종은 거의 동일한 semivoltine 생활환을 가지며, 산란된 알은 6월에 부화하여 약 701일의 생육기간을 보내는 것으로 나타났다. 두 종의 통합된 연평균 생물량은 회분외질량(AFDM)으로 96 mg AFDM m⁻²으로 추정되었다. 통합 2차생산력은 size frequency 법으로는 373 mg, increment summation 법으로는 297 mg AFDM m⁻² yr⁻¹인 것으로 추정되었다.

사 사

본 연구는 2014년도 강원대학교 학술연구조성비로 연구하였음(과제번호-C1010758-01-01).

REFERENCES

- Benke, A.C. and A.D. Huryn. 2007. Chapter 29. Secondary production of macroinvertebrates, p. 691-710. *In: Methods in stream ecology* (Hauer, F.R. and G.A. Lamberti, eds.). Academic Press, Burlington.
- Chung, K. 2005a. Abundance and biomass of macroinvertebrate association in a first order stream at Mt. Jumbong, Kangwon-do. *Korean Journal of Limnology* **38**: 1-10.
- Chung, K. 2005b. The life cycle and secondary production of *Cinticostella levanidovae* (Tshernova) collected from a headwater stream in Mt. Jumbong, Korea. *Journal of Asia-Pacific Entomology* **8**: 367-374.
- Chung, K. 2008. Body length-mass relationships of aquatic insect of mountain streams in central Korean peninsula. *Korean Journal of Limnology* **41**: 320-330. (in Korean)
- Elias, E., R.I. Hill, K.R. Willmott, K.K. Dasmahapatra, A.V. Z. Brower, J. Mallet and C.D. Jiggins. 2007. Limited performance of DNA barcoding in a diverse community of tropical butterflies. *Proceedings of Royal Society of London B* **274**: 2881-2889.
- Folmer, O., M. Black, W. Hoeh, R. Lutz and R. Vrijenhoek. 1994. DNA primers for amplification of mitochondrial cytochrome c oxidase subunit 1 from diverse metazoan invertebrates. *Molecular Marine Biology and Biotechnology* **3**: 294-299.
- Gill, B.A., R.A. Harrington, B.C. Kondratieff, K.R. Zamudio, N.L. Poff and W.C. Funk. 2014. Morphological taxonomy, DNA barcoding, and species diversity in southern Rocky Mountain headwater streams. *Freshwater Science* **33**: 288-301.
- Hebert, P.D.N., A. Cywinska, S.L. Ball and J.R. deWaard. 2003. Biological identifications through DNA barcodes. *Pro-*

- ceedings of Royal Society of London B* **270**: 313-321.
- Hebert, P.D.N., E.H. Penton, J.M. Burns, D.H. Janzen and W. Hallwachs. 2004. Ten species in one: DNA barcoding reveals cryptic species in the neotropical skipper butterfly *Astraptes fulgerator*. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* **101**: 14812-14817.
- Ivanova, N.V., J. deWaard and P.D.N. Hebert. (2006) Protocols. Glass fiber plate DNA extraction. <http://ccdb.ca>
- Jackson, J.K., J.M. Battle, B.P. White, E.M. Pilgrim, E.D. Stein, P.E. Miller and B.W. Sweeney. 2014. Cryptic biodiversity in streams: a comparison of macroinvertebrate communities based on morphological and DNA barcode identifications. *Freshwater Science* **33**: 312-324.
- Meyer, C.P. 2003 Molecular systematics of cowries (Gastropoda: Cypraeidae) and diversification patterns in the tropics. *Biological Journal of the Linnean Society* **79**: 401-459. doi: 10.1046/j.1095-8312.2003.00197.x.
- Shelley, L.B., P.D.N. Hebert, S.K. Burian and J.M. Webb. 2005. Biological identifications of mayflies (Ephemeroptera) using DNA barcodes. *Journal of North American Benthological Society* **24**: 508-524.
- Sievers, F., A. Wilm, D.G. Dineen, T.J. Gibson, K. Karplus, W. Li, R. Lopez, H. McWilliam, M. Remmert, J. Söding, J.D. Thompson and D. Higgins. 2011. Fast, scalable generation of high-quality protein multiple sequence alignments using Clustal Omega. *Molecular Systems Biology* **7**: 539. DOI 10.1038/msb.2011.75.
- Tamura, K., G. Stecher, D. Peterson, A. Filiski and S. Kumar. 2013. Mega6: Molecular evolutionary genetics analysis version. 6.0. *Molecular Biology and Evolution* **30**: 2725-2729.
- Wang, Z. and T.G. Rossman. 1994. Isolation of DNA fragments from agarose gel by centrifugation. *Nucleic Acids Research* **22**: 2862-2863.
- Waters, T.F. 1969. Subsampling for dividing large samples of stream invertebrate drift. *Limnology and Oceanography* **14**: 813-815.