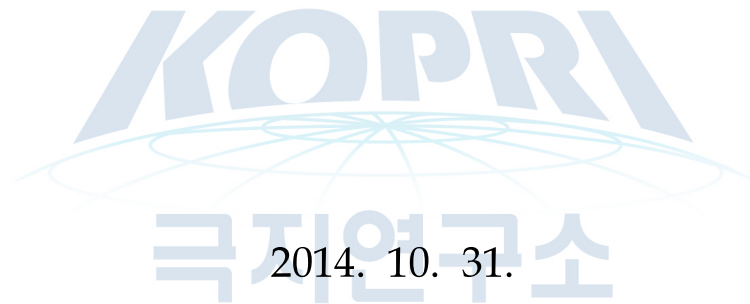


‘빙하·대기·생태계 관측을 위한 통합 계측
시스템 개발’ 제안요청서 작성을 위한 기획
연구

A planning research making an RFP for integrated
monitoring systems of glacier, weather and ecology



극 지 연 구 소



제 출 문

극지연구소장 귀하

본 보고서를 “빙하·대기·생태계 관측을 위한 통합 계측 시스템 개발 제안
요청서 작성을 위한 기획 연구” 과제의 최종보고서로 제출합니다.



2014. 10. 31

연구 책임자 : 이주한

참여 연구원 : 홍순규, 김옥선, 이원상,
박상중



보고서 초록

과제관리번호	BSP	해당단계 연구기간	2014. 10. 1 ~ 2014.10.31	단계 구분	
세부사업구분		연구정책·지원과제			
연구과제명	국문	빙하·대기·생태계 관측을 위한 통합 계측 시스템 개발 제안요청서 작성을 위한 기획 연구			
	영문	A planning research making an RFP for integrated monitoring systems of glacier, weather and ecology.			
연구책임자	이 주 한	해당단계 참여연구원수	총 : 5 명 내부 : 5 명	해당단계 연구비	정부: 천원 계: 5,000 천원
연구기관명 및 소속부서명	극지연구소 기술안전지원팀		참여기업명		
국제공동연구	상대국명 :	상대국연구기관명 :			
	상대국명 :	상대국연구기관명 :			
위탁연구	연구기관명 :		연구책임자 :		
요 약				보고서면수	92
<p>○ 남극에서의 연구 수월성을 확보하기 위해 설치가 용이하며 저전력으로 운영되는 실시간 데이터 수집이 가능한 기상 및 빙하의 유동 모니터링 통합 관측시스템 개발할 수 있도록 RFP 제안</p> <p>○ 자료 기록 장치</p> <ul style="list-style-type: none"> - 자료 기록 장치는 최소 8채널(온도, 토양수분, PAR, 풍향, 풍속, 자이로, 가속도, GPS 등) 이상의 센서 자료를 동시에 기록할 수 있도록 제안 - 기록되는 센서는 연구지역에 따라 가감될 수 있으므로 센서의 종류에 관계없이 탈착 가능할 수 있도록 제안 - 위성통신을 이용하여 실시간 자료 전송이 가능하도록 제안(1일 1회이상) - 모니터링 네트워크(반경 100 m 이내) 내에서 상호 통신이 가능하도록 제안 - 저전력으로 최소 1년 이상 측정이 가능할 수 있도록 제안. 필요시 2~3년 동안 사용할 수 있도록 태양광 충전장치를 설치. - 소형(지름 14 cm × 길이 30 cm 이내, 배터리 제외)으로 제작되어 설치가 용이하도록 제안 - 자료 기록 장치의 운용온도는 -40℃의 조건에서 작동할 수 있도록 제안 					
색인어 (각 5개 이상)	한 글	통합 계측 시스템, 빙하 관측, 대기 관측, 생태계관측, 실시간 자료 전송			
	영 어	Integrated monitoring system, Glacier monitoring, Weather monitoring, ecology monitoring, real time data transfer			

요 약 문

I. 제 목

빙하·대기·생태계 관측을 위한 통합 계측 시스템 개발 제안요청서 작성을 위한 기획 연구

II. 연구의 목적 및 필요성

- 빙하, 대기, 생태계 관측을 위한 통합 계측 시스템 개발을 위한 RFP 작성
- 남극에서 연구의 수월성을 확보하기 위해 설치가 용이하고 저전력의 기상 및 빙하의 움직임 모니터링용 통합 관측시스템의 구축이 필요함

III. 연구의 내용 및 범위

- 빙하, 대기, 생태계 관측을 위한 통합 계측 시스템 개발을 위한 RFP 작성
 - 글로벌 이슈에 대응하기 위한 연구의 수월성 확보하기 위하여 빙하, 대기, 생태계 모니터링을 위한 통합 시스템 개발 내용 제안
 - 개발된 통합 유닛은 극지현장에 설치의 편리성과 장기간 기록할 수 있는 장점을 가질 수 있도록 개발 제안
 - 극지현장에 측정된 데이터는 실시간 연구소로 전송할 수 있는 시스템을 갖출 수 있도록 제안

IV. 연구결과

- 자료 기록 장치는 최소 8채널(온도, 토양수분, PAR, 풍향, 풍속, 자이로, 가속도, GPS 등) 이상의 센서 자료를 동시에 기록할 수 있도록 제안
- 기록되는 센서는 연구지역에 따라 가감될 수 있으므로 센서의 종류에 관계없이 탈착 가능할 수 있도록 제안
- 위성통신을 이용하여 실시간 자료 전송이 가능하도록 제안(1일 1회이상)
- 모니터링 네트워크(반경 100 m 이내) 내에서 상호 통신이 가능하도록 제안
- 저전력으로 최소 1년 이상 측정이 가능할 수 있도록 제안. 필요시 2~3년 동안 사용할 수 있도록 태양광 충전장치를 설치.
- 소형(지름 14 cm × 길이 30 cm 이내, 배터리 제외)으로 제작되어 설치가 용이하도록 제안

- 자료 기록 장치의 운용온도는 -40℃의 조건에서 작동할 수 있도록 제안

V. 연구결과의 활용계획

- 관측 센서와 시스템을 하나로 통합하여 저비용으로 여러 위치에 설치가 가능하고 효율적인 데이터 취득과 관리가 가능하여 기관고유사업의 생태 모니터링 분야에 활용할 수 있도록 지원
- 제작된 장비를 활용하여 ANTOS와 같은 국제적 관측프로그램을 주도할 수 있도록 지원



S U M M A R Y

I. Title

A planning research making an RFP for integrated monitoring systems of glacier, weather and ecology

II. Significance and objectives of the study

- Making an RFP for integrated monitoring system of glacier, weather and ecology.
- In order to secure easiness of researches in Antarctic and Arctic area, it is essential to develop an integrated monitoring system with easy-to-install and low power technology

III. Contents and scope of the study

- Making an RFP for integrated monitoring system of glacier, weather and ecology.
- Proposition an integrated monitoring system of glacier, weather and ecology to secure easiness of researches.
- Proposition an integrated unit with easy-to-install and low power technology.
- Proposition a real-time data transfer system by satellite

IV. Results of the study

- Data recorder must have at least 8 channels for temperature, soil moisture, PAR, wind direction and speed, gyro, acceleration, and GPS.
- Sensors can be applicable and removable in all channels
- Data must be transmitted to KOPRI once a day at least by satellite.
- Systems communicate mutually within a 100 m radius.
- Systems must be operated for one year by batteries module and can be operated for 2~3 years with solar energy systems in case of necessity
- Size of the system is less than 14 and 30 cm in diameter and length respectively and easy-to-install.
- Operating temperature should be possible in - 40 °C

V. Further Application of the study

- The systems can be applicable for monitoring long-term ecosystem and glacier movement responses to climate changes.



C O N T E N T S

Chapter 1 Introduction	16
Chapter 2 The technology development present state	18
Chapter 3 The research development achievements and results	20
Section 1 Preliminary study of geological properties and biodiversity in soil	
around Terra Nova Bay	20
1. Introduction	21
2. Materials and Methods	21
3. Results and discussion	26
4. Conclusion	64
Section 2 Microbial diversity along latitudinal gradients in Victoria Land	
1. Introduction	65
2. Materials and Methods	66
3. Results and discussion	69
4. Conclusion	75
Section 3 Study on microbial diversity in lakes in the Dry Valleys	
1. Introduction	76
2. Materials and Methods	77
3. Results and discussion	81
4. Conclusion	90
Section 4 Construction of ecological database	
Chapter 4 The extent of aim achievement and contribution of related field...	92
Chapter 5 The application of research result	93
Chapter 6 Reference	94

List of Tables

Table 1. The results of grain size analyses and the classification of sediment types based on Folk et al. (1970).....	35
Table 2. The results of geochemical analyses of soil samples.	37
Table 3. Major element compositions of soil samples	39
Table 4. Isotope results of carbon and nitrogen.....	41
Table 5. Major physicochemical properties effecting the binary diffusion of samples	46
Table 6. Pyrosequencing results of eukaryotic LSU rRNA genes	49
Table 7. Diversity indices of 500 reads in each sample	59
Table 8. Location and main characteristics of the study sites	66
Table 9. Physical and chemical properties in soils	66
Table 10. Pyrosequencing library results	69
Table 11. Bacterial diversity indices via subsampling	73
Table 12. Sampling dates of lakes in Dry Valleys (2012).....	77
Table 13. Pyrosequencing library results	81
Table 14. Bacterial diversity indices via subsampling	87

List of Figures

Figure 1. Sampling sites in Terra Nova Bay (Left; 2012, Right; 2013)	21
Figure 2. PCR condition for 16S rRNA gene amplification	23



목 차

제 1 장 서론	16
제 2 장 국내외 기술개발 현황	18
제 3 장 연구개발수행 내용 및 결과	20
제 1 절 테라노바만 주변 토양의 지질학적 특성 및 토양 생물 다양성 기초연구	20
1. 서론	21
2. 재료 및 방법	21
가. 연구대상지역과 시료확보	21
나. 지질학적 특성 분석	22
다. 탄소와 질소 동위원소 분석	22
라. Genomic DNA 추출 및 미생물 유전자 염기서열 분석	23
마. 미생물 다양성 분석	24
3. 결과 및 토의	26
가. 연구지역의 지형 및 지질 특성 야외조사 결과	26
나. 토양분석 결과	34
다. 토양시료의 C, N 동위원소 분석결과	35
라. 세균 군집 및 다양성 분석결과	43
마. 균류 다양성 분석결과	49
4. 결론	64
제 2 절 이탈리아와의 공동연구를 통한 위도구배에 따른 빅토리아랜드 토양미 생물 다양성 연구	65
1. 서론	65
2. 재료 및 방법	66
가. 연구대상지역과 시료확보	66
나. Genomic DNA 추출 및 미생물 유전자 염기서열 분석	66

다. 파이로시퀀싱 분석	68
3. 결과 및 토의	69
가. 파이로시퀀싱 데이터 분석결과	69
나. 토양 미생물의 유사도 분석결과	71
다. 미생물 다양성 분석결과	73
4. 결론	75
제 3 절 미국과의 공동연구를 통한 드라이밸리 호수의 세균다양성 및 군집구조 분석 연구	76
1. 서론	76
2. 재료 및 방법	77
가. 연구대상지역과 시료확보	77
나. Genomic DNA 추출 및 미생물 유전자 염기서열 분석	78
다. 파이로시퀀싱 분석	80
3. 결과 및 토의	81
가. 파이로시퀀싱 데이터 분석결과	81
나. 세균의 유사도 분석결과	84
다. 세균 다양성 분석결과	86
4. 결론	90
제 4 절 생태 데이터베이스 구축	91
제 4 장 연구개발목표 달성도 및 대외기여도	92
제 5 장 연구개발결과의 활용계획	93
제 6 장 참고문헌	94

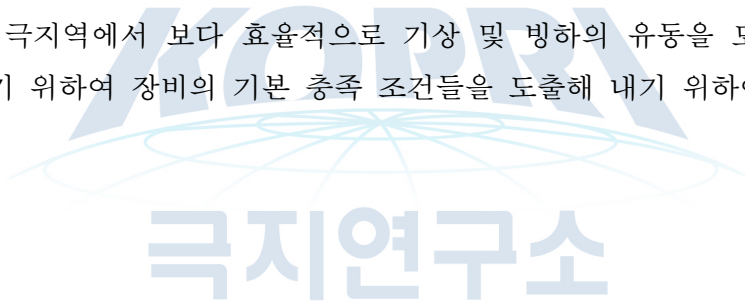
제 1 장 서론

국내외적으로 다양한 연구 분야에서 공통적으로 기후 온난화와 관련된 여러 결과들을 내 놓고 있으며 특히 IPCC 보고서에 따르면 지난 100년 간 전지구 평균기온은 0.74℃ 상승하였고, 해수면은 약 17cm 상승한 것으로 보고되고 있다. 극지역에서는 그 양상이 더욱 뚜렷하여 1979년부터 1998년에는 0.91℃의 증가가 관측되기도 하였다.

최근 예측된 해수면 상승은 남북극의 빙하 감소에 따른 영향을 포함시키지 않아 정확도 향상을 위해 극지역 빙하에 대한 정밀한 변화 예측을 필요로 하고 있다. 이를 위해 대기, 해양, 기후 요소와 지각 변화자료들을 수집하기 위한 국제 공동 네트워크 결성 등의 연구들이 수행되고 있다.

극지역은 자료의 취득과 접근성이 매우 어려운 곳 중에 하나이다. 설치한 장비가 혹독한 환경에서 유실되는 경우도 빈번히 발생하여 장비의 설치 및 유지관리, 자료 취득이 연구수행에 있어 매우 중요한 부분의 하나로 남고 있으며 많은 선진국들이 이를 해결하기 위해 노력을 기울이고 있다.

본 연구는 극지역에서 보다 효율적으로 기상 및 빙하의 유동을 모니터링하기 위한 장비를 개발하기 위하여 장비의 기본 충족 조건들을 도출해 내기 위하여 실시되었다.



제 2 장 국내외 기술개발 현황

가. 세계적 수준

개념정립 단계	●	기업화 단계		기술 안정화 단계	
---------	---	--------	--	-----------	--

- 남극과학위원회의 연구프로그램인 EBA (Evolution and Biodiversity of Antarctica) 연구 프로그램이 2013년 종료되면서 향후 진행될 남극 생태계 연구는 State of the Antarctic Ecosystem (AntEco)와 Antarctic Ecosystems: Adaptations, Thresholds and Resilience (AntETR)로 남극 생태계를 구성하는 생물의 분류, 생물지리, 생물보존, 생리, 오믹스, 시스템생물학, 데이터관리 분야에서 국제 공동연구과제 개발을 추진 중에 있음 (<http://eba.antarcticanz.got.nz>)
- LGP 프로그램은 남극 빅토리아랜드에 기지를 보유하고 있는 미국, 뉴질랜드, 이탈리아가 주축이 되어 2002년부터 진행하고 있으며, 대상 지역은 남극 빅토리아랜드에서 위도 구배에 따른 생태계 구성 생물 다양성 및 생태계 반응 연구를 진행하고 있음. 현재까지 연구 성과는 빙하, 기후, 생지화학, 수문학, 식생, 동물 등 여러 학문분야에서 약 100여 편의 논문이 발간되었음 (www.lgp.aq)
- LGP 프로그램의 일환으로 McMurdo Dry Valleys Long-Term Ecological Research (LTER) project는 미국 NSF의 Polar Programs과 미국 남극 프로그램 (US Antarctic Program, USAP)의 지원으로 1993년부터 진행되고 있으며 주제는 Cape Hallett과 Taylor Valley에서 기후변화에 대한 토양 생물다양성과 반응 비교 연구의 주제로 다학제 연구를 진행 중임 (www.mcmlter.org)
- NZTABS는 미생물학, 생물학, 생태학, 지형학, 기상학에 이르기까지 뉴질랜드의 와이카토대학과 전 세계 여러 전문가로 구성된 대형프로젝트로, Dry Valleys 환경에서의 다양한 생태학적 관계 외 생물복잡성을 조사하기 위한 연구임 (<http://nztabs.ictar.aq/index.php>)

나. 국내수준

- 극지 생물다양성 연구의 역사는 오래되었으나 대부분 극지 생물종 확보와 유지, 환경 자료 축적, 제한된 극지 생물종에 대한 생리적 연구에 집중하여 수행되어 왔음
- 지금까지는 몇몇 지표생물종의 종변화 및 개체생물학적 변화에 대한 자료축적에 한정되어왔으나, 올해부터 극지연구소 주요사업 “남극 킹조지섬의 생물 다양성과 생태계 변화 연구”를 시작하였음

다. 국내외 관련 연구현황

연구수행 기관	연구개발의 내용	연구개발성과의 활용현황
남극과학위원회 (SCAR)	Evolution and Biodiversity of Antarctica (EBA)	남극 생명의 진화와 다양성을 이해하고, 생명체의 환경 적응 기작을 규명하고 미래 환경 변화에 대한 예측 하고자 함

LGP	남극 빅토리아랜드 육상생태계 장기 모니터링	빅토리아랜드 기지 보유국을 주축으로 진행되고 있으며, 학회 및 심포지엄, 논문을 통하여 연구 성과를 발표하고 있음
뉴질랜드 와이카토 대학	Dry Valley 육상 생물다양성 변화 연구	연구과제의 3년차가 진행되고 있으며, 학회 발표 이외의 다른 자료는 공개되어 있지 않음
독일 AWI	Polar regions and Coasts in a changing Earth System (PACES)	기후변화에 따른 육상-연안-해양으로의 이행대에 대한 통합적인 생태계 변화 연구
영국 BAS	DISCOVERY 2010 (Integrating Southern Ocean Ecosystems into the Earth System)	남극생물시료 확보 및 생물 다양성, 그리고 “Biodiversity, Function, Limits and Adaptation from Molecules to Ecosystems” (BIOFLAME) program을 통하여 남극 환경에의 진화 적응기작 규명
극지연구소	남극 킹조지섬의 생물 다양성과 생태계 변화 연구	2011년을 시작으로 3년 동안의 연구과제로 킹조지섬에서의 생물다양성과 진화 연구 및 육상과 해양 생태계의 구조와 기능을 규명하고자 함

라. 지금까지의 연구개발 실적

- 극지연구소 주요사업 “남극 킹조지섬의 생물 다양성과 생태계 변화 연구”를 통하여 생물다양성 연구뿐만 아니라 육상 및 연안 생태계의 구조 및 기능을 이해하고자 다학제적인 연구를 수행하기 시작하였음

마. 현기술상태의 취약성

- 전 세계적으로 육상 미생물 다양성 조사는 대부분 특정 주제 또는 특정 지역에 한정된 연구가 수행되었으며 체계적인 연구는 Dry Valley 지역을 대상으로 최근에 시작된 뉴질랜드의 TABS (Terrestrial Antarctic Biocomplexity Survey) 연구프로그램이 유일함
- 남극빅토리아랜드 장기 모니터링 지점의 생태계 현장조사는 이탈리아팀에서 협조를 받을 수 있음
- 현재 극지연구소에서 진행하고 있는 남극 킹조지섬의 육상생태계 연구에서 지형, 기후, 지질, 미생물, 식물 및 동물을 포괄하는 조사가 진행 중에 있음 (동일 연구 분야 선진국의 60%로 추정)
- 원핵생물의 다양성 연구에 있어서는 활용 데이터베이스 및 관련 생물정보학 및 생물통계학의 발전으로 다양한 환경에서의 연구가 수행되고 있음 (동일 연구 분야 선진국의 80%로 추정)
- 이와는 달리 진핵미생물 다양성 연구는 활용 가능한 데이터베이스의 부적합성 등 전세계적으로 취약한 상태이므로 차별화된 연구 분야로의 발전 가능성 높음

제 3 장 연구개발수행 내용 및 결과

제 1절 테라노바만 주변 토양의 지질학적 특성 및 토양 생물 다양성 기초연구

요약: 테라노바만의 지질학적 특성을 연구한 결과 기반암은 대부분 화강암과 화강암질 편마암으로 구성되어 있으며, 물리적 풍화가 화학적 풍화보다 우세하였다. 염풍화에 의한 과립상 분해와 타포니 구조가 특징적으로 관찰되었고, 평탄면에서는 원형이나 다각형의 구조토가 발견되었다. 토양은 gravel이나 sand와 같은 조립질 입자가 우세한 gravelly muddy sand와 muddy sandy gravel에 해당되며, 토양의 TN, TC, TOC, TIC 평균함량은 각각 0.08%, 0.71%, 0.12%, 0.02%로 매우 낮은 함량을 보인다. 토양의 주원소 조성은 거의 균일한 값을 보인다. C, N 동위원소 분석결과, $\delta^{13}\text{C}$ 는 -23 ~ -28‰ 범위로써 일반적인 C3 식물이 자라는 토양에서의 결과와 유사하였다. $\delta^{15}\text{N}$ 의 경우, 모든 토양에서 대기 중 질소의 $\delta^{15}\text{N}$ 값인 0보다 크게 높게 나타났고, 깊이에 따라 하층 토양이 전반적으로 ^{15}N 이 더 축적되어있었다. 세균 군집분석 결과, 총 37개의 phyla가 관찰되었고 그 중 *Actinobacteria*, *Chloroflexi*, *Proteobacteria*, *Acidobacteria*, *Cyanobacteria*, *Bacteroidetes*, *Verrucomicrobia*, *Gemmatimonadetes*, *Planctomycetes*, *Armatimonadetes*, *Chlorobi*가 전체적으로 우점하여 관찰되었다. 토양 균류 다양성 연구 결과, 동정되지 않는 염기서열이 대부분을 차지하였으며, 그 다음으로는 *Lecanoromycetes*, *Chytridiomycetes*, *Dothideomycetes*, *Saccharomycetes*, *Blastocladiomycetes*, *Leotiomycetes*가 우점하였다. 시료채취 지역이 미소한 지역임에도 불구하고 각 시료마다 다양성 및 군집구조, 우점종은 매우 다르게 나타나는 것을 확인하였다. 또한 미생물군집과 토양의 물리 화학적 특성간의 상관관계를 통하여 세균의 서식지 특성이 있음을 확인하였다.

1. 서론

연구지역인 테라노바만 (Terra Nova Bay) 지역은 주빙하 (periglacial) 환경에 해당된다. 주빙하지역은 원래 빙하지역의 주변부를 지칭하는 용어였지만 최근에는 물의 동결 (freezing) 및 해동 (thawing)와 관련된 지형학적 작용이 일어나는 모든 지역을 포함하는 용어로 사용되고 있으며, 주로 고위도 (극 또는 아극) 지역이나 고산지대에 해당된다. 고위도 지역에는 시베리아, 캐나다, 알래스카, 북유럽, 그린란드, 아이슬란드 등 북극권 지역과 남극이 포함되며, 고산지대에는 티벳이나 안데스 지역이 포함된다. 주빙하지역은 연평균 기온이 3°C 이하이고, 낮 기온이 영상으로 유지되는 여름이 짧기 때문에 지하에는 영구동토층 (permafrost)이 분포하고, 상부에는 활동층 (active layer)이 형성되는 독특한 특징을 가지고 있다 (French, 2007). 계절 또는 날마다 동결과 해동을 반복하는 활동층은 동결 시에는 토양 내의 수분이 얼음으로 변하면서 팽창에 의해 지표면이 상승하는 동결융기 (frost heaving) 현상이 일어나고, 해동 시에는 자체 하중에 의해 다시 가라앉는 해동침하 (thaw settlement) 현상이 반복되는 특징을 보인다 (Campbell and Claridge, 1987; Matthews et al., 1998). 영구동토층은 일반적으로 지온이 항상 0°C 이하로 유지되며, 연중 동결상태가 유지되어 활동층의 수분 이동을 막는 불투수층 역할을 한다 (French, 2007). 이처럼 일반적이지 않은 지질학적 특성들은 주빙하 지역에 분포하는 생물체들의 생활방식이나 다양성에 중요한 영향을 미칠 수 있으므로 이번 연구에서는 장보고기지 주변 지역의 지형과 지질 특성에 대해 조사하고 연구지역 토양에 분포하는 생물 다양성에 대해 조사하였다.

2. 재료 및 방법

가. 연구대상지역과 시료확보

토양시료 채취는 장보고기지 주변 지역의 지형 및 지질 특성 분석을 위하여 2012년 1월 3일부터 1월 8일까지 6일간 야외조사를 실시하였다. 실험 분석을 위한 채취는 2012년 1월과 2012년 12월 두 번 실시하였다 (Fig. 1). 토양시료는 각 위치별로 상부 (0-3 cm)와 하부 (3-10 cm)로 구분하여 채취하였다. 채취한 토양시료는 미생물 다양성 분석을 위하여 채취 후 8시간 이내에 세균배양과 gDNA추출을 위한 시료는 각각 10% glycerol과 100% Ethanol을 첨가한 후 -80°C로 보관하여 실험실로 운송하였다. 토양의 지질학적 특성분석 용 시료는 -20°C로 냉동 보관하여 운송 후 실험실에서 자연건조시

켜 분석하였다.

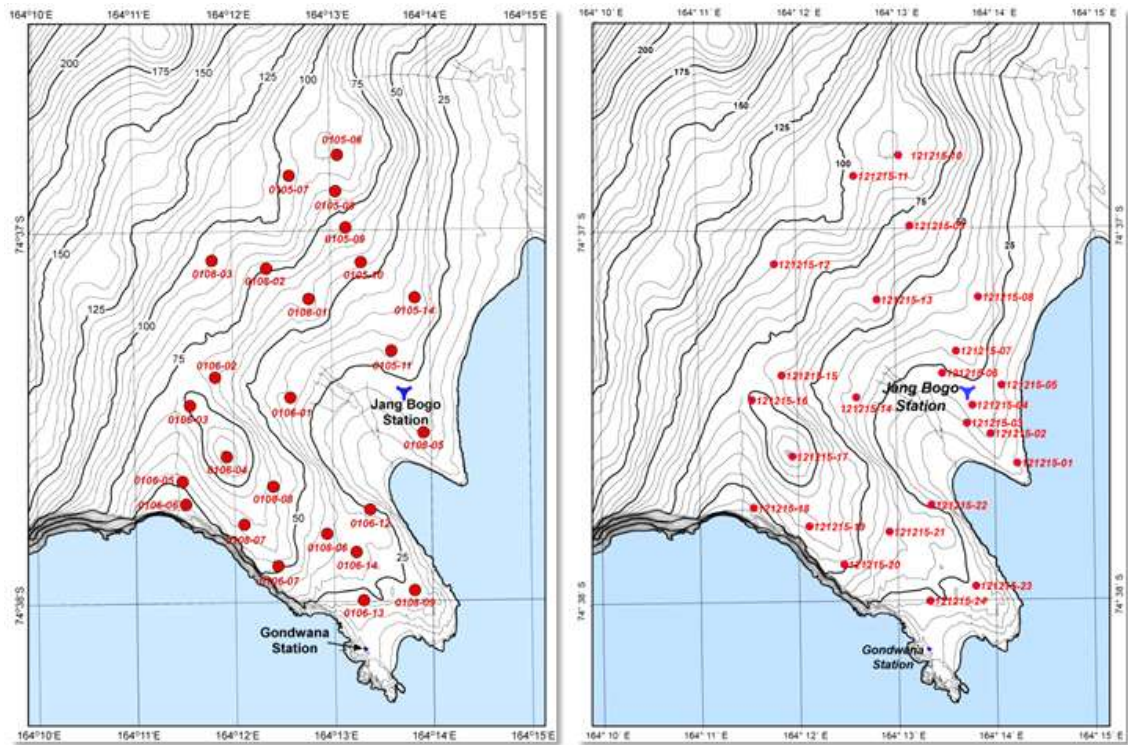


Figure 1. Sampling sites in Terra Nova Bay (Left; 2012, Right; 2013)

극지연구소

나. 지질학적 특성 분석

입도분석을 위해 토양시료별로 약 5 g의 시료를 덜어내어 30% H_2O_2 와 0.1 N HCl을 이용하여 유기물을 제거하고, 습식체질 (wet sieving) 방법으로 사질과 니질 퇴적물을 분리하였다. 사질시료는 5분간 체질한 후 입도별 무게 백분율을 구했다. 직경이 62 μm 보다 작은 세립질 입자들은 0.1% 확산제 (calgon) 용액 내에서 균질하게 분산시킨 후 입도분석기 (Sedigraph 5000)를 이용하여 분석하였다. 입도에 의한 분류는 Folk and Ward (1957)의 방법을 이용하였다.

토양지화학 분석을 위해 약 5 g의 시료를 덜어낸 후 약 60°C 드라이오븐에서 24시간 건조시킨 후 막자사발을 이용하여 분말로 만들었다. 약 10 mg의 분말시료를 취하여 원소분석기 (Carlo Erba NA-1500)로 총탄소량 (TC, total carbon)과 총질소량 (TN, total nitrogen)을 측정하였다. 약 0.5 g의 분말시료에 10% 염산을 첨가하여 무기탄소

(inorganic carbon)를 제거한 후 약 10 mg의 분말시료를 이용하여 총유기탄소량 (TOC, total organic carbon)을 측정하였다. 토양시료의 주원소조성은 한국기초과학지원연구원 서울센터에 의뢰하여 X-선형광분석기 (XRF)를 이용하여 분석하였다.

다. 탄소와 질소 동위원소 분석

탄소와 질소 동위원소 분석은 2012년 1월에 채취한 토양 시료 50점 중에서 20점 (Table 4)을 45°C에서 건조한 후, 2 mm 체를 통과한 시료를 이용하였다. 2 mm 보다 작은 토양 입자를 ball mill로 부수어 분말형태로 만든 후, TIC의 농도가 0.1%보다 높은 4개의 시료는 산세척을 하였다. 산세척은 1 g의 토양에 1 N HCl 10 mL을 섞은 후, 산에 의한 반응이 없을 때까지 놓아둔 후 (약 24시간), 증류수로 3-4회 세척하여 염산을 제거하였다. 세척한 증류수의 pH가 4 정도가 될 때까지 세척 후, 45°C에서 건조 후, 다시 부수어 분말형태로 만들어 주었다. 나머지 16개의 시료는 TIC의 농도가 0.01% 이하이었으므로 산세척 과정 없이 진행하였다. 토양 내 탄소와 질소의 동위원소 비율은 안정성 동위원소비 질량분석기 (IsoPrime-EA, UK)를 이용하여 서울대학교 농생명과학공동기기원에서 분석하였다.

라. Genomic DNA 추출 및 미생물 유전자 염기서열 분석

2012년 1월에 채취한 토양 시료의 0.3g을 MP bio Fast DNA® SPIN KIT (MP Biomedicals., United States)를 이용하여 토양 내 존재하는 gDNA를 추출하였다. 총 98개 시료에서 추출한 gDNAsms 1% agarose gel에서 전기영동을 통하여 확인하였다.

토양시료 내 세균군집분석을 위하여 추출한 gDNA를 사용하여 PCR을 수행하였다. 16S rRNA gene의 검출조건을 확인하기 위하여 test-PCR을 먼저 수행하였다. Test-PCR의 시약 조건은 DNA template에 AmpONE™ Taq DNA polymerase (1.5 units), 10X buffer (MgCl₂ 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 μ l가 되게 하였다. PCR 반응 조건은 Figure 2과 같으며, 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.

Test-PCR 결과를 1% agarose gel에서 전기영동을 수행 한 결과 98개의 시료에서 약 500bp의 위치에 뚜렷한 band가 있는 것이 확인 되었다. 위의 수행 하였던 PCR 시약 조건과 반응 조건이 적절한 것으로 확인 되어 다음 단계를 수행하였다.

세균군집 분석을 위한 pyrosequencing을 수행하였다. 총 98개 시료에 대하여 서로 다른 barcode가 붙은 bacteria primer set (27F-519R)를 이용하여 PCR을 수행하였다. 각 시료마다 3 반복으로 PCR 반응을 수행하였다. PCR 시약 조건은 DNA template에 AmpONE™ Taq DNA polymerase (1.5 또는 3 units), 10X 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 50 μ l가 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 (Fig. 2). 반응 후, 반응물에 포함 된 잔여물들을 제거 하고, 반응물의 순수도를 높이기 위해 PCR 양성반응의 산물을 같은 시료끼리 pooling 후, 정제 (purification)하였다. Pyrosequencing 수행에 사용 할 정제한 시료들을 pooling 후, Roche 454-Titanium Plus를 사용하여 분석하였다.

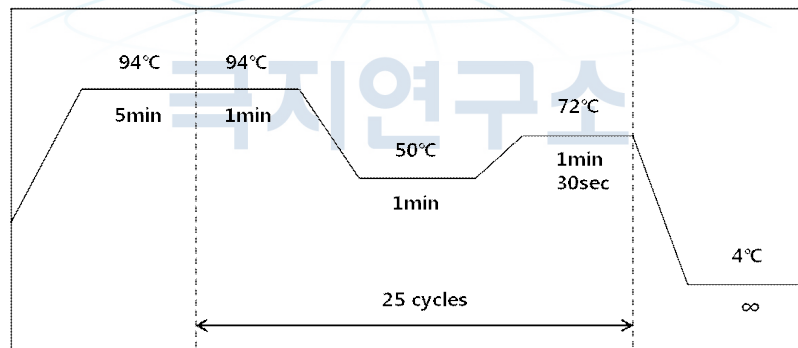


Figure 2. PCR condition for 16S rRNA gene amplification

균류 다양성 분석을 위해서 LSU26f/LSU657r 프라이머를 이용하여 LSU rRNA 유전자를 증폭하였으며, pyrosequencing 방법을 활용하여 염기서열 분석을 수행하였다.

마. 미생물 다양성 분석

Pyrosequencing 방법에 의해서 얻어진 염기서열은 PyroTrimmer (Oh et al., 2012)

를 활용하여 품질이 낮은 염기서열에 대한 filtering과 clipping을 수행하였다. 염기서열의 3' 끝쪽으로부터 5 bp 윈도우에서 염기 품질지수가 평균 20이하인 경우 삭제하였으며, 염기서열의 길이가 300 bp이하인 염기서열은 제거하였다. 선별된 염기서열에 대하여 AmpER (Hwang et al., unpublished data) 소프트웨어를 사용하여 unique sequence를 분석하였다. Unique sequence의 빈도 데이터를 기반으로 UCHIME 프로그램 (Edgar, 2011)의 *de novo* chimera detection 기능을 활용하여 chimera 염기서열을 제거하였다. CLUSTOM을 이용하여 세균 다양성 분석을 위하여 97%를, 균류 다양성을 분석하기 위하여 99% similarity cutoff로 염기서열의 클러스터링을 수행하였다. 생물다양성 지표로는 OTU, Chao1, Shannon, Simpson 지수를 계산하였다. 세균은 EzTaxon-e (Kim et al., 2012)를 균류는 RDP의 LSU reference sequence와 RDP classifier 프로그램을 활용하여 염기서열의 동정을 수행하여 계층적 분류정보를 확보하였다.



3. 결과 및 토의

가. 연구지역의 지형 및 지질 특성 야외조사 결과

주빙하지역에서는 기반암의 기계적 분해 (mechanical disintegration)가 잘 일어나는 것으로 알려져 있는데 (Fig. 3), 이는 주로 수분과 얼음 분리 (ice segregation)가 결합된 강한 동결작용에 의해 발생한다. 이렇게 형성된 원마도가 낮은 각력들이 넓은 표면을 덮는 것을 블록필드 (blockfield or felsenmeer)라고 한다 (French, 2007). 블록필드는 사암이나 규암, 화강암처럼 단단한 규산질 (siliceous) 암석들이 경우에 잘 형성되는 것으로 알려져 있는데, 이는 규산염 광물들의 열팽창 정도가 서로 다르기 때문이다 (French, 2007). 연구지역에서는 완만한 사면에서 블록필드가 많이 관찰되는데, 암석의 종류는 주로 화강암과 편마암이다 (Fig. 4). 하지만 일부 사면에서는 블록필드에서 계단형 구조토 (stepped patterned ground)로 전이되는 특징이 관찰된다.

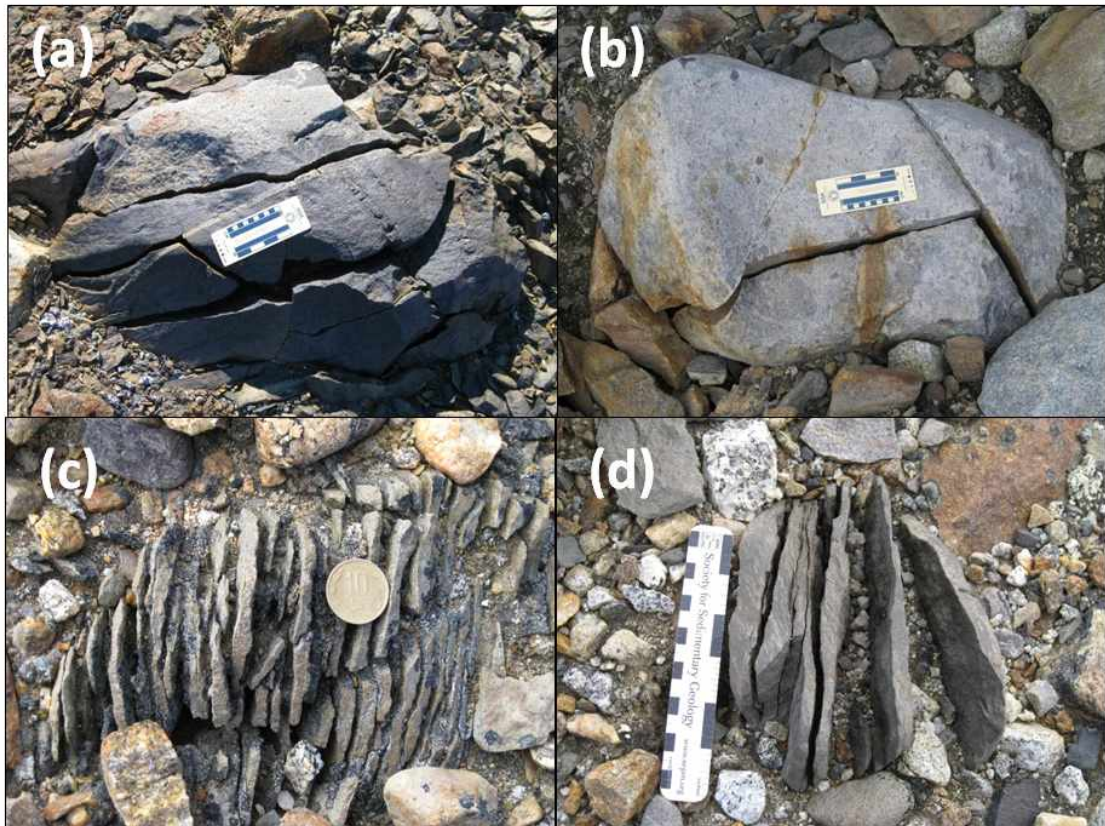


Figure 3. Photographs showing bedrock disintegration under cold-climate conditions. (a and b) Fractured granite boulders, probably caused by thermal stress. (c and d) In-situ rock shattering caused by subaerial frost action.



Figure 4. Blockfield (felsenmeer) developed on granitic gneiss, showing relict bedrock features of supposed frost-action significance.

구조토는 주빙하지역에서 특징적으로 관찰되는 독특한 지표구조로, 활동층의 반복적인 동결과 해동에 의해 토양 내의 역들이 지표 가장자리로 밀려 올라와 배열되어 형성된다 (Washburn, 1956; French, 1996). 구조토는 큰 자갈로 이루어진 테두리 (rock border)와 세립질 입자로 이루어진 중심부 (fine center)로 구성되며, 테두리의 형태에 따라 원형 (circle), 다각형 (polygon), 그물형 (net), 계단형 (step) 및 선형 (stripe) 구조토로 세분된다 (Washburn, 1956, 1980; French, 1996).

연구지역의 경우 경사도 10도 이하의 평탄한 지역에서는 다각형 또는 원형 구조토가 흔히 관찰되며, 경사도 10도 이상의 사면에서는 계단형이나 선형 구조토가 관찰된다 (Fig. 5). 다각형 및 원형구조토의 경우 중앙부는 상대적으로 세립질인 머드~잔자갈로 이루어져 있고 테두리는 화강암과 편마암 등의 각력으로 이루어져 있으며, 지름은 수십 cm에서 2 m 이상까지 다양한 크기가 관찰된다 (Fig. 5). 연구지역의 구조토는 세종기지나 다산기지 근처에서 관찰되는 구조토에 비해 세립질 중앙부의 분급이 상대적으로 불량한 특징을 보인다. 원형구조토의 각력 테두리나 용빙수가 고여 있는 트러프 (trough)에는 지의류나 이끼류 같은 식생이 거의 관찰되지 않는다. 세립질 중앙부에서

지의류 등의 식생이 전혀 발견되지 않는다. 이와 같은 특징은 연구지역 구조토들의 형성 과정이 계속 진행 중이라는 것을 지시한다. 일반적으로 구조토는 육상 빙하의 후퇴에 의해 지표가 노출된 이후에 시작되는데, 구조토가 만들어지는데 걸리는 시간은 지역과 기온, 지질 등 여러 가지 환경에 따라 다르지만 대부분 수십-수백년 정도인 것으로 보고되었다 (Grab, 1997; Kessler and Werner, 2003; Ballantyne, 2007). 하지만 구조토의 형태가 갖춰진 이후에도 동결-해동 사이클 (freezing-thawing cycle)이 지속되면 구조토의 내부 물질은 계속 순환 및 재배열되고 구조토의 형태 역시 계속 변화하게 된다. 따라서 연구지역에서 관찰되는 구조토의 경우 분포지역과 구조토의 종류, 크기, 형성시기 규명을 위한 연대측정 등 종합적인 추가 연구 및 지속적인 모니터링이 필요할 것으로 판단된다.

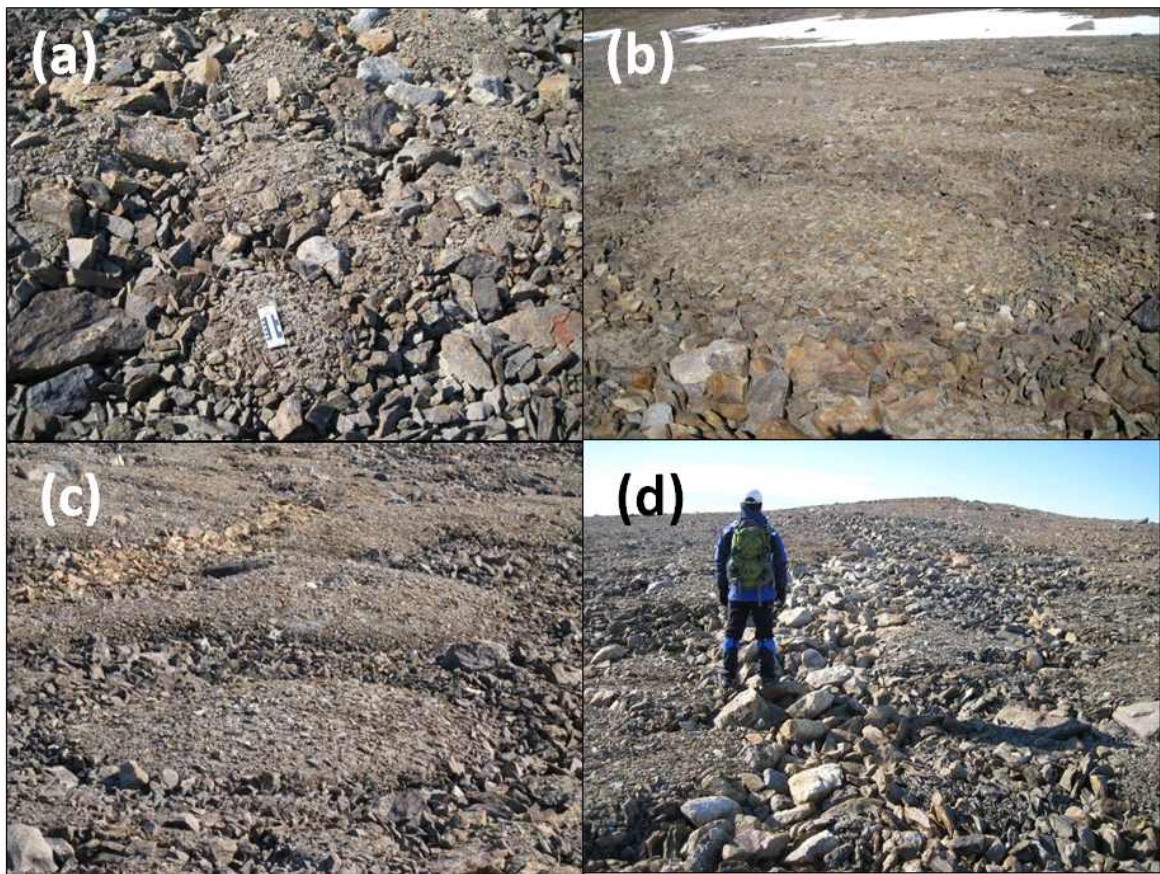


Figure 5. (a) Stepped patterned ground. Note the small diameter of polygons, (b and c) Large circular patterned ground, (d) Striped patterned ground characterized by alternations of straight bands of coarse- and fine-grained materials.

연구지역에서 다각형 및 원형 구조토가 발견되는 평탄한 지역은 대부분 과거에 해안이었던 융기해안 (raised beach)으로 추정된다. 연구지역 전체를 살펴볼 때 장보고기

지 와 콘드와나 기지 인근 해안가에 가장 젊은 해안단구가 분포하고 봉우리 아래 부분인 담수호 아래 사면까지 원마도가 좋은 자갈들이 다량 관찰되기 때문에 (Fig. 6), 연구 지역 노출지 (ice-free area) 대부분이 과거에는 해수면 아래에 속했던 것으로 보인다. 이와 같은 융기해안은 육상빙하의 후퇴에 의한 지각평형 융기 (isostatic rebound)와 해수면 상승의 종합적인 영향으로 판단되며, 이에 대한 정확한 시기와 규모에 대해서는 추가 연구가 필요하다.

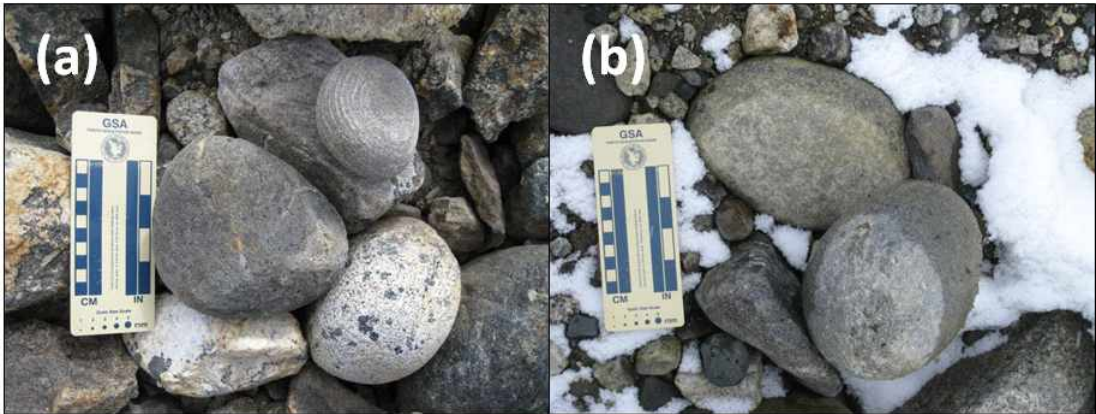


Figure 6. Well-rounded paleo-beach gravel founded on the raised beach.

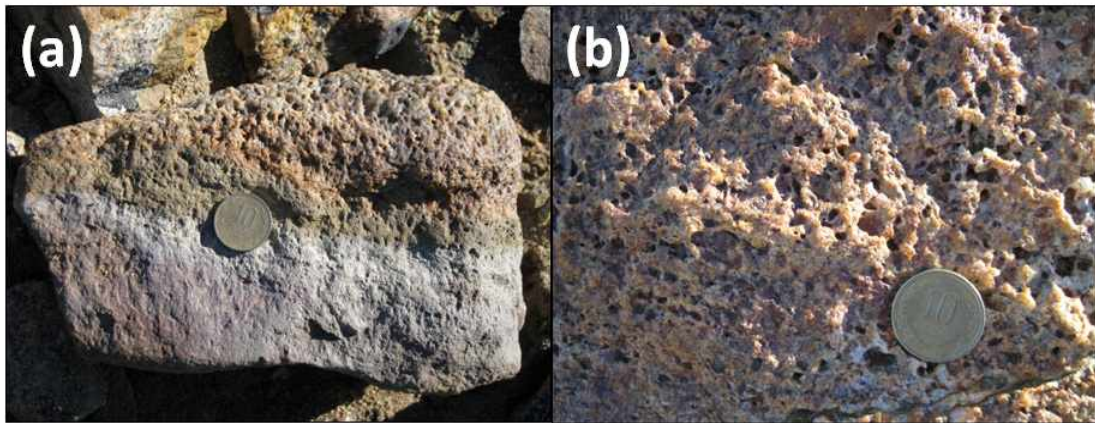


Figure 7. Granite boulder affected by salt weathering. Note that the buried lower part has smooth surface, but the exposed upper part shows granular disintegration.

연구지역에서 나타나는 가장 특징적인 구조중 하나는 염풍화 (salt weathering)에 의한 과립상 분해 (granular disintegration) 및 타포니 (tafoni) 구조이다 (Figs. 7 and 8). 일반적으로 순수한 물이 얼음으로 바뀔 때 약 9%의 부피가 증가하는데, 결빙풍화 (frost weathering)는 이처럼 얼음 결정이 성장할 때 생성되는 압력 (crystallization pressure) 증가에 의해 일어난다. 하지만 자연 상태의 물은 순수하지 않기 때문에 용질효과 (solute effect)를 고려해야 하는데, 여기에는 단순한 염 (salt)의 결정화에 의한 압력 외

에도 어느점의 하강, 물리-화학적 풍화 등이 포함된다. 실험에 의해 결빙풍화에 강한 암석도 염분을 함유한 용액에서는 쉽게 풍화된다는 것이 알려져 있다. 염분이 결빙풍화를 가속화 시키는 원인에 대해서는 다양한 설명이 보고되어 있다 (French, 2007). 첫 번째는 암석의 표면경화 (case hardening) 현상으로 암석 표면에서 증발에 의해 염분이 축적되어 얇은 막을 형성하게 된다. 이와 같은 과정에 의해 암석의 공극 (pore)이 막히게 되면 결빙시 물이 공극을 통해 빠져나오지 못해 압력이 증가하게 된다. 두 번째는 암석이 물의 결정화와 염분의 결정화 모두의 영향을 받게 되는 현상이다. 세 번째는 수화과쇄 (hydration shattering) 현상으로 점토광물 입자에 흡착된 물의 팽창 및 수축에 의해 결빙풍화가 가속화되는 것이다 (White, 1976). 염분이 존재하게 되면 흡착수의 결빙이 지연되어 결빙 과정이 계속되는 동안 염분은 지속적으로 팽창하게 되어 결과적으로 암석의 분해가 촉진된다. 마지막으로 높은 염도에 의해 결빙속도가 느려져 얼음결정이 정상크기보다 커지기 때문에 풍화가 가속화되는 현상이다.

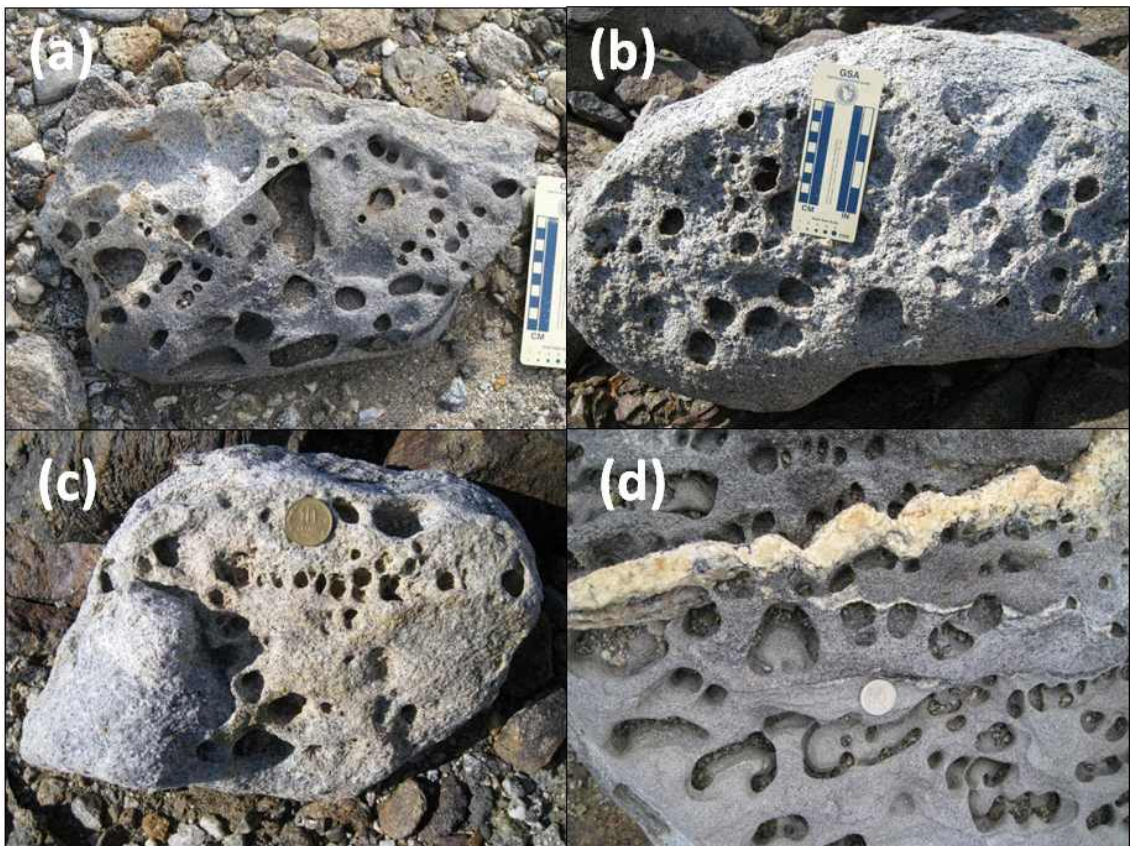


Figure 8. Tafoni in granite and gneiss boulders near the coast.

연구지역에서는 조립질 암석, 특히 화강암 종류에서 염풍화에 의한 과립상 분해 현

상이 흔히 관찰된다 (Fig. 7). 염풍화에 의해 노출된 화강암 표면의 입자들이 떨어져 나가 울퉁불퉁한 표면을 보이게 된다. 또한 해안가 지역에서는 암석의 종류에 관계없이 타포니 구조가 많이 관찰된다 (Fig. 8). 타포니는 주로 조립질 암석에서 관찰되는 작은 동굴 모양의 구조로 둥근 입구와 부드럽고 오목한 벽을 가지고 있고, 작은 규모로 나타날 경우 알베올 (alveoles) 또는 벌집구조 (honeycombs)라고 한다 (French, 2007). 타포니는 종종 사면이나 절벽, 암석 등에 벌집 형태로 나타난다. 타포니는 모든 기후대에서 형성될 수 있지만, 주로 조간대 지역과 반건조 및 건조한 사막 지역에서 많이 나타난다. 타포니의 형성 메커니즘에 대해서는 염풍화, 차별결합 (differential cementation), 투과성의 구조적 다양성 (structural variation in permeability), 건조기의 길이 (the length of drying period between wettings) 등에 의한 것으로 알려져 있지만, 정확한 성인은 아직 밝혀지지 않았다.

연구지역에서 발견되는 타포니의 경우 분포위치와 암석의 종류로부터 타포니의 성인에 대한 몇 가지 가능성을 추론할 수 있다. 첫 번째로 타포니가 주로 관찰되는 지역이 해안에서 가까운 지역이라는 점이다. 이는 타포니의 형성과정에 염 (salt)의 공급이 중요한 영향을 미친다는 점을 지시한다. 두 번째는 타포니가 관찰되는 암석이 주로 조립질 암석인 화강암과 편마암이라는 점이다. 테라노바만 지역에서 수행된 기존 연구에 따르면 타포니 풍화를 받은 화강암의 석영입자에서는 방향성을 가지는 미세균열 (micro-fracture)이 관찰되는 반면, 석영에 비해 부드러운 장석입자에서는 균열이 발견되지 않았다 (French and Guglielmin, 2000). 이처럼 석영이 장석에 비해 풍화에 강하다는 일반적인 상식에 반하는 현상은 추운 기후에서 일반적으로 알려져 있는 것으로 석영입자 내의 기체-액체 포유물 (gas-liquid inclusions)들이 낮은 온도에서 얼면서 미세균열이 생기기 때문이다. 따라서 유체포유물들을 포함하는 조립질 석영입자의 함량이 높은 화강암과 편마암에서 타포니가 많이 관찰되는 것으로 해석할 수 있다. 세 번째는 화강암질 암석의 표면에서 다각형 또는 그물모양으로 나타나는 균열 (crack)과의 연관성이다. 일반적으로 암석에 침투할 수 있는 물의 양은 암석의 공극율 (porosity)과 투수율 (permeability) 또는 단층과 절리, 층리면 등에 의해 결정된다. 이론적으로 공극율과 투수율이 높은 세립질의 암석이 조립질의 암석에 비해 더 많은 양의 물을 포함할 수 있다. 예를 들어 사암보다는 세일이 더 많은 양의 물을 포함할 수 있기 때문에 동결작용에 의해 잘 쪼개진다.

해안가에서 흔히 발견되는 화강암질 암석들은 표면이 붉은색으로 피복되어 있고 표면에 다각형 혹은 그물모양의 균열들이 형성되어 있다. 이 균열들은 암석 깊은 곳까지 연결된 것이 아니고 표면에 국한된 것으로 보인다. 이와 같은 다각형 모양의 균열은

암석의 표면이 방향성이 없고 균질하기 때문에 등방성의 수축과 팽창에 의해 형성된 동결기원의 조직 (cryogenic texture)임을 의미한다. 붉은색 피막 역시 염풍화와 연관된 것으로 해석된다.

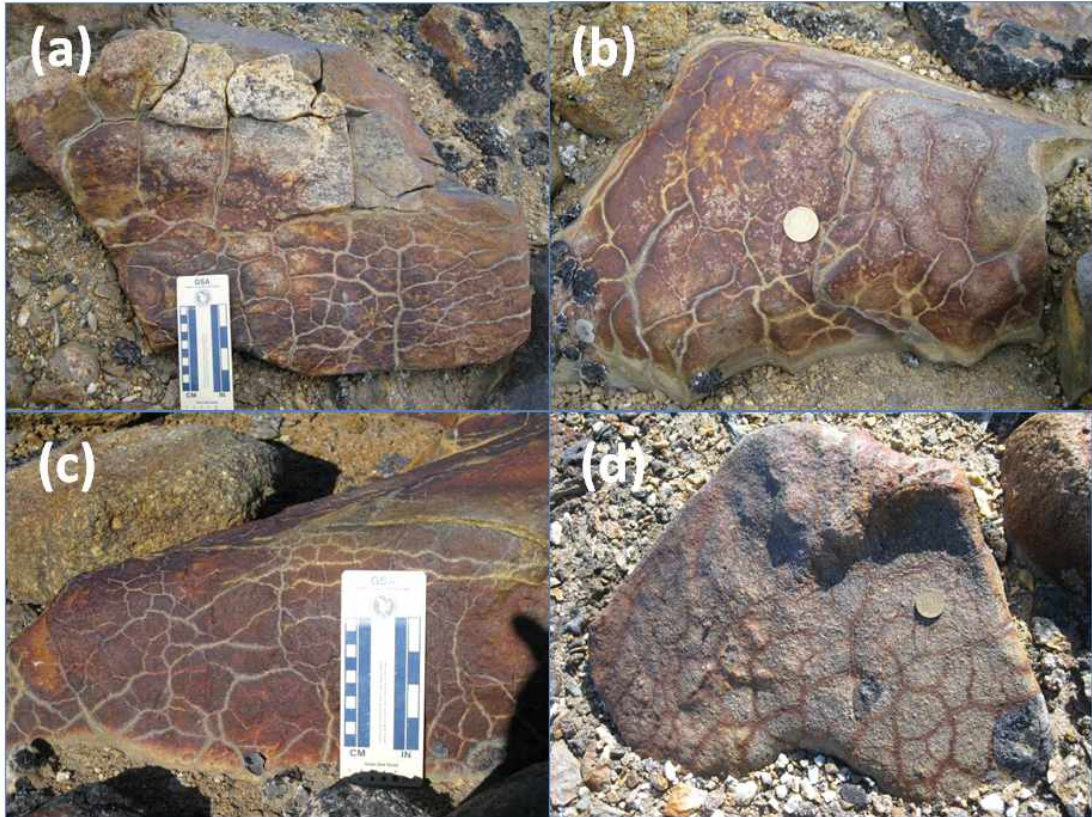


Figure 9. Photographs showing fracture propagation on granite surfaces. Water can penetrate rocks and subsequently freezes to cause rock disintegration.

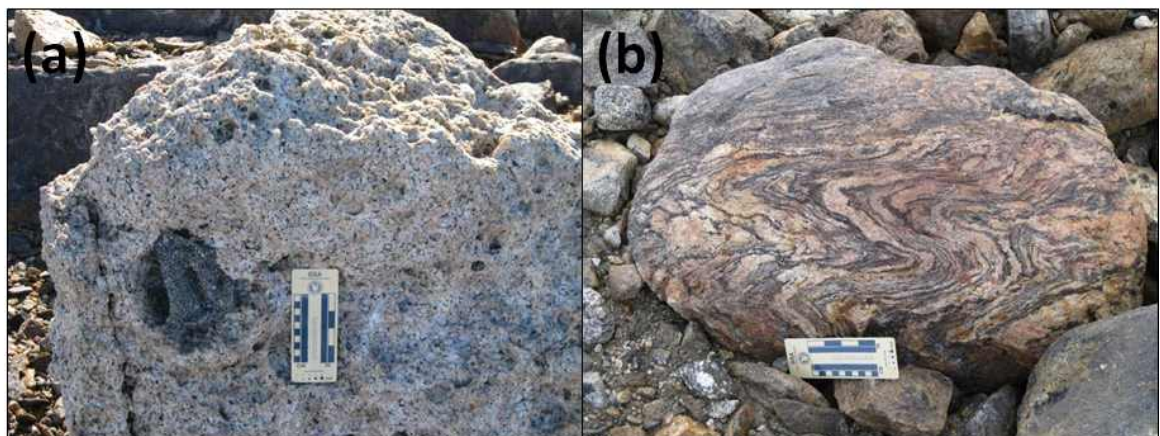


Figure 10. Photographs showing the representative rocks in the study area. (a) Granite boulder including xenolith. Note the granular disintegration caused by salt weathering. (b) Gneiss boulder

연구지역의 기반암은 일반적으로 화강암과 화강암질 편마암으로 구성되어 있지만 (Fig. 10), 전석에는 현무암, 섬록암, 화강섬록암, 안산암 등 다양한 암석 종류들이 관찰된다. 기반암에 포함되지 않는 암석 들은 빙하에 의해 운반되어 퇴적된 것으로 추정되지만, 현무암의 경우 인접한 멜버른 화산 기원인 것으로 판단된다.

일반적으로 극지역의 경우 낮은 기온 때문에 다른 지역에 비해 토양의 형성이 어렵고 토양층의 두께가 얇은 것으로 알려져 있다. 즉, 낮은 기온에 의해 반응속도가 느리기 때문에 화학적 풍화 작용이 매우 제한적이며, 반복되는 동결-해동 (freezing-thawing) 작용에 의한 물리적 풍화가 토양형성에 주된 영향을 미치게 된다. 남극세종과 학기지가 위치한 킹조지섬 바톤반도 지역의 토양연구에 따르면 해안가에 위치해 충분한 수분이 공급되는 지역에서도 기반암과 토양의 지화학 조성을 비교해 볼 때 화학적 풍화는 크게 중요하지 않으며, 오히려 풍성기원 (eolian) 퇴적물의 영향이 더 큰 것으로 보고되었다 (Lee et al., 2003). 즉, 습하고 추운 극지역의 토양은 기본적으로 기반암의 지화학조성을 반영하며 풍성기원 퇴적물에 의해 다소 영향을 받는다고 할 수 있다. 또한 극지역의 경우 낮은 기온과 강한 바람 때문에 고등식물이 분포하기 어려워 대부분의 식생은 지의류, 이끼류, 조류 등으로 제한적이다 (Seppelt and Broady, 1988). 따라서, 토양의 형성에 가장 큰 영향을 미치는 작용은 화학적, 생물학적 풍화가 아닌 물리적 풍화작용이고, 그 중에서도 기온변화에 의한 풍화작용 (cryogenic weathering)이 가장 중요한 것으로 알려져 있다. 최근 Hall (1997)의 연구에 의하면 냉동-해동 풍화 작용은 온도보다는 주로 수분 (moisture)에 의해 제어되는 것으로 알려져 있다. 장보고기지 건설지의 경우 극지역이지만 해안가에 위치하고 있으며, 여름철에는 백야현상에 의해 하루 종일 태양빛을 받기 때문에 상당량의 융설수가 공급되므로 동결 (frost action)에 의한 풍화 작용이 활발해서 토양의 형성에 크게 기여하는 것으로 생각된다.



Figure 11. Examples of soil sampling site. (a) Polygonal patterned ground (120106-02), (b) Close-up view of the fine center of polygonal patterned ground.

연구지역의 경우 일반적으로 10 cm 안팎의 얇은 토양층이 분포하지만 다각형 또는 원형구조토의 중앙부의 경우 좀 더 깊은 토양층이 관찰되기도 한다 (Fig. 11). 연구지역 토양층의 분포는 여름철 융설수의 분포 패턴 및 주된 바람 방향과 연관되어 있다. 여름철에는 평탄한 지역의 경우 융설수가 불투수층 역할을 하는 영구동토층 상부 활동층에 고여 있기 때문에 퇴적물의 수분함량이 증가하고 반복적인 동결-해동에 의한 자연적인 분급작용에 의해 세립질 물질이 지표면으로 융기 (frost heave)하면서 원형구조토의 중앙부에 상대적으로 깊은 토양층이 형성된다. 또한 융설수가 계류의 형태로 흐르는 지역의 경우 유량이 많지 않지만 세립질 퇴적물이 운반 및 퇴적되어 얇은 토양층을 형성하기도 한다.

연구지역 토양층의 분포는 바람에 의해서도 크게 영향을 받는 것으로 보인다. 장보고기지 건설지 부근의 풍속은 세립질 점토나 실트는 물론 모래 크기 입자들을 이동시키기에 충분할 정도로 강하며 주로 일정한 방향 (북서풍)으로 불기 때문에 바람에 의해 운반된 세립질 입자들이 블록필드의 각력 사이, 또는 큰 표이석 (erractic boulder)의 바람 반대 방향 (lee side) 쪽에 퇴적되어 상당한 두께의 토양층을 형성하기도 한다. 이와 같은 토양의 형성과정에는 동일한 장소에 축적되는 눈에 의한 수분 공급도 상당 부분 영향을 미치는 것으로 생각된다.

나. 토양분석 결과

입도분석 결과 gravel과 sand, silt, clay의 평균함량은 각각 25%, 55%, 9%, 12%에 해당되고 평균입도는 1.73 ϕ 인 것으로 나타났다 (Table 1). 전체적으로 볼 때 silt나 clay 등 세립질 입자의 함량은 낮은 편이고 gravel이나 sand처럼 조립질 입자의 함량이 매우 높다. gravel과 sand 함량은 각각 최대 56%와 80%에 달한다. Folk et al. (1970)의 분류에 따르면 주로 gravelly muddy sand에 해당되며, 일부 시료는 muddy sandy gravel로 분류된다. 이와 같은 특성은 연구지역의 기반암이 주로 조립질 크기의 결정질 암석인 화강암질 암석으로 구성되어 있기 때문에 암석으로부터 풍화에 의해 조립질의 입자들이 공급되기 때문이다. 또한 연구지역의 추운 기후 특성에 의해 화학적 풍화보다는 물리적 풍화가 강하기 때문에 토양화 작용이 느리고 초기의 조립질 입자들이 세립질 입자로 쉽게 바뀌기 어렵기 때문인 것으로 해석된다.

이와 같은 토양의 입도분포는 토양의 지화학조성에도 영향을 주는 것으로 나타났다. 연구지역 토양의 TN, TC, TOC, TIC 평균함량은 각각 0.08%, 0.71%, 0.12%, 0.02%로 매우 낮게 나타났다 (Table 2). 연구지역의 추운 기후임을 고려하더라도 이는 현저하

게 낮은 값이며, 실제로 남극 세종기지 주변 지역의 토양에 비해서도 약 절반 정도에 해당된다. 일반적으로 조립질 토양보다는 세립질 토양에서 유기물 함량이 높은 경향을 보이기 때문에 이와 같은 특성은 토양의 입도분포를 반영하는 것으로 해석된다.

연구지역 토양의 주원소 평균 함량은 SiO_2 (67.8 ± 2.8), Al_2O_3 (13.3 ± 1.0), FeO (5.1 ± 1.2), TiO_2 (0.7 ± 0.1), CaO (2.3 ± 0.6), K_2O (3.2 ± 0.3), MgO (1.9 ± 0.5), MnO (0.1 ± 0.1), Na_2O (2.6 ± 0.5) 등이며, 사이트별로 조성의 큰 차이를 보이지 않는다. 주원소 조성은 기반암에 해당하는 화강암질 암석과 큰 차이를 보이지 않기 때문에 기본적으로 기반암의 주원소 조성을 반영하는 것으로 보인다. 또한 사이트별로 전체적인 주원소 조성의 큰 변화가 없고 상대적으로 균일한 조성을 보이는 것은 연구지역의 기반암이 거의 일정한 조성을 갖는 동일 암상으로 구성되어 있음을 지시한다. 하지만 FeO 와 같이 다소 큰 변화를 보이는 원소들은 연구지역 내에 전석으로 분포하는 현무암이나 안산암과 같은 다른 암석으로부터 영향을 받은 것으로 해석된다.

다. 토양시료의 C, N 동위원소 분석결과

총 20개의 토양에서 C, N 동위원소 분석결과, $\delta^{13}\text{C}$ 는 $-23 \sim -28\%$ 범위로서 일반적인 C_3 식물이 자라는 토양에서의 결과와 유사하였다 (Table 4). $\delta^{15}\text{N}$ 의 경우, 모든 토양에서 대기 중 질소의 $\delta^{15}\text{N}$ 값인 0보다 크게 높게 나타났고, 깊이에 따라 하층 토양이 전반적으로 ^{15}N 이 더 축적되어있었다 (Table 4, Fig. 12). 이는 대기 중 질소가 미생물에 의해 고정되고, 미생물의 작용 (N cycling 과정 동안의 fractionation)을 거치며, ^{15}N 이 축적되었기 때문으로 사료된다. 이는 일반적인 산림 토양에서도 토양의 깊이가 깊어짐에 따라 $\delta^{15}\text{N}$ 의 값이 높아지는 경향과 일치한다. 예외적으로 3개의 지점에서 상층 토양의 $\delta^{15}\text{N}$ 값이 하층 토양의 값과 유사하게 높게 나타났다. 120108_05_AU의 경우 여러 지의류가 분포하는 지점으로 유기물 함량도 가장 높아, 다양한 미생물들의 활발한 질소 고정, 암모늄화, 질산화 과정 (fractionation 진행)을 거치며 ^{15}N -enriched microbially derived N이 축적되어 높은 ^{15}N 값을 나타낸 것으로 사료된다. 120108_09_AU는 스쿠아 콜로니 근처로서 조류의 배설물이 유기물의 소스로 이용될 수 있고, 높은 유기물 함량으로 인한 미생물들의 높은 활성 또한 ^{15}N 값이 높은 이유가 될 수 있다. 다만, 120106_06_AU 지점의 경우 주변에 식생이 없고, 땅이 딱딱하고 유기물 함량도 낮으나, $\delta^{15}\text{N}$ 값이 높게 나타난 이유에 대해서는 현재까지 조사한 정황자료만으로는 이유를 설명하기 어렵다.

Table 1. The results of grain size analyses and the classification of sediment types based on Folk et al. (1970).

Sample Code	Gravel (%)	Sand (%)	Silt (%)	Clay (%)	Mean (Φ)	Sorting (Φ)	Skewness (Φ)	Kurtosis (Φ)	Sediment Type
120105-06-AU	25.06	55.52	6.62	12.81	1.72	4.11	0.36	1.28	gmS
120105-06-AL	7.40	65.85	11.52	15.23	3.08	3.84	0.47	1.00	gmS
120105-07-AU	6.54	60.52	16.74	16.20	3.53	3.82	0.35	0.88	gmS
120105-07-AL	19.14	46.26	18.30	16.30	3.03	4.31	0.26	0.77	gmS
120105-08-AU	24.43	51.94	9.38	14.24	2.25	4.34	0.30	1.14	gmS
120105-08-AL	18.36	52.46	12.66	16.52	2.98	4.32	0.31	0.91	gmS
120105-09-AU	24.41	54.46	6.99	14.14	2.07	4.27	0.29	1.21	gmS
120105-09-AL	20.75	61.93	6.94	10.38	1.42	3.73	0.14	1.53	gmS
120105-10-AU	15.98	63.14	8.64	12.25	2.39	3.72	0.20	1.40	gmS
120105-10-AL	29.06	47.56	9.89	13.50	1.97	4.47	0.21	0.98	gmS
120105-11-AU	15.80	56.80	13.92	13.48	2.82	3.95	0.24	1.10	gmS
120105-11-AL	3.94	60.75	18.92	16.39	3.91	3.59	0.37	0.99	(g)mS
120105-14-AU	6.18	56.74	19.28	17.81	4.05	3.82	0.31	0.95	gmS
120105-14-AL	9.49	47.31	21.71	21.49	4.39	4.20	0.23	0.86	gmS
120106-01-AU	38.08	47.62	5.41	8.89	0.31	3.65	0.37	1.27	msG
120106-01-AL	22.41	57.14	8.02	12.43	1.90	3.91	0.42	1.27	gmS
120106-02-AU	27.56	52.43	6.04	13.97	1.83	4.18	0.50	1.27	gmS
120106-02-AL	27.15	50.92	6.93	15.00	2.05	4.35	0.47	1.19	gmS
120106-03-AU	18.02	49.59	12.15	20.24	3.06	4.55	0.46	0.73	gmS
120106-03-AL	26.44	46.93	10.62	16.00	2.32	4.55	0.38	0.85	gmS
120106-04-AU	41.34	49.23	4.33	5.10	-0.04	3.31	0.22	1.05	msG
120106-04-AL	55.91	30.49	7.69	5.92	-1.03	3.75	0.84	0.88	msG
120106-05-AU	51.01	41.70	2.95	4.35	-1.11	3.59	0.19	0.83	msG
120106-05-AL	42.00	44.01	4.51	9.48	0.36	3.54	0.39	1.19	msG
120106-06-AU	36.50	40.56	7.42	15.52	1.47	5.00	0.41	0.89	msG
120106-06-AL	29.12	39.09	11.62	20.18	2.74	4.95	0.46	0.69	gmS
120106-07-AU	23.91	67.27	3.12	5.70	0.76	3.09	0.30	1.50	gmS
120106-07-AL	42.75	49.67	4.15	3.43	-0.08	2.62	0.39	0.98	msG
120106-12-AU	5.79	74.42	7.21	12.58	2.92	3.17	0.30	1.94	gmS
120106-12-AL	31.34	56.05	4.78	7.83	0.79	3.67	0.01	1.10	msG
120106-13-AU	7.84	79.73	5.81	6.62	1.59	2.69	0.29	1.87	gmS
120106-13-AL	16.35	71.95	4.53	7.18	1.28	3.09	0.16	1.79	gmS
120106-14-AU	4.07	73.84	8.56	13.53	2.86	3.44	0.44	1.43	(g)mS

Sample Code	Gravel (%)	Sand (%)	Silt (%)	Clay (%)	Mean (ϕ)	Sorting (ϕ)	Skewness (ϕ)	Kurtosis (ϕ)	Sediment Type
120106-14-AL	33.97	45.90	9.02	11.10	1.04	4.44	0.25	0.95	msG
120108-01-AU	15.00	53.56	11.82	19.62	3.53	4.45	0.31	0.86	gmS
120108-01-AL	20.97	51.26	11.99	15.78	2.52	4.67	0.21	0.98	gmS
120108-02-AU	42.66	46.53	3.55	7.26	0.16	3.40	0.38	1.19	msG
120108-02-AL	28.87	56.91	4.87	9.36	0.75	3.44	0.28	1.32	gmS
120108-03-AU	23.82	60.84	5.50	9.84	1.24	3.32	0.19	1.31	gmS
120108-03-AL	20.34	56.18	15.79	7.69	2.06	3.79	0.11	1.21	gmS
120108-05-AU	30.40	52.45	6.10	11.05	1.26	3.74	0.14	1.13	msG
120108-05-AL	19.04	63.88	4.60	12.48	1.76	3.76	0.08	1.69	gmS
120108-06-AU	17.70	71.52	5.00	5.78	1.26	3.07	0.15	1.53	gmS
120108-06-AL	14.17	72.52	8.78	4.53	1.54	2.57	0.08	1.34	gmS
120108-07-AU	27.61	62.78	3.48	6.12	0.92	3.21	0.13	1.32	gmS
120108-07-AL	43.49	48.00	2.06	6.45	0.12	3.25	0.45	1.32	msG
120108-08-AU	30.34	58.73	3.02	7.91	0.54	3.40	0.23	1.24	msG
120108-08-AL	44.48	35.32	9.75	10.44	0.85	4.55	0.37	0.90	msG
120108-09-AU	27.84	56.01	5.08	11.07	1.04	3.68	0.10	1.13	gmS
120108-09-AL	21.16	55.76	10.68	12.40	2.29	4.02	0.22	1.25	gmS
Min	3.94	30.49	2.06	3.43	-1.11	2.57	0.01	0.69	
Max	55.91	79.73	21.71	21.49	4.39	5.00	0.84	1.94	
Average	24.72	55.04	8.57	11.67	1.73	3.81	0.29	1.17	
STD	12.48	10.38	4.74	4.63	1.25	0.58	0.14	0.29	

Table 2. The results of geochemical analyses of soil samples.

Sample Code	TN (%)	TC (%)	TIC (%)	TOC (%)	CaCO ₃ (%)	C/N ratio
120105-06-AU	0.102	1.035	0.009	0.074	1.026	10.10
120105-06-AL	0.038	0.499	0.002	0.015	0.497	12.92
120105-07-AU	0.016	0.230	0.003	0.022	0.228	14.34
120105-07-AL	0.012	0.214	0.001	0.006	0.213	17.81
120105-08-AU	0.013	0.181	0.002	0.018	0.179	13.68
120105-08-AL	0.012	0.192	0.002	0.019	0.190	15.45
120105-09-AU	0.014	0.210	0.001	0.008	0.209	14.93
120105-09-AL	0.315	1.859	0.002	0.017	1.857	5.89
120105-10-AU	0.012	0.207	0.002	0.014	0.205	16.48
120105-10-AL	0.014	0.216	0.002	0.015	0.214	15.52
120105-11-AU	0.010	0.259	0.114	0.949	0.145	14.75
120105-11-AL	0.005	0.234	0.113	0.942	0.121	22.50
120105-14-AU	0.011	0.372	0.210	1.749	0.162	15.14
120105-14-AL	0.007	0.286	0.162	1.352	0.124	18.53
120106-01-AU	0.012	0.232	0.003	0.024	0.229	19.30
120106-01-AL	0.011	0.261	0.004	0.029	0.257	24.44
120106-02-AU	0.013	0.297	0.001	0.012	0.296	22.59
120106-02-AL	0.023	0.387	0.002	0.015	0.385	16.74
120106-03-AU	0.007	0.190	0.001	0.011	0.189	27.64
120106-03-AL	0.004	0.245	0.001	0.005	0.245	57.27
120106-04-AU	0.096	0.830	0.000	0.003	0.829	8.62
120106-04-AL	0.053	0.598	0.001	0.012	0.597	11.25
120106-05-AU	0.010	0.230	0.001	0.011	0.228	24.00
120106-05-AL	0.007	0.185	0.001	0.007	0.184	25.69
120106-06-AU	0.004	0.141	0.000	0.004	0.141	34.96
120106-06-AL	0.004	0.148	0.008	0.064	0.140	32.48
120106-07-AU	0.092	0.761	0.003	0.022	0.758	8.21
120106-07-AL	0.044	0.383	0.009	0.071	0.374	8.51
120106-12-AU	0.083	0.758	0.003	0.021	0.755	9.07
120106-12-AL	0.069	0.718	0.002	0.016	0.716	10.35
120106-13-AU	0.254	1.501	0.001	0.012	1.500	5.91
120106-13-AL	0.199	1.311	0.003	0.026	1.307	6.56
120106-14-AU	0.311	2.053	0.021	0.178	2.032	6.52
120106-14-AL	0.091	0.800	0.020	0.169	0.779	8.57

Sample Code	TN (%)	TC (%)	TIC (%)	TOC (%)	CaCO ₃ (%)	C/N ratio
120108-01-AU	0.012	0.286	0.002	0.018	0.284	22.73
120108-01-AL	0.009	0.298	0.001	0.009	0.297	33.99
120108-02-AU	0.008	0.202	0.002	0.018	0.200	24.03
120108-02-AL	0.007	0.194	0.002	0.016	0.192	28.93
120108-03-AU	0.007	0.129	0.002	0.021	0.126	19.16
120108-03-AL	0.007	0.134	0.005	0.044	0.128	17.63
120108-05-AU	0.714	5.204	0.004	0.036	5.199	7.28
120108-05-AL	0.602	4.561	0.001	0.008	4.560	7.57
120108-06-AU	0.063	0.558	0.001	0.009	0.557	8.82
120108-06-AL	0.022	0.220	0.001	0.005	0.219	9.82
120108-07-AU	0.103	1.150	0.001	0.005	1.150	11.20
120108-07-AL	0.098	1.090	0.001	0.007	1.089	11.13
120108-08-AU	0.041	0.315	0.001	0.008	0.314	7.70
120108-08-AL	0.006	0.161	0.001	0.006	0.160	25.78
120108-09-AU	0.480	2.738	0.001	0.010	2.737	5.71
120108-09-AL	0.012	0.197	0.001	0.010	0.196	16.33
Min	0.004	0.129	0.000	0.003	0.121	5.71
Max	0.714	5.204	0.210	1.749	5.199	57.27
Average	0.083	0.709	0.015	0.123	0.694	16.69
STD	0.153	1.023	0.042	0.350	1.028	9.81

Table 3. Major element compositions of soil samples.

Sample	Al ₂ O ₃	CaO	Fe ₂ O ₃ *	K ₂ O	MgO	MnO	Na ₂ O	P ₂ O ₅	SiO ₂	TiO ₂	LOI
120105-06-AU	13.5	2.25	6.22	3.14	2.05	0.12	2.57	0.25	65.7	0.79	3.44
120105-06-AL	13.5	2.33	6.41	3.12	2.13	0.14	2.58	0.26	65.8	0.81	2.93
120105-07-AU	14.8	2.40	7.27	3.60	2.84	0.14	2.40	0.19	63.2	0.99	2.17
120105-07-AL	14.8	2.23	7.63	3.55	2.84	0.14	2.29	0.18	62.9	1.05	2.37
120105-08-AU	14.1	2.63	5.88	3.12	2.28	0.13	2.66	0.19	66.0	0.82	2.11
120105-08-AL	14.3	2.52	6.48	3.48	2.39	0.13	2.43	0.20	64.9	0.84	2.36
120105-09-AU	13.8	2.66	5.98	3.19	1.94	0.12	3.21	0.21	66.0	0.84	2.01
120105-09-AL	12.7	2.20	4.36	3.15	1.48	0.07	2.44	0.53	67.5	0.60	4.94
120105-10-AU	12.9	2.22	4.68	3.01	1.54	0.09	2.69	0.16	70.3	0.66	1.78
120105-10-AL	14.3	2.49	5.27	3.40	1.76	0.10	3.11	0.18	66.6	0.77	2.00
120105-11-AU	12.7	3.34	2.84	2.67	1.20	0.06	2.92	0.18	71.9	0.51	1.65
120105-11-AL	13.6	3.15	4.14	3.22	1.37	0.08	3.05	0.19	68.8	0.58	1.78
120105-14-AU	12.8	3.84	2.83	2.80	1.20	0.06	2.84	0.21	70.9	0.52	1.96
120105-14-AL	13.4	3.75	3.51	3.10	1.31	0.07	2.81	0.23	69.4	0.60	1.82
120106-01-AU	11.9	2.18	4.28	2.79	1.54	0.08	2.31	0.17	72.3	0.66	1.78
120106-01-AL	11.7	1.81	3.77	2.88	1.28	0.07	2.28	0.15	73.6	0.53	2.00
120106-02-AU	15.6	0.93	7.28	3.52	2.67	0.52	1.71	0.20	62.8	0.72	4.08
120106-02-AL	13.5	2.65	6.31	2.94	2.21	0.11	2.63	0.26	65.7	0.91	2.79
120106-03-AU	13.3	2.16	4.68	3.07	1.88	0.10	2.31	0.19	69.7	0.69	1.96
120106-03-AL	14.9	1.25	6.76	3.34	2.76	0.31	1.62	0.19	64.6	0.75	3.53
120106-04-AU	13.4	2.05	5.72	3.16	1.98	0.11	2.57	0.20	66.5	0.73	3.55
120106-04-AL	14.3	2.13	6.37	3.35	2.20	0.13	2.56	0.24	65.1	0.82	2.87
120106-05-AU	13.6	2.35	5.92	3.22	2.41	0.11	2.41	0.18	67.1	0.79	1.91
120106-05-AL	13.3	2.27	5.41	2.97	2.42	0.10	2.25	0.16	68.6	0.73	1.75
120106-06-AU	11.8	1.05	4.76	3.41	1.84	0.08	1.50	0.08	72.1	0.57	2.82
120106-06-AL	12.3	0.95	4.30	3.98	1.61	0.07	1.29	0.07	71.6	0.50	3.30
120106-07-AU	13.9	2.28	4.57	3.23	1.90	0.08	2.65	0.17	68.4	0.63	2.28
120106-07-AL	13.5	2.25	4.26	3.26	1.76	0.08	2.46	0.18	69.9	0.59	1.68
120106-12-AU	13.3	2.21	5.45	3.21	1.78	0.09	2.67	0.23	67.2	0.72	3.21
120106-12-AL	13.0	2.13	4.52	3.27	1.56	0.08	2.54	0.20	69.6	0.61	2.47
120106-13-AU	12.8	2.18	3.95	3.12	1.66	0.07	2.36	0.26	69.3	0.56	3.69
120106-13-AL	12.9	2.20	4.02	2.96	1.65	0.06	2.40	0.34	69.8	0.55	3.09
120106-14-AU	12.7	2.64	4.15	3.02	1.96	0.07	2.87	0.29	67.3	0.56	4.46
120106-14-AL	13.0	2.61	3.86	3.01	1.71	0.08	2.61	0.26	70.0	0.56	2.28
120108-01-AU	12.7	1.66	6.12	3.40	1.97	0.10	2.17	0.16	68.5	0.74	2.41

Sample	Al ₂ O ₃	CaO	Fe ₂ O ₃ *	K ₂ O	MgO	MnO	Na ₂ O	P ₂ O ₅	SiO ₂	TiO ₂	LOI
120108-01-AL	13.5	1.91	6.91	3.25	2.00	0.11	2.41	0.18	66.6	0.79	2.40
120108-02-AU	12.1	2.15	4.85	2.70	1.38	0.08	2.38	0.50	71.6	0.61	1.64
120108-02-AL	13.3	2.39	5.21	3.33	1.87	0.11	2.78	0.17	68.5	0.70	1.59
120108-03-AU	14.7	3.32	6.71	3.37	2.55	0.13	3.46	0.22	63.2	0.95	1.39
120108-03-AL	14.7	3.24	6.73	3.47	2.39	0.14	3.75	0.24	62.8	0.96	1.57
120108-05-AU	10.6	1.69	4.10	2.48	1.25	0.06	2.07	0.47	65.5	0.51	11.28
120108-05-AL	11.3	2.12	4.41	2.46	1.39	0.07	2.39	0.45	63.9	0.55	10.95
120108-06-AU	14.1	3.01	3.57	2.98	1.42	0.07	2.99	0.16	69.0	0.50	2.17
120108-06-AL	12.9	2.58	3.42	3.00	1.18	0.07	2.87	0.18	72.1	0.53	1.17
120108-07-AU	13.5	2.11	5.64	3.29	2.24	0.10	2.22	0.18	66.4	0.76	3.60
120108-07-AL	13.4	2.34	5.13	2.97	1.95	0.09	2.39	0.20	68.1	0.70	2.76
120108-08-AU	13.3	2.46	4.44	3.19	1.67	0.09	2.95	0.16	69.4	0.66	1.66
120108-08-AL	13.4	2.54	4.62	3.27	1.51	0.09	3.01	0.18	69.3	0.66	1.42
120108-09-AU	12.5	2.23	4.44	2.83	1.55	0.07	2.56	0.37	66.5	0.59	6.40
120108-09-AL	14.3	2.82	6.20	3.30	1.97	0.12	3.38	0.21	65.0	0.86	1.87
Min	10.6	0.9	2.8	2.5	1.2	0.1	1.3	0.1	62.8	0.5	1.2
Max	15.6	3.8	7.6	4.0	2.8	0.5	3.8	0.5	73.6	1.1	11.3
Average	13.3	2.3	5.1	3.2	1.9	0.1	2.6	0.2	67.8	0.7	2.9
STD	1.0	0.6	1.2	0.3	0.5	0.1	0.5	0.1	2.8	0.1	2.0

극지연구소

Table 4. Isotope results of carbon and nitrogen

번호	시료명	Total C (%)	$\delta^{13}\text{C}_{\text{PDB}}$ (‰)	Total N (%)	$\delta^{15}\text{N}_{\text{AIR}}$ (‰)
1	120105_08_AU	0.251	-23.79	0.016	8.15
2	120105_08_AL	0.202	-23.28	0.014	11.73
3	120105_11_AU	0.267	-24.92	0.014	5.98
4	120105_11_AL	0.221	-25.56	0.008	14.97
5	120105_14_AU	0.282	-21.89	0.016	7.34
6	120105_14_AL	0.193	-23.94	0.006	15.34
7	120106_03_AU	0.150	-28.04	0.008	7.69
8	120106_03_AL	0.253	-23.35	0.004	15.73
9	120106_06_AU	0.090	-26.08	0.003	17.48
10	120106_06_AL	0.117	-25.25	0.005	19.04
11	120108_01_AU	0.331	-24.08	0.010	8.68
12	120108_01_AL	0.171	-24.90	0.007	14.66
13	120108_05_AU	4.441	-25.91	0.463	16.31
14	120108_05_AL	4.250	-26.13	0.450	15.80
15	120108_06_AU	0.693	-26.32	0.073	7.62
16	120108_06_AL	0.217	-25.99	0.020	16.60
17	120108_07_AU	1.098	-26.81	0.093	7.46
18	120108_07_AL	0.944	-26.87	0.067	9.74
19	120108_09_AU	3.762	-25.31	0.548	16.62
20	120108_09_AL	2.238	-25.31	0.364	15.65

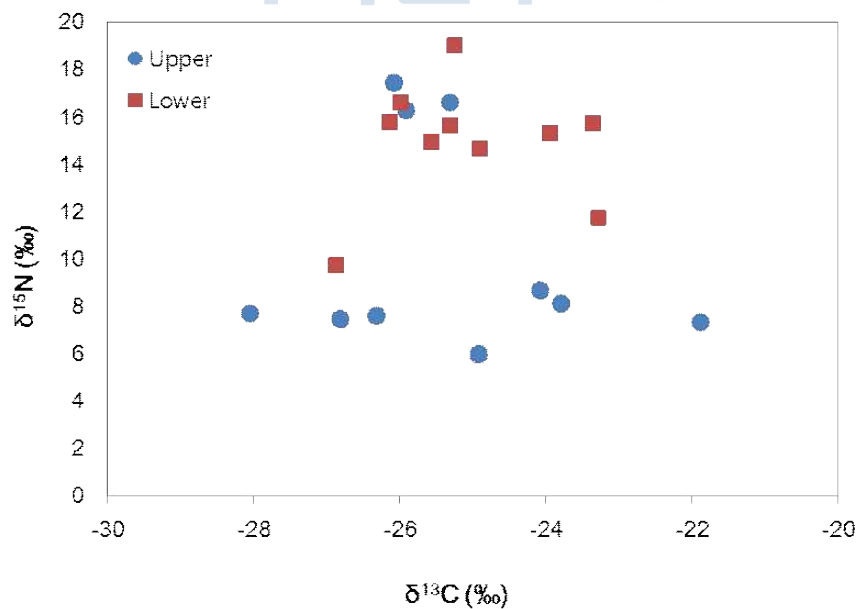


Figure 12. Isotope results by soil depths

라. 세균 군집 분석

Next Generation Sequencing 염기서열 분석 방법을 사용하여 장보고 과학기지 건설지의 건설 진행에 따른 토양 미생물의 다양성과 군집구조 패턴 변화를 2011년과 2012년, 2013년에 걸쳐 조사하였다. 테라노바만 2012년 시료 총 50개 토양시료에 대하여 총 99,585 sequence를 획득하였으며, custom programme를 이용하여 클러스터링을 수행하였다. 각 cluster 별 대표 sequencing은 EzTaxon-e database를 이용하여 taxonomy 분석을 수행하였다. 그 결과 총 2,180개의 operational taxonomic units (OTUs)이 얻어졌으며, phylum 수준에서 37개의 phyla가 검출되었다. 검출된 37개의 phyla 중 11개의 일반 토양에서 우점하는 *Actinobacteria*, *Chloroflexi*, *Proteobacteria*, *Acidobacteria*, *Cyanobacteria*, *Bacteroidetes*, *Verrucomicrobia*, *Gemmatimonadetes*, *Planctomycetes*, *Armatimonadetes*, *Chlorobi*가 검출되었으며, 그 외 1% 미만으로 검출된 26개의 phyla가 발견되어 매우 다양한 세균이 존재하는 것으로 나타났다 (Fig. 13).

미생물 군집을 phylum 수준에서 클러스터 분석 한 결과, 75%를 중심으로 8개의 클러스터를 형성하였다. 기지 건설지에서 해안 중간에 위치한 0108-05시료는 다른 클러스터와는 다르게 *Chloroflexi*가 우점하는 것을 확인하였으며, 두번째와 세 번째 클러스터는 각각 *Cyanobacteria* 와 *Actinobacteria*가 우점하였다. 그 외 다른 클러스터는 *Actinobacteria*, *Chloroflexi*, *Proteobacteria*와 *Acidobacteria*가 우점 분류군으로 나타났으며, 상층시료와 하층시료를 비교하였을 때, 상층시료는 *Cyanobacteria*의 비율이 하층보다 높게 나타났다. 그러나 하층은 *Acidobacteria*의 비율이 더 높게 나타남을 확인하였다. 이는 광합성을 하여 에너지를 생산하는 *Cyanobacteria*가 광합성을 하기 위하여 토양 표층에 더 많이 존재하는 것으로 사료된다.

테라노바만 토양시료 채취 지점에 따라 군집 구성 비율의 차이가 가장 큰 패턴을 보인 phyla는 *Actinobacteria*, *Chloroflexi* 와 *Cyanobacteria*였다. 이 결과로 보아 *Actinobacteria*, *Chloroflexi*와 *Cyanobacteria*가 서식환경 조건에 민감하게 반응하는 것으로 사료된다 (Fig. 14).

테라노바만 토양시료의 세균군집을 OTU수준으로 다차원 분석하였을 때, 15%의 유사도를 가지고 6개의 그룹으로 나뉘는 것을 확인하였다 (Fig. 15). 총 6개의 그룹 중 0108-05, 0108-09, 0108-07와 0106-13지점은 해안가에 분포한 시료채취지점으로 다른 지점과는 다른 군집을 가지고 있음이 나타났다.

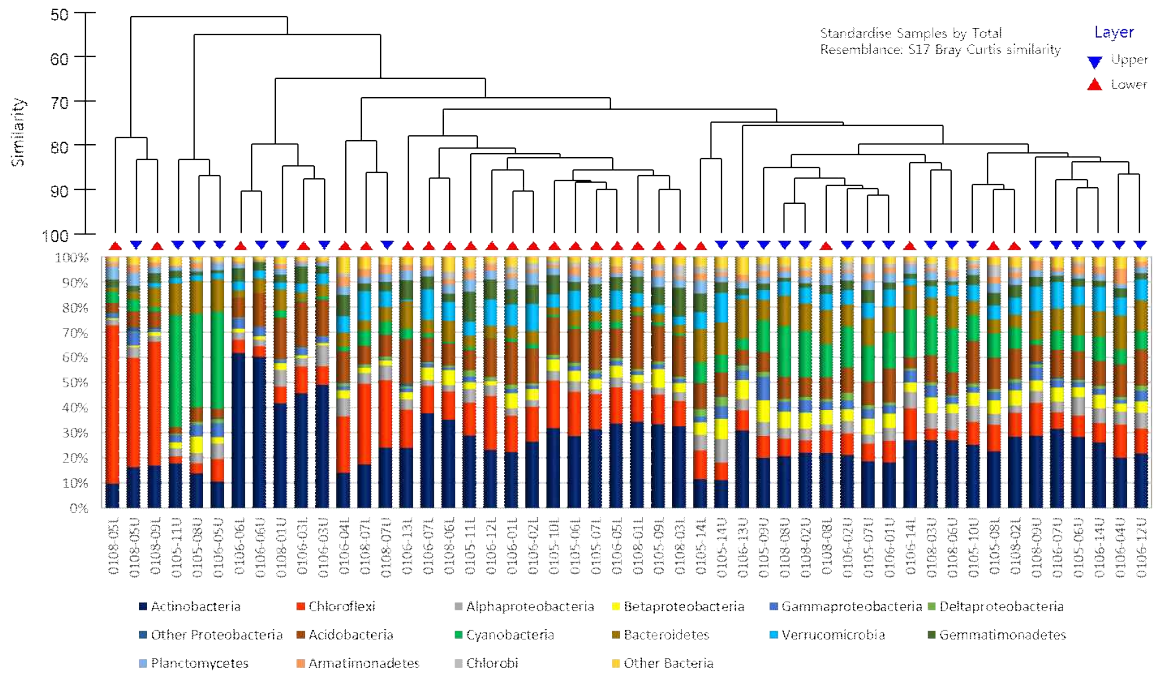


Figure 13. Bacterial community structure in soil around Terra Nova Bay

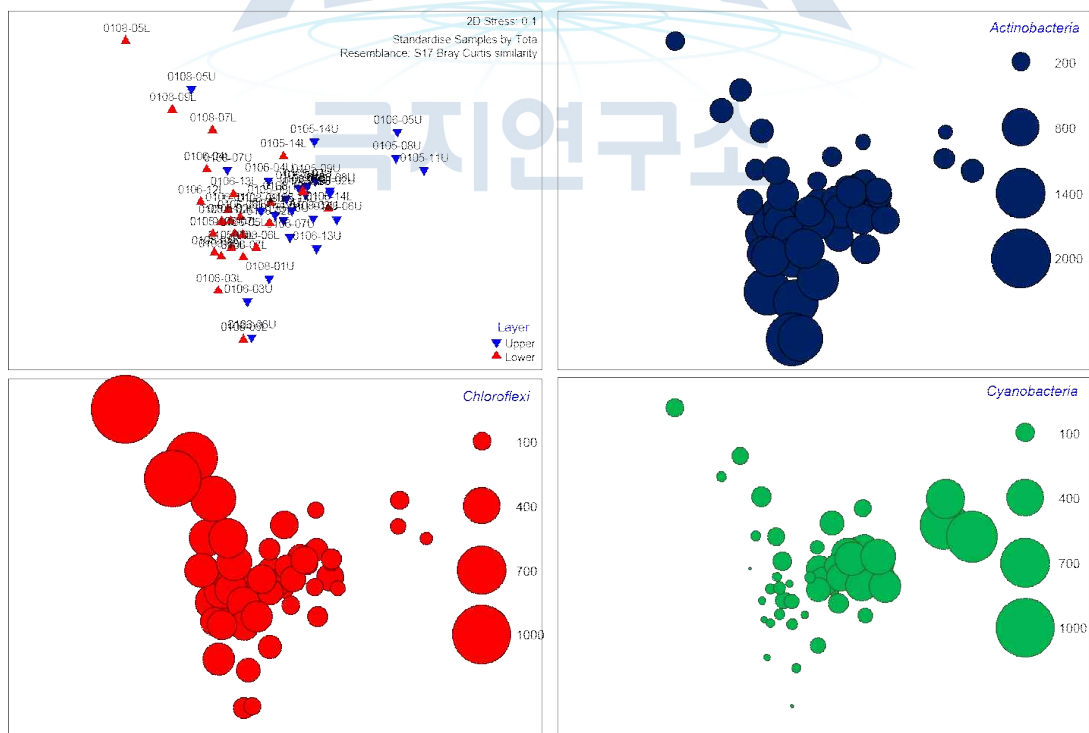


Figure 14. Multi-dimensional analysis in phylum level and the predominant three bacteria (Actinobacteria, Chloroflexi, Cyanobacteria)

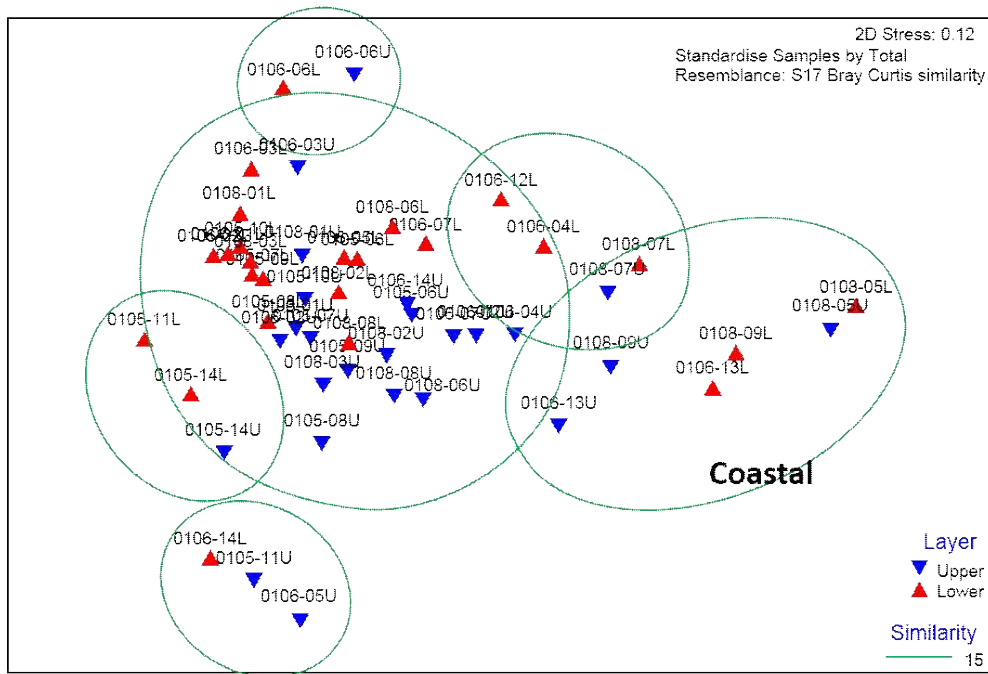


Figure 15. Multi-dimensional analysis of bacteria in OTU level

토양의 상층과 하층간의 약간의 구분은 나타나지만 phylum 수준과 같은 뚜렷한 차이는 보이지 않았다. 테라노바만 토양시료의 세균 (16S rRNA gene)과 진핵미생물 (26S rRNA gene)을 97% 염기서열 유사도 기준으로 다양성을 분석하였을 때, 상층부의 다양성이 더 높았으며, 진핵미생물보다 세균의 다양성이 4배 더 높음을 확인하였다 (Fig. 16).

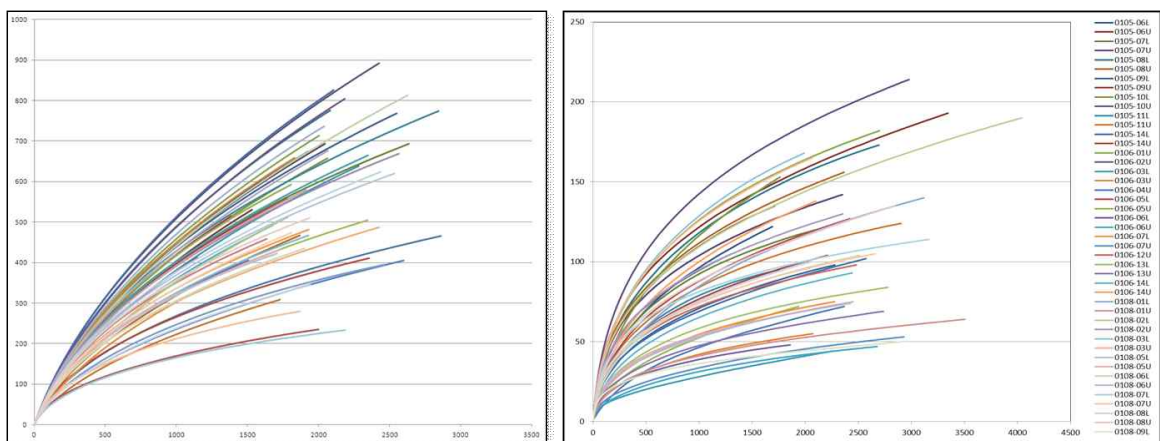


Figure 16. Bacterial diversity via rarefaction curves from Bacteria (left) and Eukaryote (right)

테라노바만 토양시료의 세균군집 (OTU 수준)과 물리화학적 특성간의 상관성을 분석을 위하여 CCA분석을 하였다 (Fig. 17). 세균의 군집과 토양의 물리화학적 특성 (nutrient 토양입자 사이즈) 간의 관계에서 특정 세균군집의 우점이 없었던 0105-14 지점의 경우 TIC와 TOC의 영향을 많이 받았으며, Chloroflexi가 크게 우점하였던 0108-05 지점은 TN, TC, CaCO₃와 양의 상관관계를 가지고 있음을 확인하였다. TN와 TC의 영향을 많이 받은 0108-05지점은 동위원소 분석 결과에서도 다른 지점에 비하여 유기물 함량이 높고 N을 축적하는 미생물의 활성이 높은 것으로 사료되는 지점이었다.

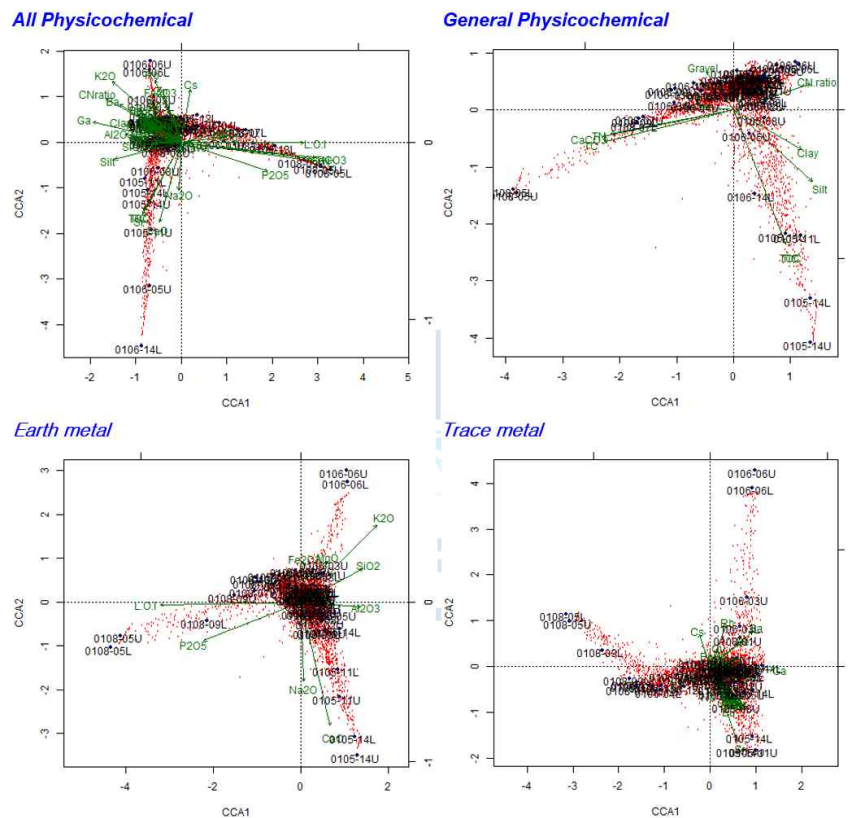
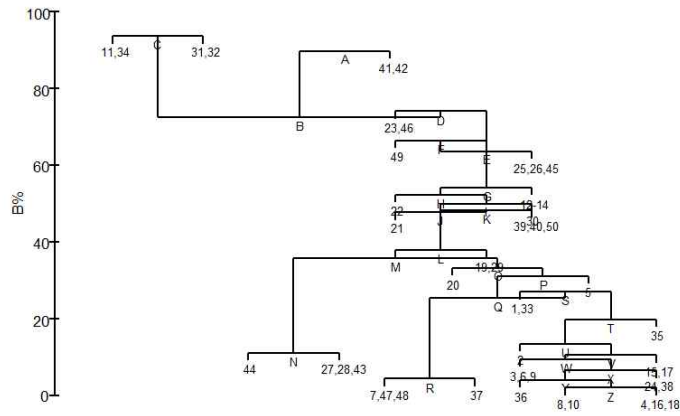


Figure 17. Canonical correlation analysis (CCA) using the bacterial frequencies at the OTU level and the environmental factors classified

지구구성 물질과 세균군집의 CCA분석 결과, 0106-06, 0108-05와 0105-14지점이 다른 지점과는 다른 관계를 가지고 있는 것으로 나타났다. 0106-06 지점 (Actinobacteria)은 K₂O, SiO₂와 양의 관계를 가지고 있으며, 영양염에 영향을 많이 받은 0108-05 (Chloroflexi) 지점은 P₂O₅과 양의 상관관계를 보였다. 뚜렷한 우점 군집 없이 다양한 세균구성을 보였던 0105-14지점은 NaO₂, CaO와 양의 상관관계를 보였다.



The LINKTREE analysis binary-splits the samples successively using a single most divisive environmental variable (although multiple variables may be equally divisive), which are listed in Table. Samples within each group that cannot be split further are thus biologically and physicochemically similar. Soil samples are presented as numbers in the trees: sample #1, 0105-06U; sample #2, 0105-06L; sample #3, 0105-07U; sample #4, 0105-07L; sample #5, 0105-08U; sample #6, 0105-08L; sample #7, 0105-09U; sample #8, 0105-09L; sample #9, 0105-10U; sample #10, 0105-10L; sample #11, 0105-11U; sample #12, 0105-11L; sample #13, 0105-14U; sample #14, 0105-14L; sample #15, 0106-01U; sample #16, 0106-01L; sample #17, 0106-02U; sample #18, 0106-02 L; sample #19, 0106-03U; sample #20, 0106-03L; sample #21, 0106-04U; sample #22, 0106-04 L; sample #23, 0106-05U; sample #24, 0106-05L; sample #25, 0106-06U; sample #26, 0106-06L; sample #27, 0106-07U; sample #28, 0106-07L; sample #29, 0106-12U; sample #30, 0106-12L; sample #31, 0106-13U; sample #32, 0106-13L; sample #33, 0106-14U; sample #34, 0106-14L; sample #35, 0108-01U; sample #36, 0108-01L; sample #37, 0108-02U; sample #38, 0108-02L; sample #39, 0108-03U; sample #40, 0108-03L; sample #41, 0108-05U; sample #42, 0108-05L; sample #43, 0108-06U; sample #44, 0108-06L; sample #45, 0108-07U; sample #46, 0108-07L; sample #47, 0108-08U; sample #48, 0108-08L; sample #49, 0108-09U; sample #50, 0108-09L.

Figure 18. LinkTree analysis for the correlation between bacterial communities and physicochemical properties

Table 5. Major physicochemical properties effecting the binary diffusion of samples

Node->Split	Variable	LHS ¹ (RHS) ² Split	R ³	B% ⁴	Node->Split	Variable	LHS ¹ (RHS) ² Split	R ³	B% ⁴		
A->B, (41,42)	L.O.I	<2.06(>3.33)	0.79	89.8	C->(11,34), (31,32)	CN ratio	>-0.951(<-1.41)	1	93.7		
	TC	<2.22(>3.22)				Sand	<0.254(>1.48)				
	CaCO3	<2.22(>3.21)				Yb	>-0.449(<-1.48)				
	TN	<2.64(>3.3)				Clay	>6.85E-2(<-0.902)				
	K2O	>-1.84(<-2.39)				Lu	>-0.43(<-1.39)				
	Th	>-1.31(<-1.66)				Y	>-0.585(<-1.52)				
	Al2O3	>-1.97(<-2.32)				Er	>-0.552(<-1.48)				
	Ba	>-1.96(<-2.12)				Silt	>0.332(<-0.473)				
B->C, D	U	<-1.11(>-1.08)	0.57	72.4		Tm	>-0.411(<-1.21)				
C->(11,34), (31,32)	Sand	<0.254(>1.48)	1	93.7		TN	<0.124(>0.906)				
	Yb	>-0.449(<-1.48)				Ho	>-0.661(<-1.43)				
	Clay	>6.85E-2(<-0.902)				Dy	>-0.736(<-1.4)				
	Lu	>-0.43(<-1.39)				CaCO3	<0.376(>1.02)				
	Y	>-0.585(<-1.52)				L.O.I	<-0.235(>0.405)				
	Er	>-0.552(<-1.48)				TC	<0.381(>1.01)				
	Silt	>0.332(<-0.473)				Gd	>-0.71(<-1.33)				
	Tm	>-0.411(<-1.21)			Sm	>-0.651(<-1.26)					
	TN	<0.124(>0.906)			CaO	>0.518(<-7.98E-2)					
	Ho	>-0.661(<-1.43)			TOC	>0.322(<-0.275)					
	Dy	>-0.736(<-1.4)			Pr	>-0.661(<-1.13)					
	CaCO3	<0.376(>1.02)			CN ratio	>-0.951(<-1.41)					
	L.O.I	<-0.235(>0.405)			Tb	>-0.845(<-1.31)					
	TC	<0.381(>1.01)			Nd	>-0.669(<-1.13)					
	Gd	>-0.71(<-1.33)			TIC	>0.162(<-0.277)					
	Sm	>-0.651(<-1.26)			Sr	>0.713(<0.291)					
CaO	>0.518(<-7.98E-2)	Ce	>-0.712(<-1.13)								
TOC	>0.322(<-0.275)	La	>-0.703(<-1.08)								
Pr	>-0.661(<-1.13)	Na2O	>0.189(<-0.19)								

Node->Split	Variable	LHS ¹ (RHS) ² Split	R ³	B% ⁴
C->(11,34), (31,32)	Na2O	>0.189(<-0.19)	1	93.7
	Cr	<0.404(>0.778)		
	V	<-0.27(>8.07E-3)		
	Rb	<-0.55(>-0.277)		
	Cs	<-0.333(>-8.8E-2)		
	Eu	>-0.553(<-0.795)		
	Be	<-0.882(>-0.681)		
	Zr	>-1.55(<-1.71)		
	Th	>-0.936(<-1.07)		
	Sc	<-0.64(>-0.517)		
	Fe2O3	<-1.03(>-0.922)		
	Zn	<-0.501(>-0.437)		
	P2O5	<0.421(>0.453)		
TiO2	<-0.957(>-0.956)			
D->(23,46), E	Silt	<-1.61(>-1.57)	0.66	74.1
E->F, (25,26,45)	Sm	>-1.02(<-1.23)	0.58	63.6
	Gd	>-1.15(<-1.22)		
F->(49), G	TN	>2.64(<1.67)	0.64	66.5
	L.O.I	>2.06(<1.46)		
	CaCO3	>2.22(<1.7)		
	TC	>2.22(<1.71)		
	CN ratio	<-1.65(>-1.6)		
G->H, (12-14)	TOC	<0.353(>2.64)	0.53	54.1
	TIC	<0.186(>2.41)		
	Sr	<0.919(>1.58)		
	V	>-1.37(<-1.51)		
	Silt	<1.7(>1.76)		
H->(22), I	Sand	<-2.94(>-2.19)	0.54	52.3
	Gravel	>1.58(<1.2)		
	Cs	>1.78(<1.61)		
I->J, (30)	Ga	>-1.19(<-2.78)	0.52	49.9
	Y	>-1.16(<-1.94)		
	Rb	>-1.63(<-1.88)		
	Be	>-1.52(<-1.72)		
	Cu	>-1.16(<-1.34)		
J->(21), K	TOC	<-0.382(>-0.373)	0.43	47.7
	TIC	<-0.35(>-0.343)		
K->L, (39,40,50)	Na2O	<1.39(>1.56)	0.39	48.3
L->M, (19,29)	Th	>-0.793(<-0.922)	0.45	37.8
M->N, O	Clay	<-1.37(>-0.878)	0.55	35.8
N->(44), (27,28,43)	Cs	<-1.68(>-0.346)	0.56	11
	Rb	<-1.63(>-0.43)		
	Cu	>0.702(<-0.485)		
	Sc	<-1.96(>-0.854)		
	Silt	>0.281(<-0.737)		
	Zn	<-2.01(>-1.16)		
	SiO2	>1.72(<0.971)		
	Th	<-0.793(>-0.117)		
	MgO	<-1.66(>-1.02)		
	Al2O3	<-0.321(>0.292)		
	L.O.I	<-1.39(>-0.79)		
	Sm	<-1.02(>-0.452)		
	Ce	<-0.919(>-0.362)		
	Gd	<-1.15(>-0.601)		
	V	<-1.37(>-0.821)		
	Tb	<-1.16(>-0.627)		
	Pr	<-0.879(>-0.357)		
	Nd	<-0.888(>-0.382)		
	La	<-0.841(>-0.355)		
	U	<-0.94(>-0.457)		

Node->Split	Variable	LHS ¹ (RHS) ² Split	R ³	B% ⁴
N->(44), (27,28,43)	Sr	>0.605(<0.169)	0.56	11
	Zr	<-1.9(>-1.53)		
	Dy	<-1.16(>-0.804)		
	Gravel	<-0.641(>-0.29)		
	Eu	>-0.152(<-0.491)		
	Co	<-0.959(>-0.625)		
	TC	<-0.599(>-0.283)		
	CaCO3	<-0.563(>-0.266)		
	Pb	<-0.526(>-0.329)		
	CN ratio	>-0.71(<-0.901)		
	Ni	<-1.13(>-0.948)		
	Y	<-0.953(>-0.772)		
	TN	<-0.413(>-0.24)		
	Ho	<-1(>-0.844)		
	Tm	<-0.846(>-0.729)		
	Fe2O3	<-1.48(>-1.37)		
	Er	<-0.955(>-0.851)		
	Be	<-1.52(>-1.43)		
	Sand	>1.52(<1.45)		
	O->(20), P	Nb		
TOC		<-0.369(>-0.355)		
TIC		<-0.341(>-0.331)		
CN ratio		>2.6(<1.6)		
Na2O		<-2.14(>-2.02)		
Zr		<-0.675(>-0.581)		
TN		<-0.56(>-0.544)		
TOC		<-0.373(>-0.366)		
TIC		<-0.343(>-0.339)		
Sr		<0.747(>0.919)	0.4	31
P->Q, (5)	Pb	<-0.589(>-0.445)	0.49	25.3
Q->R, S	P2O5	<-0.111(>2.71)	0.78	4.3
	K2O	>0.155(<-1.84)		
	Al2O3	>9.36E-3(<-1.55)		
	Na2O	>0.84(<-0.432)		
	Th	>0.336(<-0.598)		
	Sm	>0.965(<0.369)		
	CaO	>0.283(<-0.3)		
	Pr	>0.921(<0.429)		
	Ni	<0.129(>0.613)		
	Nd	>0.894(<0.414)		
	Ce	>0.847(<0.404)		
	Co	<-4.68E-2(>0.374)		
	MgO	>-0.81(<-1.2)		
	TiO2	>-0.264(<-0.641)		
	Gd	>0.704(<0.389)		
	La	>0.786(<0.504)		
	MnO	>-0.273(<-0.512)		
	Cr	<0.617(>0.823)		
	Clay	>-0.69(<-0.878)		
	SiO2	<0.667(>0.81)		
Zr	<0.751(>0.879)			
Tb	>0.569(<0.449)			
Cu	<-0.192(>-9.7E-2)			
Sr	>0.103(<2.24E-2)			
TOC	<-0.357(>-0.315)			
TIC	<-0.332(>-0.304)			
Pb	<-0.599(>-0.589)			
S->(1,33), T	TOC	>-6.75E-2(<-0.263)	0.75	27
	TIC	>-0.13(<-0.268)		
T->U, (35)	Clay	<0.986(>1.39)	0.86	19.8

Node->Split	Variable	LHS ¹ (RHS) ² Split	R ³	B% ⁴
U->(2), V	U	>4.75(<0.998)	0.52	13.4
	Sand	>1.02(<0.802)		
	Zr	>1.6(<1.59)		
V->W, (15,17)	Pr	>-0.401(<-0.712)	0.46	10.4
	Nd	>-0.42(<-0.673)		
	Ce	>-0.427(<-0.64)		
	La	>-0.474(<-0.554)		
	Sm	>-0.475(<-0.522)		
	Sr	>-0.481(<-0.507)		
W->(3,6,9), X	Gravel	<-0.232(>-0.165)	0.64	9.4
X->Y, (24,38)	Silt	>-0.156(<-0.782)	0.78	6.4
	Clay	>-8.36E-2(<-0.288)		
	L.O.I	>-0.538(<-0.722)		
X->Y, (24,38)	CaCO3	>-0.576(<-0.619)	0.78	6.4
	TC	>-0.612(<-0.653)		
	TN	>-0.523(<-0.536)		
Y->(36), Z	Nb	<-1.21(>-0.135)	0.6	4
	Ga	<-0.557(>0.164)		
	CN ratio	>1.6(<0.97)		
	Ba	<-0.915(>-0.538)		
	Pb	>0.424(<0.308)		
	TN	<-0.523(>-0.509)		
Z->(8,10), (4,16,18)	Ba	>0.541(<2.97E-2)	0.58	2
	CN ratio	<0.121(>0.262)		
	Zr	>0.121(<-1.06E-2)		

¹LHS, Left-Half Split, properties of the group to the left of the node;

²RHS, Right-Half Split, properties of the group to the right of the node; ³R, Spearman Rho value; ⁴B%, an absolute measure of group differences. A low value indicates similar samples.

사. 군류 다양성 분석

군류 다양성 분석을 위하여 테라노바만 토양 2011년, 2012년 시료와 빅토리아랜드 시료의 염기서열 분석 결과를 함께 진행하였다 (빅토리아랜드 시료 정보는 제 2절의 재료 및 방법 참조). 총 265개의 토양시료의 염기서열 분석 결과 시료별로 1 - 5553개의 염기서열이 얻어졌으며 unique sequence의 개수는 1 - 642개로 파악되었다 (Table 6). 염기서열 개수와 unique sequence의 비율 간 상관관계를 분석한 결과 염기서열 개수가 500개 이상인 경우 unique sequence의 비율이 20%이하로 매우 안정적인 분포를 가진 것으로 파악되었으며, 그 이하인 경우 높은 수치를 보임을 확인하였다 (Fig. 19). 이러한 결과로부터 염기서열 개수가 500이하인 경우 시료가 가지고 있는 생물다양성을 대변하지 못할 가능성이 큰 것으로 판단되었으며 이후의 분석에서 제외하였다.

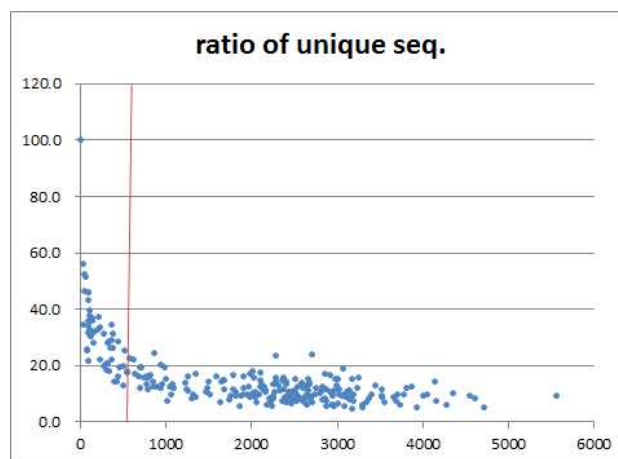


Figure 19. Correlation between number of sequence and number of unique sequence

Table 6. Pyrosequencing results of eukaryotic LSU rRNA genes

Sample	Category	Direction	Total reads	Unique seq.	Ratio of unique seq.
TNB110203-01AL	2011TNB	forward	701	84	12.0
TNB110203-01AL	2011TNB	reverse	776	103	13.3
TNB110203-01AU	2011TNB	forward	1093	132	12.1
TNB110203-01AU	2011TNB	reverse	945	129	13.7
TNB110203-01BL	2011TNB	forward	231	51	22.1
TNB110203-01BL	2011TNB	reverse	325	67	20.6
TNB110203-01BU	2011TNB	forward	573	129	22.5
TNB110203-01BU	2011TNB	reverse	624	138	22.1
TNB110203-01CL	2011TNB	forward	136	44	32.4
TNB110203-01CL	2011TNB	reverse	335	60	17.9
TNB110203-01CU	2011TNB	forward	2608	182	7.0
TNB110203-01CU	2011TNB	reverse	2522	191	7.6
TNB110203-02AL	2011TNB	forward	779	124	15.9
TNB110203-02AL	2011TNB	reverse	894	113	12.6
TNB110203-02AU	2011TNB	forward	2374	281	11.8
TNB110203-02AU	2011TNB	reverse	2642	332	12.6
TNB110203-02BL	2011TNB	forward	358	80	22.3
TNB110203-02BL	2011TNB	reverse	310	65	21.0
TNB110203-02BU	2011TNB	forward	2361	347	14.7
TNB110203-02BU	2011TNB	reverse	2365	377	15.9
TNB110203-02CL	2011TNB	forward	984	190	19.3
TNB110203-02CL	2011TNB	reverse	944	191	20.2
TNB110203-02CU	2011TNB	forward	2589	365	14.1
TNB110203-02CU	2011TNB	reverse	2667	358	13.4
TNB110203-03AL	2011TNB	forward	541	96	17.7
TNB110203-03AL	2011TNB	reverse	740	116	15.7
TNB110203-03AU	2011TNB	forward	1473	179	12.2
TNB110203-03AU	2011TNB	reverse	1780	209	11.7
TNB110203-03BL	2011TNB	forward	435	70	16.1
TNB110203-03BL	2011TNB	reverse	386	56	14.5
TNB110203-03BU	2011TNB	forward	1040	131	12.6
TNB110203-03BU	2011TNB	reverse	853	106	12.4
TNB110203-03CL	2011TNB	forward	350	92	26.3
TNB110203-03CL	2011TNB	reverse	339	97	28.6

Table 6. Pyrosequencing results of eukaryotic LSU rRNA genes (continued)

Sample	Category	Direction	Total reads	Unique seq.	Ratio of unique seq.
TNB110203-03CU	2011TNB	forward	990	150	15.2
TNB110203-03CU	2011TNB	reverse	1220	170	13.9
TNB110205-01AL	2011TNB	forward	81	21	25.9
TNB110205-01AL	2011TNB	reverse	86	31	36.0
TNB110205-01AU	2011TNB	forward	764	125	16.4
TNB110205-01AU	2011TNB	reverse	810	135	16.7
TNB110205-01BL	2011TNB	forward	32	18	56.3
TNB110205-01BL	2011TNB	reverse	26	9	34.6
TNB110205-01BU	2011TNB	forward	279	88	31.5
TNB110205-01BU	2011TNB	reverse	381	119	31.2
TNB110205-01CL	2011TNB	forward	195	64	32.8
TNB110205-01CL	2011TNB	reverse	141	52	36.9
TNB110205-01CU	2011TNB	forward	325	91	28.0
TNB110205-01CU	2011TNB	reverse	380	100	26.3
TNB110211-01AL	2011TNB	forward	97	33	34.0
TNB110211-01AL	2011TNB	reverse	145	41	28.3
TNB110211-01AU	2011TNB	forward	502	66	13.1
TNB110211-01AU	2011TNB	reverse	421	60	14.3
TNB110211-01BL	2011TNB	forward	145	46	31.7
TNB110211-01BL	2011TNB	reverse	137	49	35.8
TNB110211-01BU	2011TNB	forward	44	23	52.3
TNB110211-01BU	2011TNB	reverse	41	19	46.3
TNB110211-01CL	2011TNB	forward	549	100	18.2
TNB110211-01CL	2011TNB	reverse	640	110	17.2
TNB110211-01CU	2011TNB	forward	92	20	21.7
TNB110211-01CU	2011TNB	reverse	85	27	31.8
TNB110211-02AL	2011TNB	forward	98	45	45.9
TNB110211-02AL	2011TNB	reverse	124	38	30.6
TNB110211-02AU	2011TNB	forward	701	135	19.3
TNB110211-02AU	2011TNB	reverse	716	139	19.4
TNB110211-02BL	2011TNB	forward	104	34	32.7
TNB110211-02BL	2011TNB	reverse	110	34	30.9
TNB110211-02BU	2011TNB	forward	682	111	16.3
TNB110211-02BU	2011TNB	reverse	808	131	16.2
TNB110211-02CL	2011TNB	forward	519	133	25.6

Table 6. Pyrosequencing results of eukaryotic LSU rRNA genes (continued)

Sample	Category	Direction	Total reads	Unique seq.	Ratio of unique seq.
TNB110211-02CL	2011TNB	reverse	361	125	34.6
TNB110211-02CU	2011TNB	forward	216	81	37.5
TNB110211-02CU	2011TNB	reverse	220	74	33.6
TNB110211-03AL	2011TNB	forward	113	45	39.8
TNB110211-03AL	2011TNB	reverse	93	43	46.2
TNB110211-03AU	2011TNB	forward	1251	204	16.3
TNB110211-03AU	2011TNB	reverse	1344	228	17.0
TNB110211-03BL	2011TNB	forward	306	56	18.3
TNB110211-03BL	2011TNB	reverse	266	53	19.9
TNB110211-03BU	2011TNB	forward	839	119	14.2
TNB110211-03BU	2011TNB	reverse	1076	147	13.7
TNB110211-03CL	2011TNB	forward	64	33	51.6
TNB110211-03CL	2011TNB	reverse	95	41	43.2
TNB110211-03CU	2011TNB	forward	363	105	28.9
TNB110211-03CU	2011TNB	reverse	443	127	28.7
LGP2011-PP1-0-2cm	2011LGP	forward	2405	322	13.4
LGP2011-PP1-0-2cm	2011LGP	reverse	2676	375	14.0
LGP2011-PP1-2-6cm	2011LGP	forward	2606	231	8.9
LGP2011-PP1-2-6cm	2011LGP	reverse	3154	287	9.1
LGP2011-PP10-0-3cm	2011LGP	forward	2659	293	11.0
LGP2011-PP10-0-3cm	2011LGP	reverse	3099	318	10.3
LGP2011-PP10-10-20cm	2011LGP	forward	1948	192	9.9
LGP2011-PP10-10-20cm	2011LGP	reverse	2256	216	9.6
LGP2011-PP10-3-8cm	2011LGP	forward	2077	207	10.0
LGP2011-PP10-3-8cm	2011LGP	reverse	2438	260	10.7
LGP2011-PP11-0-2cm	2011LGP	forward	2268	242	10.7
LGP2011-PP11-0-2cm	2011LGP	reverse	2147	265	12.3
LGP2011-PP11-10-20cm	2011LGP	forward	1316	130	9.9
LGP2011-PP11-10-20cm	2011LGP	reverse	1258	141	11.2
LGP2011-PP11-2-6cm	2011LGP	forward	1301	110	8.5
LGP2011-PP11-2-6cm	2011LGP	reverse	1350	122	9.0
LGP2011-PP12-0-2cm	2011LGP	forward	3014	292	9.7
LGP2011-PP12-0-2cm	2011LGP	reverse	3695	364	9.9
LGP2011-PP12-10-20cm	2011LGP	forward	2459	201	8.2
LGP2011-PP12-10-20cm	2011LGP	reverse	3137	256	8.2

Table 6. Pyrosequencing results of eukaryotic LSU rRNA genes (continued)

Sample	Category	Direction	Total reads	Unique seq.	Ratio of unique seq.
LGP2011-PP12-2-8cm	2011LGP	forward	1871	173	9.2
LGP2011-PP12-2-8cm	2011LGP	reverse	1983	189	9.5
LGP2011-PP13-0-2cm	2011LGP	forward	3180	319	10.0
LGP2011-PP13-0-2cm	2011LGP	reverse	3769	377	10.0
LGP2011-PP13-10-20cm	2011LGP	forward	1627	117	7.2
LGP2011-PP13-10-20cm	2011LGP	reverse	1733	139	8.0
LGP2011-PP14-0-2cm	2011LGP	forward	2514	210	8.4
LGP2011-PP14-0-2cm	2011LGP	reverse	2689	239	8.9
LGP2011-PP14-10-20cm	2011LGP	forward	1809	194	10.7
LGP2011-PP14-10-20cm	2011LGP	reverse	1909	186	9.7
LGP2011-PP14-2-8cm	2011LGP	forward	784	91	11.6
LGP2011-PP14-2-8cm	2011LGP	reverse	941	112	11.9
LGP2011-PP15-0-2cm	2011LGP	forward	4549	421	9.3
LGP2011-PP15-0-2cm	2011LGP	reverse	5553	529	9.5
LGP2011-PP15-2-8cm	2011LGP	forward	2156	227	10.5
LGP2011-PP15-2-8cm	2011LGP	reverse	2443	261	10.7
LGP2011-PP16-0-2cm	2011LGP	forward	3523	410	11.6
LGP2011-PP16-0-2cm	2011LGP	reverse	3810	468	12.3
LGP2011-PP16-10-20cm	2011LGP	forward	1862	105	5.6
LGP2011-PP16-10-20cm	2011LGP	reverse	2229	122	5.5
LGP2011-PP16-2-8cm	2011LGP	forward	2127	246	11.6
LGP2011-PP16-2-8cm	2011LGP	reverse	1905	234	12.3
LGP2011-PP16-20-30cm	2011LGP	forward	3730	234	6.3
LGP2011-PP16-20-30cm	2011LGP	reverse	4277	268	6.3
LGP2011-PP17-0-2cm	2011LGP	forward	2948	182	6.2
LGP2011-PP17-0-2cm	2011LGP	reverse	3191	239	7.5
LGP2011-PP17-10-20cm	2011LGP	forward	1013	76	7.5
LGP2011-PP17-10-20cm	2011LGP	reverse	1052	101	9.6
LGP2011-PP17-2-8cm	2011LGP	forward	1511	148	9.8
LGP2011-PP17-2-8cm	2011LGP	reverse	1471	159	10.8
LGP2011-PP18-10-20cm	2011LGP	forward	2286	537	23.5
LGP2011-PP18-10-20cm	2011LGP	reverse	2696	642	23.8
LGP2011-PP19-0-2cm	2011LGP	forward	3345	241	7.2
LGP2011-PP19-0-2cm	2011LGP	reverse	3371	285	8.5
LGP2011-PP19-2-8cm	2011LGP	forward	2357	175	7.4

Table 6. Pyrosequencing results of eukaryotic LSU rRNA genes (continued)

Sample	Category	Direction	Total reads	Unique seq.	Ratio of unique seq.
LGP2011-PP19-2-8cm	2011LGP	reverse	3083	170	5.5
LGP2011-PP3-0-11cm	2011LGP	forward	1973	177	9.0
LGP2011-PP3-0-11cm	2011LGP	reverse	2388	214	9.0
LGP2011-PP4-0-3cm	2011LGP	forward	4006	382	9.5
LGP2011-PP4-0-3cm	2011LGP	reverse	4046	396	9.8
LGP2011-PP4-10-20cm	2011LGP	forward	2681	238	8.9
LGP2011-PP4-10-20cm	2011LGP	reverse	3653	328	9.0
LGP2011-PP4-20-30cm	2011LGP	forward	3290	195	5.9
LGP2011-PP4-20-30cm	2011LGP	reverse	3548	257	7.2
LGP2011-PP4-3-8cm	2011LGP	forward	458	90	19.7
LGP2011-PP4-3-8cm	2011LGP	reverse	496	98	19.8
LGP2011-PP5-0-2cm	2011LGP	forward	3679	279	7.6
LGP2011-PP5-0-2cm	2011LGP	reverse	3090	282	9.1
LGP2011-PP5-10-20cm	2011LGP	forward	3170	158	5.0
LGP2011-PP5-10-20cm	2011LGP	reverse	2872	163	5.7
LGP2011-PP5-2-8cm	2011LGP	forward	2168	133	6.1
LGP2011-PP5-2-8cm	2011LGP	reverse	2461	165	6.7
LGP2011-PP6-0-2cm	2011LGP	forward	4158	316	7.6
LGP2011-PP6-0-2cm	2011LGP	reverse	4601	391	8.5
LGP2011-PP6-2-9cm	2011LGP	forward	2047	148	7.2
LGP2011-PP6-2-9cm	2011LGP	reverse	2618	218	8.3
LGP2011-PP6-9-30cm	2011LGP	forward	3925	199	5.1
LGP2011-PP6-9-30cm	2011LGP	reverse	4716	244	5.2
LGP2011-PP7-0-2cm	2011LGP	forward	3521	310	8.8
LGP2011-PP7-0-2cm	2011LGP	reverse	4352	453	10.4
LGP2011-PP7-10-20cm	2011LGP	forward	2649	158	6.0
LGP2011-PP7-10-20cm	2011LGP	reverse	2876	210	7.3
LGP2011-PP7-2-8cm	2011LGP	forward	2409	165	6.8
LGP2011-PP7-2-8cm	2011LGP	reverse	2963	169	5.7
LGP2011-PP8-0-2cm	2011LGP	forward	3126	348	11.1
LGP2011-PP8-0-2cm	2011LGP	reverse	3447	452	13.1
LGP2011-PP8-2-8cm	2011LGP	forward	2740	263	9.6
LGP2011-PP8-2-8cm	2011LGP	reverse	3056	283	9.3
120105-06-AL	2012TNB	forward	1644	234	14.2
120105-06-AL	2012TNB	reverse	1975	336	17.0

Table 6. Pyrosequencing results of eukaryotic LSU rRNA genes (continued)

Sample	Category	Direction	Total reads	Unique seq.	Ratio of unique seq.
120105-06-AU	2012TNB	forward	3231	394	12.2
120105-06-AU	2012TNB	reverse	3171	491	15.5
120105-07-AL	2012TNB	forward	2114	287	13.6
120105-07-AL	2012TNB	reverse	2596	324	12.5
120105-07-AU	2012TNB	forward	2252	305	13.5
120105-07-AU	2012TNB	reverse	2654	407	15.3
120105-08-AL	2012TNB	forward	2621	325	12.4
120105-08-AL	2012TNB	reverse	3240	518	16.0
120105-08-AU	2012TNB	forward	2279	355	15.6
120105-08-AU	2012TNB	reverse	2507	387	15.4
120105-09-AL	2012TNB	forward	2159	239	11.1
120105-09-AL	2012TNB	reverse	2610	342	13.1
120105-09-AU	2012TNB	forward	1664	245	14.7
120105-09-AU	2012TNB	reverse	2104	315	15.0
120105-10-AL	2012TNB	forward	1677	252	15.0
120105-10-AL	2012TNB	reverse	1782	298	16.7
120105-10-AU	2012TNB	forward	2859	488	17.1
120105-10-AU	2012TNB	reverse	3065	584	19.1
120105-11-AL	2012TNB	forward	1672	198	11.8
120105-11-AL	2012TNB	reverse	1592	258	16.2
120105-11-AU	2012TNB	forward	2817	355	12.6
120105-11-AU	2012TNB	reverse	2984	384	12.9
120105-14-AL	2012TNB	forward	2508	241	9.6
120105-14-AL	2012TNB	reverse	3096	295	9.5
120105-14-AU	2012TNB	forward	2104	267	12.7
120105-14-AU	2012TNB	reverse	2609	335	12.8
120106-01-AU	2012TNB	forward	2596	318	12.2
120106-01-AU	2012TNB	reverse	861	210	24.4
120106-02-AU	2012TNB	forward	1237	144	11.6
120106-02-AU	2012TNB	reverse	1491	212	14.2
120106-03-AL	2012TNB	forward	2216	161	7.3
120106-03-AL	2012TNB	reverse	2687	209	7.8
120106-03-AU	2012TNB	forward	2005	204	10.2
120106-03-AU	2012TNB	reverse	2531	236	9.3
120106-04-AU	2012TNB	forward	2409	175	7.3

Table 6. Pyrosequencing results of eukaryotic LSU rRNA genes (continued)

Sample	Category	Direction	Total reads	Unique seq.	Ratio of unique seq.
120106-04-AU	2012TNB	reverse	2862	242	8.5
120106-05-AL	2012TNB	forward	2331	258	11.1
120106-05-AL	2012TNB	reverse	2755	330	12.0
120106-05-AU	2012TNB	forward	2036	185	9.1
120106-05-AU	2012TNB	reverse	2509	270	10.8
120106-06-AL	2012TNB	forward	1811	169	9.3
120106-06-AL	2012TNB	reverse	1759	162	9.2
120106-06-AU	2012TNB	forward	2568	211	8.2
120106-06-AU	2012TNB	reverse	2418	220	9.1
120106-07-AL	2012TNB	forward	2200	189	8.6
120106-07-AL	2012TNB	reverse	2160	241	11.2
120106-07-AU	2012TNB	forward	3005	199	6.6
120106-07-AU	2012TNB	reverse	2711	187	6.9
120106-12-AL	2012TNB	forward	1	1	100.0
120106-12-AL	2012TNB	reverse	101	38	37.6
120106-12-AU	2012TNB	forward	2442	243	10.0
120106-12-AU	2012TNB	reverse	2533	315	12.4
120106-13-AL	2012TNB	forward	2683	215	8.0
120106-13-AL	2012TNB	reverse	2952	277	9.4
120106-13-AU	2012TNB	forward	2818	226	8.0
120106-13-AU	2012TNB	reverse	2909	319	11.0
120106-14-AL	2012TNB	forward	2428	227	9.3
120106-14-AL	2012TNB	reverse	2032	220	10.8
120106-14-AU	2012TNB	forward	2024	317	15.7
120106-14-AU	2012TNB	reverse	3002	460	15.3
120108-01-AL	2012TNB	forward	2962	325	11.0
120108-01-AL	2012TNB	reverse	2408	352	14.6
120108-01-AU	2012TNB	forward	3397	339	10.0
120108-01-AU	2012TNB	reverse	3525	330	9.4
120108-02-AL	2012TNB	forward	3869	491	12.7
120108-02-AL	2012TNB	reverse	4141	594	14.3
120108-02-AU	2012TNB	forward	2277	324	14.2
120108-02-AU	2012TNB	reverse	2982	455	15.3
120108-03-AL	2012TNB	forward	1896	304	16.0
120108-03-AL	2012TNB	reverse	2099	366	17.4

Table 6. Pyrosequencing results of eukaryotic LSU rRNA genes (continued)

Sample	Category	Direction	Total reads	Unique seq.	Ratio of unique seq.
120108-03-AU	2012TNB	forward	2004	366	18.3
120108-03-AU	2012TNB	reverse	2912	484	16.6
120108-05-AL	2012TNB	forward	2255	188	8.3
120108-05-AL	2012TNB	reverse	2659	250	9.4
120108-05-AU	2012TNB	forward	2496	282	11.3
120108-05-AU	2012TNB	reverse	3018	345	11.4
120108-06-AL	2012TNB	forward	2459	262	10.7
120108-06-AL	2012TNB	reverse	2822	331	11.7
120108-06-AU	2012TNB	forward	2417	219	9.1
120108-06-AU	2012TNB	reverse	2459	263	10.7
120108-07-AL	2012TNB	forward	3114	297	9.5
120108-07-AL	2012TNB	reverse	2800	290	10.4
120108-07-AU	2012TNB	forward	2643	263	10.0
120108-07-AU	2012TNB	reverse	2872	341	11.9
120108-08-AL	2012TNB	forward	1966	248	12.6
120108-08-AL	2012TNB	reverse	2312	306	13.2
120108-08-AU	2012TNB	forward	2802	301	10.7
120108-08-AU	2012TNB	reverse	3146	356	11.3
120108-09-AL	2012TNB	forward	2923	174	6.0
120108-09-AL	2012TNB	reverse	3299	180	5.5
120108-09-AU	2012TNB	reverse	75	19	25.3

각 시료에 포함된 생물다양성 분석을 위해서 rarefaction curve를 그린 결과 2011년 TNB 시료 간 OTU 다양성에 있어서 500 reads 기준으로 3.7배 이상 차이나는 것으로 나타났다 (Fig. 20). 이러한 다양성 차이는 더 넓은 지역에서 채취된 2012년 TNB 시료와 LGP 시료에서 각각 6.9배, 7.5배로 더 크게 나타났다 (Figs. 21 and 22). 염기서열 개수가 늘어남에 따라 이러한 차이는 더 크게 나기 때문에 시료간 생물 다양성 차이가 매우 크게 남을 알 수 있다. 시료 간 다양성 차이는 Choa1, Shannon, Shannon evenness, Simpson, Simpson Evenness 다양성 지수에서도 크게 차이남을 확인함으로써 (Table 7), 빅토리아랜드 토양시료에서 환경에 따른 균류의 다양성 차이가 매우 크다는 것을 확인할 수 있었다. 이러한 차이는 위도에 따라 다양한 지역에서 채취된 LGP 시료에서 더 크게 나타나기는 하지만 장보고기지 주변에서 다양하게 채취된 2012 TNB 시료에서도 비슷한 수준으로 변이를 보임으로써 균류의 다양성 차이는 각 지점의 환경차이에 의한 영향이 더 크다는 것으로 판단된다.

RDP LSU 데이터베이스와의 염기서열 비교를 통한 동정결과로부터 빅토리아랜드 토양환경의 균류다양성이 매우 높으며 시료간 차이가 매우 크다는 것을 확인할 수 있었다. 또한 기존 염기서열 DB와 유사성이 매우 낮은 염기서열의 비율이 매우 높다는 것을 확인할 수 있었다. 본 연구에 사용된 프라이머는 전체 진핵생물에 적용될 수 있는 universal primer이기 때문에 29.8%에 달하는 unclassified로 분류된 염기서열 중 일부는 식물, 미세조류, 원생동물 등 다른 생물군에 속할 가능성을 배제할 수 없으나, 이 중 일부는 지금까지 발견되지 않았던 새로운 종류의 균류일 가능성이 매우 높은 것으로 판단된다. 다음으로 높은 비율을 차지하는 분류군은 Lecanoromycetes로서 전체 염기서열 중 13.2%를 차지하였다. Lecanoromycetes는 일반적으로 지의류를 형성하는 균류로서 표층 시료에서 높은 비율을 차지하는 경우가 많았다. 이러한 경우는 시료채취 시 관찰된 soil crust와 연관성을 가질고 있을 것으로 추측되며, 지의류 공생관계를 형성하고 있을 가능성이 높은 것으로 판단된다. 그러나 빛이 투과되기 힘들 것으로 판단되는 깊은 층의 토양에서도 Lecanoromycetes에 속한 균류가 높은 빈도로 존재하는 경우도 많이 발견되었기 때문에 지의류 공생이외에 다른 생식방법에 의한 균류의 서식이 예상되는 경우도 있었다. 다음으로 높은 빈도를 차지하고 있는 균류는 Chytridiomycetes (11.5%), Dothideomycetes (6.9%), Saccharomycetes (6.5%), Blastocladiomycetes (5.7%), Leotiomycetes (5.3%) 등의 순으로 나타났다. 그러나 이러한 빈도는 각 시료에서 매우 큰 차이를 나타냄으로써 각 지점별 환경차이가 매우 크다는 것을 시사해 주었다 (Figs. 23, 24 and 25).

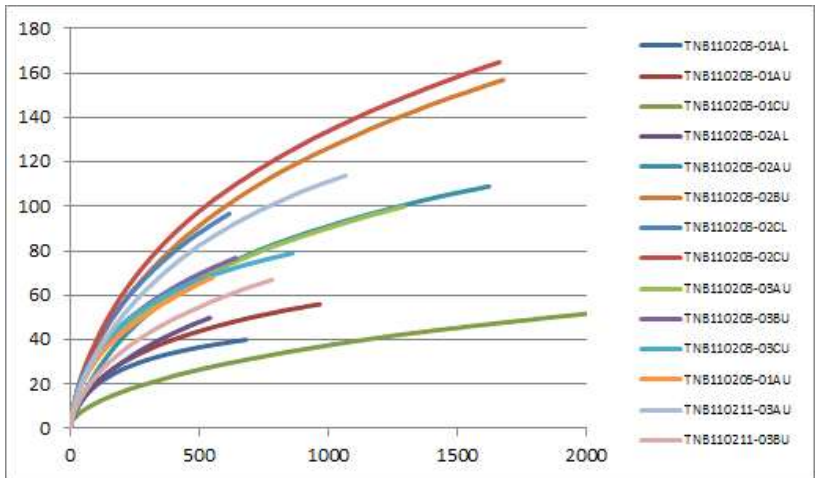


Figure 20. Rarefaction curve of 2011 TNB samples

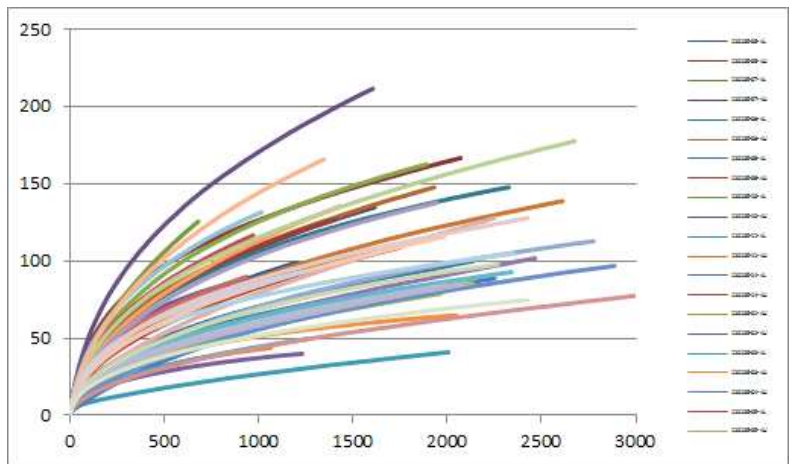


Figure 21. Rarefaction curve of 2012 TNB samples

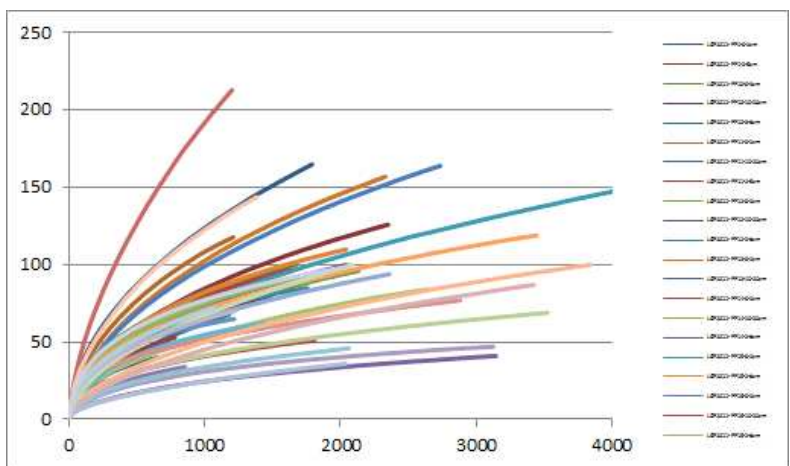


Figure 22. Rarefaction curve of LGP samples

Table 7. Diversity indices of 500 reads in each sample

Count	OTU	Chao1	Shannon	Shannon Evenness	Simpson	Simpson Evenness
120105-06-AL	65.106	118.746	2.789	0.668	6.784	0.104
120105-06-AU	97.274	147.254	3.804	0.831	22.349	0.230
120105-07-AL	63.182	111.244	2.867	0.692	9.870	0.157
120105-07-AU	79.164	137.686	3.278	0.750	13.463	0.170
120105-08-AL	77.682	134.938	3.211	0.738	10.330	0.133
120105-08-AU	81.128	145.610	3.573	0.813	21.867	0.270
120105-09-AL	50.816	91.046	2.379	0.606	5.063	0.100
120105-09-AU	79.152	141.558	3.274	0.749	14.316	0.181
120105-10-AL	106.100	216.310	3.607	0.773	16.753	0.158
120105-10-AU	123.396	219.698	4.111	0.854	34.788	0.282
120105-11-AL	47.932	78.378	1.768	0.457	2.392	0.050
120105-11-AU	64.438	121.670	3.024	0.726	10.726	0.167
120105-14-AL	49.418	94.872	2.646	0.679	8.706	0.177
120105-14-AU	58.872	110.446	2.627	0.645	6.562	0.112
120106-01-AU	91.750	156.918	3.553	0.786	18.772	0.205
120106-02-AU	71.192	99.798	3.490	0.818	21.900	0.308
120106-03-AL	17.902	46.174	1.467	0.512	3.183	0.182
120106-03-AU	32.312	49.480	1.689	0.487	3.175	0.099
120106-04-AU	35.504	96.032	0.979	0.274	1.582	0.045
120106-05-AL	86.074	151.840	3.492	0.784	17.761	0.207
120106-05-AU	40.062	77.412	1.614	0.438	2.254	0.057
120106-06-AL	28.500	45.652	1.953	0.584	4.282	0.151
120106-06-AU	31.972	60.808	1.968	0.569	4.515	0.142
120106-07-AL	39.164	60.592	2.373	0.648	6.815	0.175
120106-07-AU	37.608	92.528	1.751	0.483	3.282	0.088
120106-12-AU	68.522	112.430	3.133	0.741	12.285	0.180
120106-13-AL	46.872	81.318	2.437	0.634	5.842	0.125
120106-13-AU	44.818	95.442	2.289	0.603	4.312	0.097
120106-14-AL	46.306	81.936	2.020	0.527	3.006	0.065
120106-14-AU	79.100	157.272	2.938	0.673	6.926	0.088
120108-01-AL	48.844	101.574	2.642	0.680	9.548	0.196
120108-01-AU	30.888	61.078	1.412	0.412	2.264	0.074
120108-02-AL	84.498	141.754	3.486	0.786	18.365	0.218
120108-02-AU	74.132	133.670	3.021	0.702	8.209	0.111
120108-03-AL	96.836	163.338	3.614	0.791	15.535	0.161
120108-03-AU	101.988	182.680	3.631	0.785	19.428	0.191
120108-05-AL	44.326	81.432	2.336	0.617	5.413	0.123
120108-05-AU	53.490	120.608	2.337	0.588	4.836	0.091
120108-06-AL	49.262	97.238	2.204	0.566	3.843	0.078
120108-06-AU	41.928	81.780	2.090	0.560	3.698	0.089
120108-07-AL	59.278	89.174	3.111	0.762	13.598	0.230
120108-07-AU	60.650	113.668	2.906	0.708	9.969	0.165
120108-08-AL	64.442	108.414	3.190	0.766	13.389	0.208
120108-08-AU	65.656	104.894	2.716	0.649	5.824	0.089

Table 7. Diversity indices of 500 reads in each sample (continued)

Count	OTU	Chao1	Shannon	Shannon Evenness	Simpson	Simpson Evenness
120108-09-AL	38.388	65.842	2.226	0.611	4.713	0.124
LGP2011-PP1-0-2cm	86.844	170.704	3.424	0.767	14.362	0.166
LGP2011-PP1-2-6cm	59.956	112.722	2.606	0.637	5.645	0.095
LGP2011-PP10-0-3cm	60.666	100.908	3.167	0.772	14.030	0.232
LGP2011-PP10-10-20cm	50.698	83.468	2.659	0.678	7.935	0.157
LGP2011-PP10-3-8cm	43.164	88.072	1.902	0.506	3.114	0.072
LGP2011-PP11-0-2cm	76.820	149.278	3.235	0.745	13.987	0.182
LGP2011-PP11-10-20cm	36.644	44.896	1.586	0.441	2.151	0.059
LGP2011-PP11-2-6cm	43.580	66.932	2.287	0.606	5.669	0.130
LGP2011-PP12-0-2cm	50.458	87.426	2.389	0.610	5.680	0.113
LGP2011-PP12-10-20cm	54.582	93.022	2.657	0.665	6.344	0.117
LGP2011-PP12-2-8cm	57.854	80.752	2.870	0.708	7.498	0.130
LGP2011-PP13-0-2cm	70.546	145.512	2.648	0.623	5.830	0.083
LGP2011-PP13-10-20cm	40.294	59.516	2.003	0.542	3.219	0.080
LGP2011-PP14-0-2cm	57.296	94.602	2.234	0.552	3.640	0.064
LGP2011-PP14-10-20cm	55.408	124.060	1.928	0.481	2.780	0.050
LGP2011-PP14-2-8cm	40.936	75.600	1.631	0.440	2.233	0.055
LGP2011-PP15-0-2cm	54.508	100.620	2.624	0.657	6.070	0.112
LGP2011-PP15-2-8cm	60.176	98.944	2.534	0.619	4.790	0.080
LGP2011-PP16-0-2cm	68.706	142.162	2.665	0.630	6.231	0.091
LGP2011-PP16-10-20cm	31.120	48.858	1.660	0.483	2.431	0.079
LGP2011-PP16-2-8cm	55.884	90.306	2.510	0.624	5.147	0.092
LGP2011-PP16-20-30cm	17.254	31.290	0.879	0.310	1.606	0.095
LGP2011-PP17-0-2cm	51.724	86.088	2.379	0.603	5.742	0.111
LGP2011-PP17-10-20cm	39.728	66.306	2.366	0.643	5.792	0.146
LGP2011-PP17-2-8cm	49.154	67.088	2.895	0.744	11.297	0.230
LGP2011-PP18-10-20cm	126.800	313.778	3.878	0.801	21.332	0.168
LGP2011-PP19-0-2cm	38.356	73.532	2.309	0.634	6.050	0.159
LGP2011-PP19-2-8cm	27.002	40.106	1.148	0.349	1.922	0.072
LGP2011-PP3-0-11cm	41.316	64.818	1.861	0.500	3.192	0.078
LGP2011-PP4-0-3cm	53.078	88.822	2.577	0.649	5.285	0.100
LGP2011-PP4-10-20cm	47.882	85.984	2.456	0.635	5.343	0.112
LGP2011-PP4-20-30cm	40.670	61.476	2.564	0.693	6.731	0.166
LGP2011-PP5-0-2cm	31.054	50.746	1.521	0.443	2.356	0.076
LGP2011-PP5-10-20cm	22.960	36.110	0.999	0.319	1.647	0.073
LGP2011-PP5-2-8cm	24.612	42.000	1.273	0.398	2.352	0.097
LGP2011-PP6-0-2cm	33.936	74.314	1.443	0.410	2.156	0.064
LGP2011-PP6-2-9cm	16.804	35.064	0.618	0.220	1.284	0.078
LGP2011-PP6-9-30cm	30.506	66.504	1.753	0.514	3.869	0.128
LGP2011-PP7-0-2cm	46.724	98.230	1.682	0.438	2.184	0.047
LGP2011-PP7-10-20cm	48.212	78.338	2.525	0.652	5.566	0.116
LGP2011-PP7-2-8cm	51.754	89.626	2.652	0.672	6.504	0.126
LGP2011-PP8-0-2cm	85.994	163.796	3.465	0.778	18.983	0.221
LGP2011-PP8-2-8cm	59.448	90.702	2.965	0.726	10.028	0.169

Table 7. Diversity indices of 500 reads in each sample (continued)

Count	OTU	Chao1	Shannon	Shannon Evenness	Simpson	Simpson Evenness
TNB110203-01AL	36.604	46.260	2.190	0.609	4.603	0.126
TNB110203-01AU	43.840	64.878	1.868	0.494	2.533	0.058
TNB110203-01CU	26.552	50.476	1.480	0.452	2.726	0.104
TNB110203-02AL	48.022	71.038	2.168	0.560	4.417	0.092
TNB110203-02AU	67.370	107.440	2.037	0.484	2.566	0.038
TNB110203-02BU	91.386	162.856	3.278	0.726	9.682	0.106
TNB110203-02CL	88.104	135.034	3.537	0.790	18.062	0.205
TNB110203-02CU	97.902	164.216	3.512	0.766	15.600	0.160
TNB110203-03AU	67.622	109.634	3.184	0.756	14.276	0.212
TNB110203-03BU	69.614	105.922	3.031	0.714	7.406	0.106
TNB110203-03CU	66.886	87.214	3.359	0.799	17.533	0.262
TNB110205-01AU	65.166	98.702	3.113	0.745	11.610	0.178
TNB110211-03AU	82.534	134.952	3.129	0.709	9.497	0.115
TNB110211-03BU	54.688	88.444	2.517	0.629	6.569	0.120

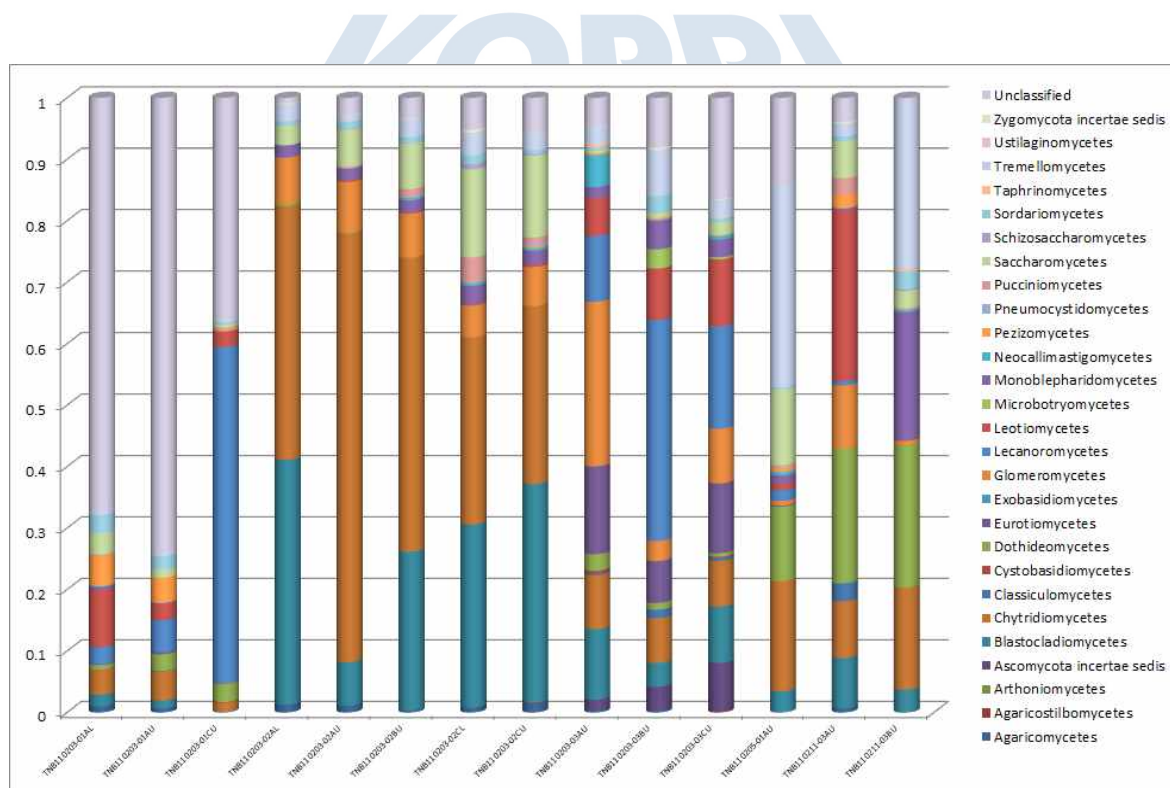


Figure 23. Distribution of Eukaryotes in class level of 2011 TNB samples

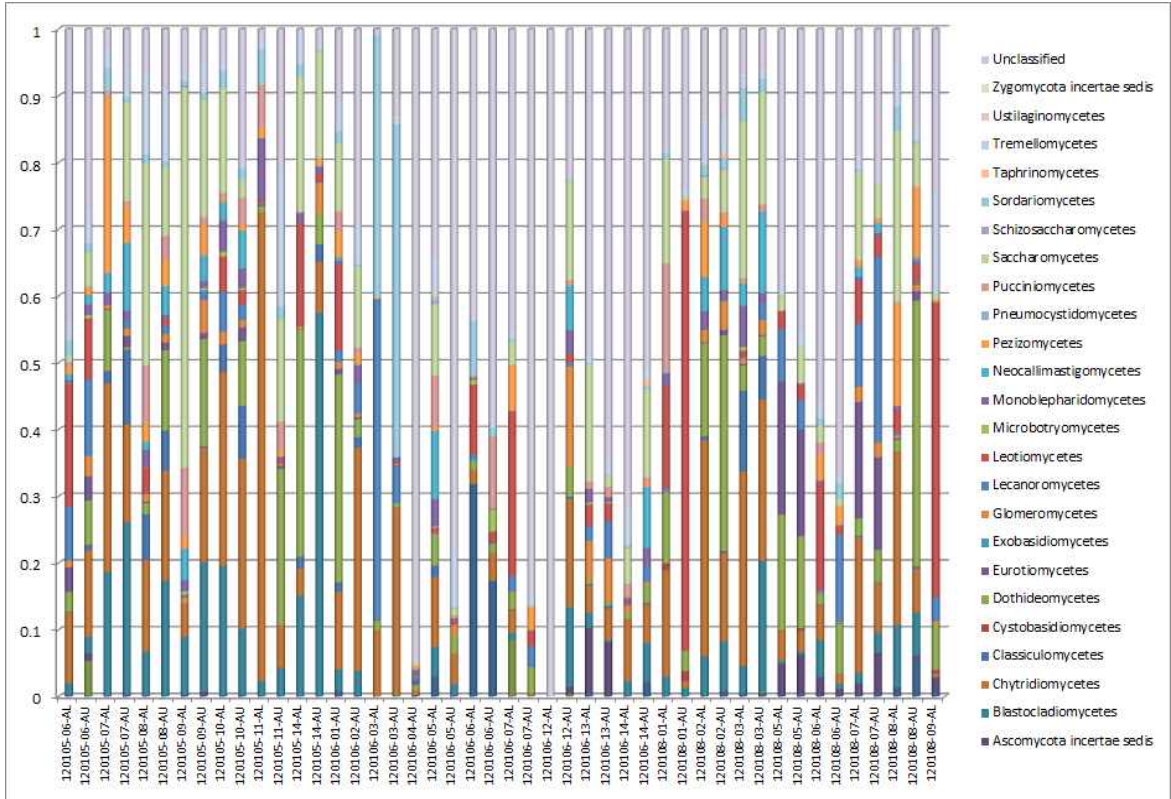


Figure 24. Distribution of Eukaryotes in class level of 2012 TNB samples

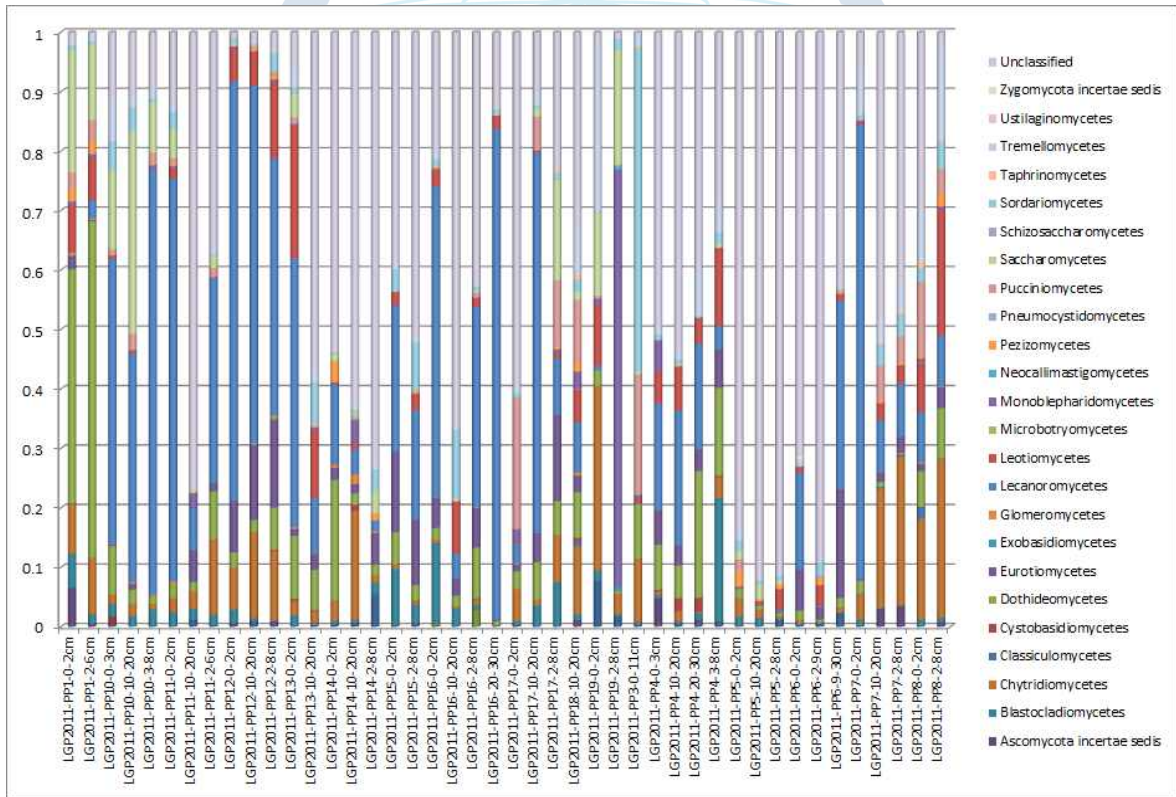


Figure 25. Distribution of Eukaryotes in class level of 2011 LGP samples

4. 결론

연구지역의 기반암은 대부분 화강암과 화강암질 편마암으로 구성되어 있고, 현무암과 섬록암, 화강섬록암, 안산암 등이 소량 전석으로 존재한다. 연구지역의 풍화양상은 화학적 풍화보다는 물리적 풍화가 우세한 특징을 보이며, 이는 추운 기후를 반영하는 것으로 보인다. 연구지역에서는 염풍화에 의한 과립상 분해와 타포니 구조가 특징적으로 관찰되는데 이는 연구지역이 해안가에 위치하기 때문에 강한 바람과 해수로부터 영향을 받았음을 지시한다. 연구지역의 평탄면에서는 원형이나 다각형의 구조토가 관찰되며, 구조토 발달 지역은 용기해안으로 해석된다. 연구지역 토양은 gravel이나 sand와 같은 조립질 입자가 우세한 gravelly muddy sand와 muddy sandy gravel에 해당되며, 이는 기반암인 화강암질 암석의 특성을 반영한다. 연구지역 토양의 TN, TC, TOC, TIC 평균함량은 각각 0.08%, 0.71%, 0.12%, 0.02%로 매우 낮은 함량을 보이며 이는 낮은 유기물 함량을 갖는 조립질 토양의 특성으로 해석된다. 토양의 주원소 조성은 거의 균일한 값을 보이며 주원소 조성 역시 대부분 기반암의 조성을 반영하는 것으로 해석되지만 일부 원소들은 기반암과 다른 암상을 갖는 전석으로부터 영향을 받은 것으로 보인다.

미생물 군집분석 결과 시료채취 지역이 미소한 지역임에도 불구하고 각 시료마다 다양성 및 군집구조, 우점종은 매우 다르게 나타나는 것을 확인하였다. 또한 세균군집과 토양의 물리 화학적 특성간의 상관관계를 통하여 세균의 서식지 특성이 있음을 관찰하였다. 이러한 결과는 기후변화에 따른 생태계 변화예측에 귀중한 기초 자료를 제공하였다. 또한 기후변화에 의한 킥조지섬 생태계 변화 예측 기반 구축과 연계하여 비교 연구 자료로 활용 할 수 있다. 또한 장보고 과학기지 환경모니터링과 연계하여 기지 건설전의 상태를 나타내는 초기값으로 활용하여, 기후변화와 인간활동에 의한 생물다양성 변화 및 생태계 반응에 대한 중요한 연구 자료로 제공되어 질 수 있다.

제 2절 이탈리아와의 공동연구를 통한 위도구배에 따른 빅토리아랜드 토양미생물 다양성 연구

상대국- Dr. Nicoletta Cannone, Insubria University

요약: 위도구배에 따른 생물다양성은 추운 곳에서 따뜻한 곳으로 갈수록 종의 수가 증가한다고 알려져 있다. 본 연구는 위도구배에 따른 지점의 토양에 서식하는 미생물의 군집 구조 및 다양성을 연구하고, 기후 변화에 대한 반응을 관찰하고자 하였다. 위도구배에 따른 7개 지점에서 총 53개의 토양에 대하여 미생물 군집 구조 분석을 실시하였고, 그 결과 토양 시료에 따른 군집 구조의 차이와 미생물이 다양하게 존재함을 확인하였다. Pyrosequencing 분석 방법을 통해 총 141,713 reads를 얻었고, 이는 6,539개의 OTUs로 분류되었다. 박테리아의 주요 그룹으로 *Actinobacteria* (38.9%), *Acidobacteria* (12.1%)와 *Chloroflexi* (10.7%)의 순위로 우점 하였으며, *Proteobacteria* (10%) 중에서는 *Alphaproteobacteria*가 가장 우점하는 것이 확인 되었다. 토양시료의 지점 및 깊이에 따라 미생물의 구조가 다양하게 변화하였고, 특정 세균의 빈도가 높게 나타났다. 이러한 연구 결과는 위도구배에 따른 토양의 환경 및 미생물 연구에 중요한 기초 자료로 제공될 뿐 아니라 추후에 이루어질 심화 연구에 기여 할 수 있다.

1. 서론

Latitudinal Gradient Project (LGP)는 2002-2003년에 시작 된 프로젝트로 빅토리아랜드에서 위도구배 차이에 따라 동토층, 토양, 식생이 기후변화에 어떤 영향을 받는지 평가하기 위한 모니터링 네트워크이다. 위도구배 차이에 의한 서로 다른 환경요소들은 다양한 서식지와 이에 따르는 다양한 생물 종을 만들어 낸다. 극지역에서 적도지역으로 갈수록 서식지의 온도는 점차 올라가면서 생물 다양성도 점차 증가한다는 것은 많이 알려져 있다. 본 연구 지역은 환경요소와 미생물의 상호관계에 대한 연구를 하기에 적절하다. 또한, 기후변화에 의한 미생물의 다양성 변화에 대한 관찰을 할 수 있고, 이러한 결과들을 비교 분석함으로써 앞으로의 변화 양상을 예측하는데 좋은 바탕이 될 수 있다. 하지만, 위도구배에 따른 광범위한 샘플 채집이 어렵기 때문에 일부 종에 대해서 연구들이 이루어졌을 뿐, 미생물 분석 자료가 아직 많이 부족한 실정이다. 본 연구에서는 위도구배 차이에 따른 몇 지점을 선정하여 채집한 토양에 대하여 파이로시퀀싱 분석을 적용하였고, 토양 미생물의 군집구조 등을 대용량 데이터 분석을 통해 얻고자 하였다. 토양 미생물 데이터들은 추후에 진행 될 위도에 따른 지역 연구에 기초적인 자료를 제공하는 중요한 역할을 하게 될 것이다.

2. 재료 및 방법

가. Study area and sample collection

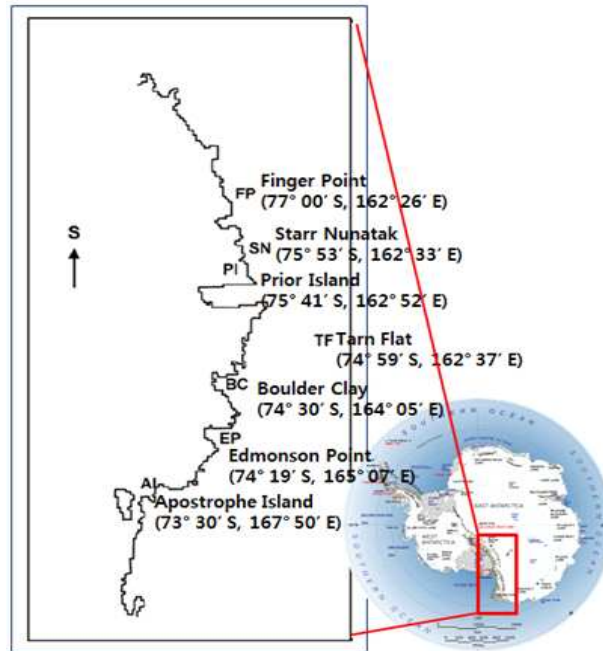


Figure 26. LGP soil sampling sites in 2010

토양 샘플채취는 2010년 11월에 진행하였고, 남극 빅토리아랜드의 위도구배 (LGP)에 따라 7개 지점에서 총 17개의 샘플링 지점을 선정하고, 각 지점에서 깊이에 따라 총 53개의 토양을 채취하였다 (Fig. 26). 모든 샘플링 지역은 얼음이 없고, 대부분이 빙하 경계선에 매우 가깝게 위치하였다. 샘플링 지점의 기본 특성과 수분함량 등 이화학 분석 데이터는 이탈리아팀의 이전 연구 결과를 바탕으로 나타냈고, 본 연구의 시료에 대한 분석은 이탈리아팀에서 진행 중에 있다 (Tables 8 and 9).

나. Genomic DNA 추출 및 미생물 유전자 염기서열 분석

약 0.3g의 토양을 가지고, MP FastDNA® SPINKIT (MP Biomedicals., United States)을 이용하여 토양 내 존재하는 미생물의 DNA를 추출하였다. 총 53개 샘플에서 추출한 각 DNA는 1% agarose gel에서 전기영동을 통해 확인하였고, 각 샘플의 DNA 농도는 florescence로 측정하였다.

추출한 토양 미생물의 DNA는 원핵생물(세균) 검출을 위하여 PCR 수행에 사용하였다. 16S rRNA gene의 검출조건의 적합성을 확인하기 위하여 test-PCR을 먼저 수행하였다. Test-PCR의 시약 조건은 DNA template에 AmpONE™ Taq DNA polymerase (1.5 units), 10X buffer (MgCl₂ 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 CCG CKG CTG-3')를 첨가하여 총량을 50 μ l가 되게 하였다. PCR 반응 조건은 Fig. 27과 같으며, 94 $^{\circ}$ C에서 5분간 초기 denaturation 후, 94 $^{\circ}$ C에서 1분간 denaturation, 50 $^{\circ}$ C에서 1분간 annealing, 72 $^{\circ}$ C에서 1분 30초 간 extension반응하였다. 이러한 denaturation-annealing-extension 반응을 총 25회 반복하였다.

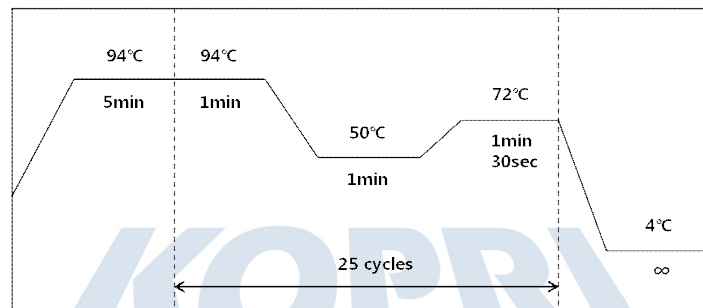


Figure 27. Test-PCR condition for bacterial 16S rRNA gene amplification

Test-PCR 결과를 1% agarose gel에서 전기영동을 수행한 결과 53개의 샘플 모두에서 약 500bp의 위치에 뚜렷한 band가 있는 것이 확인되었다. 위의 수행 하였던 PCR 시약 조건과 반응 조건이 적절한 것으로 확인 되어 다음 단계를 수행하였다.

다. 파이로시퀀싱 분석

파이로시퀀싱 분석을 위하여 test-PCR에서 양성 반응을 보인 53개의 샘플에 대해서도 다른 barcode가 붙은 bacteria primer set (27F/519R)를 이용하여 PCR을 수행하였다. 각 샘플마다 3 반복으로 PCR 반응을 수행하였다. PCR 시약 조건과 반응 조건은 Test PCR과 동일하게 진행하였다.

PCR반응 결과를 1% agarose gel에서 전기영동을 수행한 결과 총 53개의 샘플에서 PCR 양성반응을 확인하였다. 반응 후, 반응물에 포함 된 잔여물들을 제거 하고, 반응물의 순수도를 높이기 위해 PCR 양성반응의 산물을 같은 샘플끼리 pooling 후, 정제 (purification) 하였다. Pyrosequencing 수행에 사용 할 정제한 샘플들을 pooling 후, Roche 454-Titanium을 사용하여 분석하였다.

3. 결과 및 토의

가. 파이로시퀀싱 데이터 분석결과

NGS 염기서열 분석 방법을 사용하여 각 시료로부터 획득된 시퀀스의 정보는 아래의 Table 10과 같다. 53개의 토양 샘플에 대하여 총 150,048개의 pyrosequencing read가 획득되었으며, quality check을 통하여 얻은 141,713개의 시퀀스를 custom 프로그램을 이용하여 클러스터링을 수행하였다. 각 cluster 별 대표 시퀀스는 EzTaxon-e database를 이용하여 taxonomy 분석을 수행하였다. 그 결과 총 6,539개의 operational taxonomic units (OTUs)이 얻어졌으며, phylum 수준에서 39개의 phyla가 선별되었다 (Fig. 28). 전체적으로 *Actinobacteria* (38.9%)와 *Acidobacteria* (12.1%)가 가장 우점하였으며, *Chloroflexi* (10.7%)와 *Proteobacteria* (10%)가 뒤를 이었다. 이들은 전형적인 토양 환경에서 우점하는 phylum이며, 이들의 우점도는 각 지역에서 차이가 보였다. *Proteobacteria* 중에서는 *Alphaproteobacteria*가 가장 우점하였고, 특정 시료에서는 *Bacteroidetes*, *Cyanobacteria*, *Chloroflexi*가 우점하는 것을 알 수 있었다. 이러한 토양 세균의 우점도, 군집구조 등의 차이는 샘플링 지점에 대한 서로 다른 환경생태계 조건을 가지고 있는 가능성을 보였다.

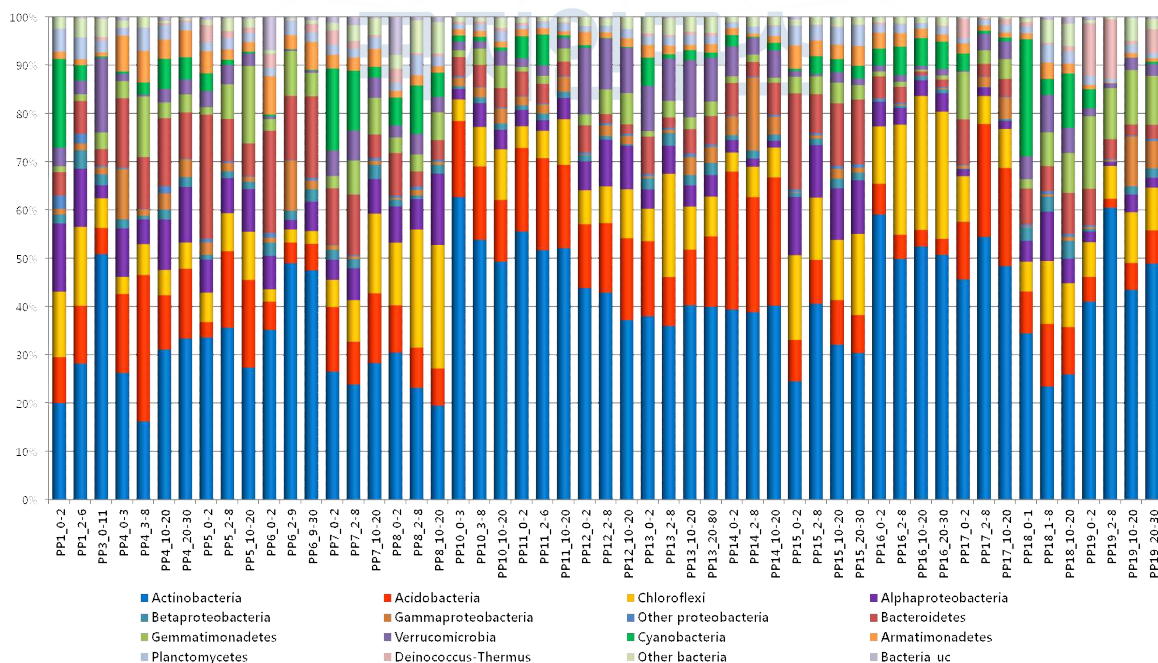


Figure 28. Bacterial community pattern in phylum level

Table 10. Pyrosequencing library results

Sample	Total reads	Bacteria	Eukarya	Chimera	Unmatched	OTUs	Coverage
PP1_0-2	1699	1591	45	63	0	567	0.78
PP1_2-6	2182	2125	28	29	0	704	0.80
PP3_0-11	2685	2675	0	6	4	388	0.93
PP4_0-3	2594	2298	287	7	2	277	0.95
PP4_3-8	3061	2938	108	8	7	171	0.98
PP4_10-20	2702	2526	169	0	7	397	0.93
PP4_20-30	1915	1418	483	11	3	273	0.90
PP5_0-2	3224	2997	207	5	15	472	0.93
PP5_2-8	2519	2448	52	15	4	409	0.92
PP5_10-20	2761	2702	44	13	2	428	0.93
PP6_0-2	2562	1520	1025	6	11	335	0.90
PP6_2-9	2615	2455	149	2	9	184	0.97
PP6_9-30	2669	1645	991	33	0	341	0.90
PP7_0-2	3318	3171	114	29	4	608	0.91
PP7_2-8	2869	2721	99	48	1	545	0.90
PP7_10-20	2856	2816	20	20	0	662	0.88
PP8_0-2	2464	2044	359	56	5	500	0.88
PP8_2-8	3614	3543	55	9	7	559	0.93
PP8_10-20	4269	4127	136	1	5	575	0.94
PP10_0-3	2400	2374	16	9	1	396	0.91
PP10_3-8	2434	2395	5	34	0	423	0.91
PP10_10-20	2628	2606	5	15	2	479	0.90
PP11_0-2	2717	2641	12	62	2	458	0.90
PP11_2-6	2706	2655	12	39	0	444	0.91
PP11_10-20	1835	1796	4	35	0	369	0.89
PP12_0-2	3233	3179	42	2	10	556	0.91
PP12_2-8	1930	1890	3	36	1	395	0.88
PP12_10-20	2423	2398	10	11	4	457	0.91
PP13_0-2	2528	2368	114	45	1	670	0.83
PP13_2-8	1910	1890	8	11	1	506	0.86
PP13_10-20	2736	2636	79	18	3	703	0.85
PP13_20-80	2364	2266	75	23	0	647	0.84
PP14_0-2	3463	3430	5	25	3	477	0.93
PP14_2-8	2527	2516	3	7	1	376	0.92
PP14_10-20	2513	2500	2	7	4	463	0.90
PP15_0-2	2907	2332	559	3	13	372	0.93
PP15_2-8	3709	3595	99	14	1	494	0.95
PP15_10-20	3833	3239	574	18	2	602	0.92
PP15_20-30	3772	3471	293	7	1	549	0.93
PP16_0-2	2872	2550	292	23	7	353	0.93
PP16_2-8	2228	2181	42	1	4	284	0.94
PP16_10-20	3204	3125	69	9	1	281	0.96
PP16_20-30	3842	3675	164	2	1	366	0.96
PP17_0-2	2980	2921	10	40	9	262	0.96
PP17_2-8	3140	3112	0	27	1	381	0.94
PP17_10-20	3429	3400	15	7	7	393	0.95
PP18_0-1	2570	2360	154	55	1	434	0.90
PP18_1-8	2949	2899	42	3	5	578	0.90
PP18_10-20	3590	3520	58	4	8	711	0.90
PP19_0-2	2693	2669	12	12	0	338	0.95
PP19_2-8	2893	2874	0	16	3	186	0.97
PP19_10-20	2998	2988	8	1	1	367	0.96
PP19_20-30	3514	3502	7	4	1	488	0.94
Total	150048	141713	7164	986	185		
AVG	2831.09	2673.83	135.17	18.60	3.49	446.28	0.91
MAX	4269	4127	1025	63	15	711.00	0.98
MIN	1699	1418	0	0	0	171.00	0.78

나. 토양 미생물의 유사도 분석결과

선별된 taxonomy를 대상으로 하여 Primer 6 프로그램에서 clustering과 MDS (다차원분석)로 시료 간 군집의 유사도를 분석하였으며, 그 결과 phylum 수준에서 75% 유사도를 기준으로 총 10개의 그룹으로 형성하였다 (Fig. 29).

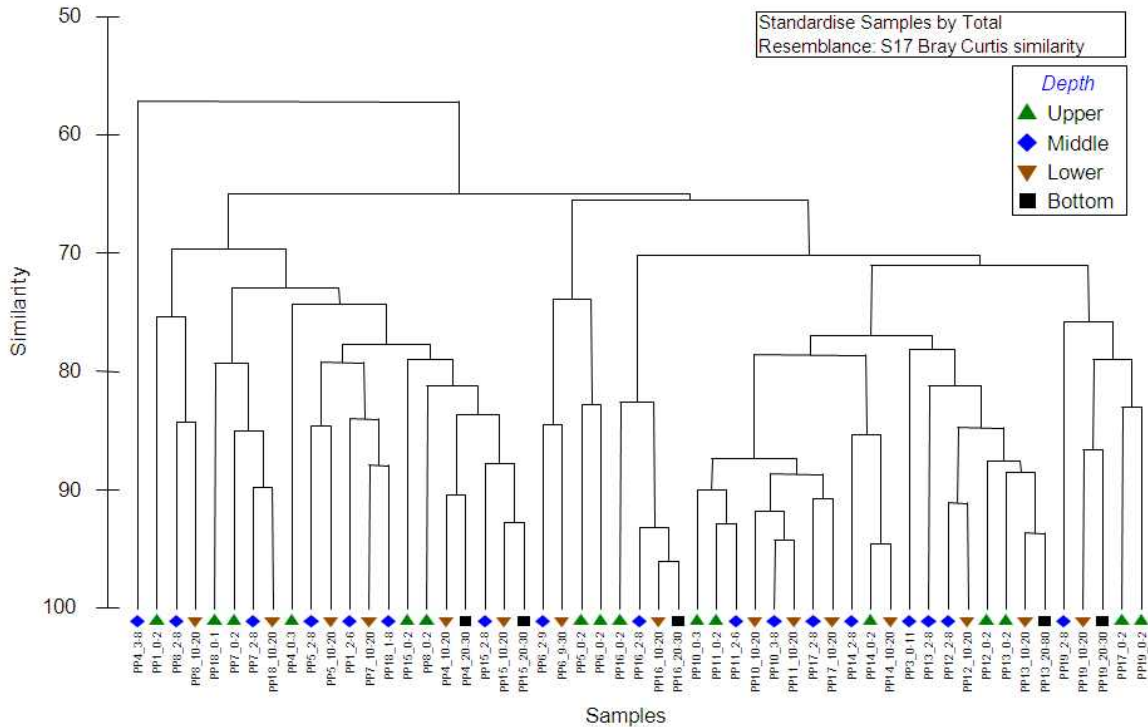


Figure 29. Clustering analysis of bacterial community in phylum level

빅토리아랜드의 위도구배에 따른 토양시료의 세균 군집을 phylum 수준에서 다차원 분석을 한 결과, 유사도 70%에서 분류군의 군집이 형성되었다 (Fig. 30). 가장 우점도가 높았던 3개의 phylum을 대상으로 빈도차이를 보았을 때, *Actinobacteria*는 토양시료의 전반적인 지점에 골고루 높은 빈도로 나타남을 알 수 있었다. *Acidobacteria*와 *Chloroflexi*의 경우, 서로 다른 특정 토양시료에서 각각 높은 빈도로 나타나는 것이 확인되었다.

또한, 이차원 분석을 통해 OTU 수준에서 세균 분류군의 빈도를 비교 하였다 (Fig. 31). 가장 높은 빈도를 보인 OTU-3과 OTU-1이 *Actinobacteria* 분류군에 속하는 것이 분석되었고, OTU-3에 가장 높은 반응을 보인 시료는 PP10과 PP16 지점의 시료인 것으로 나타났다.

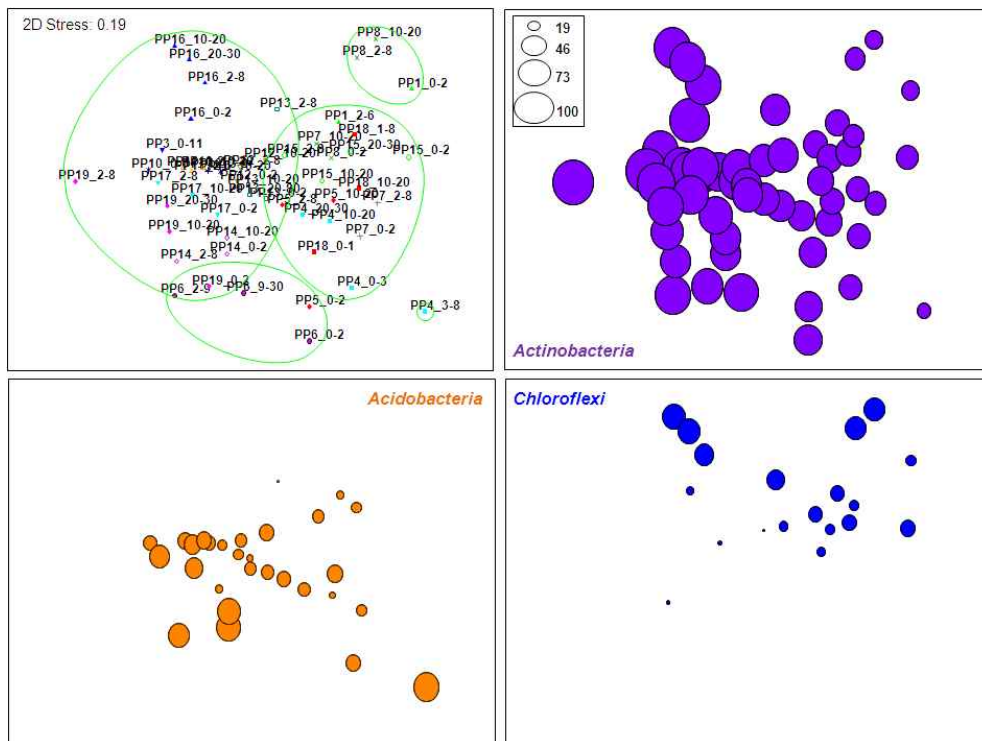


Figure 30. Multi-dimensional analysis in phylum level and the predominant three bacteria (*Actinobacteria*, *Acidobacteria*, *Chloroflexi*)



Figure 31. Heat map of OTU level in LGP soil

다. 미생물 다양성 분석결과

위도구배에 따른 토양시료의 세균 (16S rRNA gene)을 97% 염기서열 유사도 기준으로 다양성을 분석하였다. 또한, pyrosequencing 결과에서 획득 된 read 중 최소의 read 수 (1,418개)를 가진 시료를 기준으로 subsampling을 무작위로 5회 실시하였다. 무작위로 얻은 subsampling 5개 set에서 다양성 지수의 median 값을 구하여 다양성 분석을 수행하였고, 이를 original sample의 다양성 분석과 비교하였다. Subsampling 시행 전과 후 모두 PP1 시료의 2-6 깊이 지점에서의 다양성이 매우 높았으며, 다양성이 가장 낮은 곳으로는 PP4 시료의 3-8 깊이 지점으로 나타났다 (Fig. 32 and Table 11).

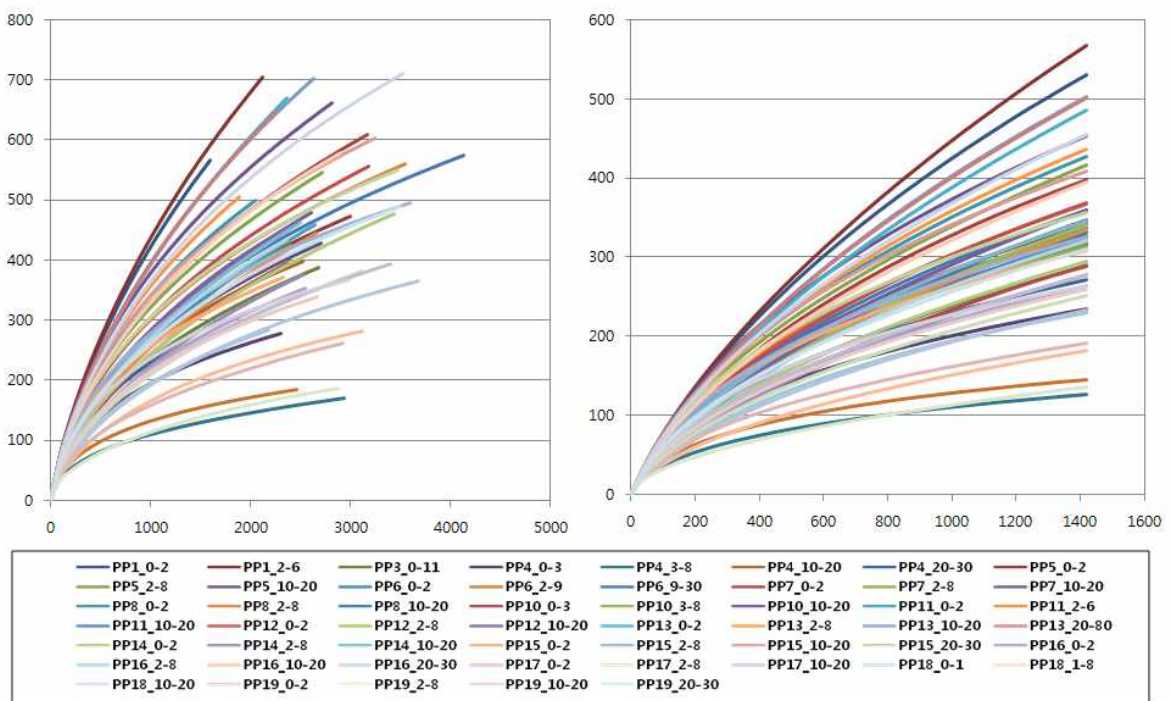


Figure 32. Bacterial diversity via rarefaction curves from original libraries (left) and subsampling (right)

Table 11. Bacterial diversity indices via subsampling

Sample	OTUs	Chao	ACE	Shannon	NpShannon	Simpson	Shannoneven	Simpsonseven	Coverage
PP1_0-2	525	1190.58	1743.28	5.50	5.82	0.01	0.88	0.19	0.77
PP1_2-6	555	1240.49	2127.44	5.63	5.94	0.01	0.89	0.23	0.75
PP3_0-11	285	523.20	706.35	4.15	4.39	0.07	0.73	0.05	0.89
PP4_0-3	232	389.53	486.98	4.47	4.62	0.02	0.82	0.19	0.93
PP4_3-8	132	227.50	220.00	3.53	3.62	0.06	0.72	0.13	0.96
PP4_10-20	310	499.78	617.37	4.95	5.12	0.01	0.86	0.25	0.90
PP4_20-30	272	461.02	580.52	4.76	4.92	0.02	0.85	0.25	0.91
PP5_0-2	343	668.80	867.52	4.88	5.09	0.02	0.83	0.13	0.87
PP5_2-8	322	573.18	762.84	4.90	5.09	0.01	0.85	0.21	0.89
PP5_10-20	322	635.23	818.61	4.64	4.86	0.03	0.81	0.11	0.88
PP6_0-2	327	532.85	635.79	4.91	5.10	0.02	0.85	0.20	0.89
PP6_2-9	151	252.67	268.14	3.83	3.93	0.04	0.76	0.15	0.96
PP6_9-30	326	590.89	702.78	4.97	5.14	0.01	0.86	0.23	0.89
PP7_0-2	402	732.08	1035.92	5.04	5.32	0.02	0.84	0.14	0.85
PP7_2-8	397	801.00	1164.63	5.14	5.37	0.02	0.86	0.17	0.84
PP7_10-20	456	860.23	1235.38	5.51	5.73	0.01	0.90	0.31	0.82
PP8_0-2	421	748.13	1059.97	5.30	5.54	0.01	0.88	0.21	0.84
PP8_2-8	351	640.12	798.90	5.03	5.23	0.01	0.86	0.21	0.88
PP8_10-20	343	659.41	851.29	4.77	5.01	0.03	0.81	0.11	0.87
PP10_0-3	290	553.00	766.23	3.89	4.20	0.11	0.69	0.03	0.88
PP10_3-8	326	597.88	817.54	4.60	4.84	0.04	0.80	0.08	0.88
PP10_10-20	351	838.27	1078.17	4.82	5.05	0.02	0.82	0.13	0.85
PP11_0-2	330	688.95	1181.91	4.27	4.58	0.06	0.74	0.05	0.86
PP11_2-6	319	693.00	1055.47	4.46	4.72	0.04	0.77	0.08	0.87
PP11_10-20	325	660.13	1048.16	4.75	4.96	0.02	0.82	0.17	0.87
PP12_0-2	363	708.70	887.48	5.05	5.25	0.01	0.86	0.22	0.86
PP12_2-8	343	722.20	1283.12	4.74	4.99	0.02	0.81	0.14	0.86
PP12_10-20	347	686.16	1075.92	4.73	5.00	0.02	0.81	0.13	0.86
PP13_0-2	501	1187.06	1894.20	5.34	5.65	0.02	0.86	0.13	0.78
PP13_2-8	436	814.44	1094.96	5.29	5.56	0.01	0.87	0.22	0.83
PP13_10-20	497	1076.20	1651.79	5.33	5.67	0.02	0.86	0.12	0.78
PP_20-80	487	1024.49	1544.89	5.43	5.72	0.01	0.87	0.18	0.79
PP14_0-2	297	630.94	903.76	4.50	4.72	0.03	0.79	0.11	0.88
PP14_2-8	278	592.15	798.89	4.16	4.42	0.05	0.74	0.08	0.89
PP14_10-20	340	649.78	1028.69	4.76	5.00	0.02	0.82	0.14	0.86
PP15_0-2	311	566.03	620.83	5.03	5.18	0.01	0.88	0.30	0.90
PP15_2-8	334	554.31	686.66	4.98	5.16	0.01	0.86	0.21	0.89
PP15_10-20	404	695.58	897.03	5.40	5.60	0.01	0.90	0.35	0.86
PP15_20-30	360	649.02	858.23	5.17	5.36	0.01	0.88	0.28	0.87
PP16_0-2	259	464.00	587.99	3.58	3.84	0.17	0.64	0.02	0.91
PP16_2-8	227	376.24	370.22	3.58	3.81	0.14	0.66	0.03	0.92
PP16_10-20	195	330.55	456.46	3.38	3.60	0.14	0.64	0.04	0.93
PP16_20-30	233	413.76	575.60	3.66	3.90	0.11	0.67	0.04	0.91
PP17_0-2	184	300.91	412.19	3.91	4.05	0.06	0.74	0.09	0.94
PP17_2-8	248	503.03	702.83	4.05	4.25	0.06	0.74	0.07	0.90
PP17_10-20	260	508.09	667.29	4.37	4.55	0.03	0.79	0.11	0.90
PP18_0-1	321	638.62	870.34	4.34	4.62	0.06	0.75	0.05	0.87
PP18_1-8	394	793.24	1114.33	5.12	5.35	0.01	0.86	0.20	0.84
PP18_10-20	443	823.08	1185.70	5.25	5.54	0.01	0.86	0.17	0.83
PP19_0-2	252	470.60	549.07	4.36	4.54	0.03	0.79	0.13	0.91
PP19_2-8	135	242.64	370.02	3.25	3.39	0.09	0.66	0.09	0.95
PP19_10-20	272	409.57	483.24	4.70	4.87	0.02	0.84	0.18	0.92
PP19_20-30	310	549.06	802.60	4.65	4.86	0.03	0.81	0.09	0.88
AVG	329.13	634.69	886.90	4.66	4.88	0.04	0.81	0.15	0.87
MAX	555	1240.49	2127.44	5.63	5.94	0.17	0.90	0.35	0.96
MIN	132	227.50	220.00	3.25	3.39	0.01	0.64	0.02	0.75

4. 결론

본 연구에서는 위도구배에 따른 대표 지점을 선정하고, 선정된 지점의 토양에 대하여 미생물 군집 및 다양성 연구를 수행하였다. 우점도의 차이는 있지만, 전체적으로 다양한 서로 다른 미생물이 존재함을 확인하였다. 특정 지점에서 우점하는 미생물들을 확인함으로써 특정 지점의 토양에 특이적인 반응을 보일 수 있음을 관찰하였다. 이러한 연구 결과들은 위도 구배에 따른 토양의 환경 및 미생물 연구에 중요한 연구 자료로 제공되어 질 수 있다.



제 3절 미국과의 공동연구를 통한 드라이 벨리의 생태 장기 관측 프로그램 (Long-Term Ecological Research, LTER)

상대국- Prof. John Priscu, Montana State University

- 맥머도 드라이벨리 호수의 세균 유전자 다양성 및 군집구조 분석 -

요약: 남극대륙은 극지방 중에서도 가장 낮은 온도, 높은 자외선 및 심한 건조성 등의 환경 때문에 생물이 살기에 지구상에서 가장 극한 서식지 중의 하나로 알려져 있다. 다양한 연구방법이 발전되면서 극지방의 미생물이 점차 밝혀지고 있지만, 대륙에 대한 연구가 아직 미비한 실정이다. 본 연구는 남극대륙의 호수에 서식하는 미생물의 군집 구조 및 다양성을 연구함으로써 환경 조건의 차이에 따른 군집 구조의 변화를 관찰하고자 하였다. 맥머도 드라이 벨리의 영구적으로 얼음이 덮여있는 5개의 서로 다른 호수에 대하여 미생물 군집 구조 분석을 실시하였으며, 이를 통해 다양한 종의 미생물이 존재함을 확인할 수 있었다. Pyrosequencing 분석 방법을 통해 총 233,661 reads를 얻었고, 이는 2,339개의 OTUs로 분류되었다. 박테리아의 주요 그룹은 *Bacteroidetes* (29.8%), *Actinobacteria* (26.7%)가 가장 우점하였으며, *Proteobacteria* (16.7%) 그룹에서 *Gammaproteobacteria*가 우점하는 양상을 보였다. 또한, 호수에 따라 그리고 호수 깊이에 따라 우점하는 미생물 구조가 다양하게 변화하였다. 특정 시료에 대하여 candidate JS1 과 candidate WM88이 우점하는 등 지점 특이성도 매우 높게 나타났다. 이러한 연구 결과는 남극대륙의 호수 환경 및 미생물 연구에 중요한 기초 자료로 제공 될 수 있고, 추후에 이루어질 심화적인 연구에 기여할 수 있다.

1. 서론

남극대륙의 맥머도 드라이벨리는 최저 영하 80도까지 내려가는 매우 낮은 온도를 유지하며, 몇 달간의 지속적인 어둠, 건조 및 높은 자외선 등 극한의 환경을 가지고 있다. 드라이벨리의 호수들은 약 3-4m의 얼음이 영구적으로 덮여있어 외부의 유입을 막아주기 때문에 호수들이 매우 안정되어 있다. 테일러 (Taylor)벨리에는, 완전한 담수에서부터 고염의 호수까지 다양한 생태계를 가진 5개의 호수 (Fryxell, Hoare, East lobe Bonney 그리고 West lobe Bonney)가 있다. 이들 호수들의 유일한 유입원은 주변의 녹는 빙하들이다. 또한, 표층수의 흐름이 없고, 저영양으로 인해 매우 단순한 먹이사슬을 가지고 있다.

기존의 배양방법을 통해서만 배양이 가능한 몇 개의 종 밖에 확인 할 수 없어, 이

러한 환경에서의 생물상을 이해하는데 어려움이 많았었지만, 분자적인 방법이 발전함에 따라 극지방에서의 미생물 다양성이 점점 발견되고 있다. 하지만, 남극 대륙은 극한 환경으로 접근이 어렵고, 보호 구역으로 인한 제한이 많아 연구 자료가 매우 부족하다. 최근 드라이밸리 내 환경을 모니터링 함으로 생태계를 이해하고자 하는 연구도 보고되고 있지만, 호수 환경 역시 아직 일부 지점에 대한 연구만 실시되었다.

본 연구에서는 남극 맥머도 드라이밸리의 호수에 대하여 미생물의 군집 구조 및 다양성을 분석하고자 하였다. 주요 호수 중 5개의 호수에서 호수 간 분석을 수행하고, 호수 내에서도 깊이에 따라 비교 분석을 실시하였다. 이를 통해 다른 유입되는 요소 없이 안정된 남극 수 생태계를 이해하고, 미생물 군집 및 다양성이 어떤 환경 요소와 영향을 주고받는지에 대해 연구하고자 하였다.

2. 재료 및 방법

가. 연구 지역과 시료 확보



Figure 33. Location of study sites and sampling (2012)

담수 샘플채취는 남극 빅토리아랜드의 맥머도 드라이밸리 (MCM) 내에 있는 5개의 호수 (Fryxell, Hoare, East Bonney, West Bonney, Miers)에서 이루어졌다 (Fig. 33 and Table 12). 샘플은 한 호수에서 깊이에 따라 4개 (Fryxell, Hoare, Miers) 또는 5개 (East and West Bonney)의 지점에서 물 시료를 채취하였고, 두 차례 (11월과 12월)에 걸쳐 샘플링을 실시하였다. 채취 한 시료는 3 µm와 0.2 µm 두 번의 여과 과정을 거쳐 총 80개의 샘플여과지를 확보하였다.

각 호수의 샘플 채취 지점의 수온, 염분도 등 이화학적 특성의 수직 분포는 Fig. 34와 같다. 데이터는 2010년 12월에 측정하였으며, John Priscu 교수팀에서 제공하였고, 2012년에 실시 한 공동탐사 이화학 특성분석은 현재 미국 팀에서 진행 중 이다.

Table 12. Sampling dates of lakes in Dry Valleys (2012)

Sites	Depth (m)	Sampling dates	
		First sampling	Second sampling
Lake Fryxell (FRX)	5	8 th of Nov	5 th of Dec
	7		
	9		
	15		
Lake Miers (MIE)	7	13 th of Nov	12 th of Dec
	9		
	15		
	18		
East Lobe of Lake Bonney (ELB)	5	17 th of Nov	15 th of Dec
	10		
	13		
	20		
West Lobe of Lake Bonney (WLB)	5	20 th of Nov	17 th of Dec
	8		
	14		
	17		
Lake Hoare (HOR)	5	-	8 th of Dec
	8		
	14		
	20		

나. Genomic DNA 추출 및 미생물 유전자 염기서열 분석

각 지점에서 채취한 2L의 담수샘플 중 일정 양 (50ml부터 1L 내 범위)에 해당하는 여과지를 가지고, MP FastDNA® SPINKIT (MP Biomedicals., United States)을 이용하여 담수 내 존재하는 미생물의 DNA를 추출하였다. 총 80개 샘플에서 추출한 각 DNA는 1% agarose gel에서 전기영동을 통해 확인하였고, 각 샘플의 DNA 농도는 fluorescence로 측정하였다.

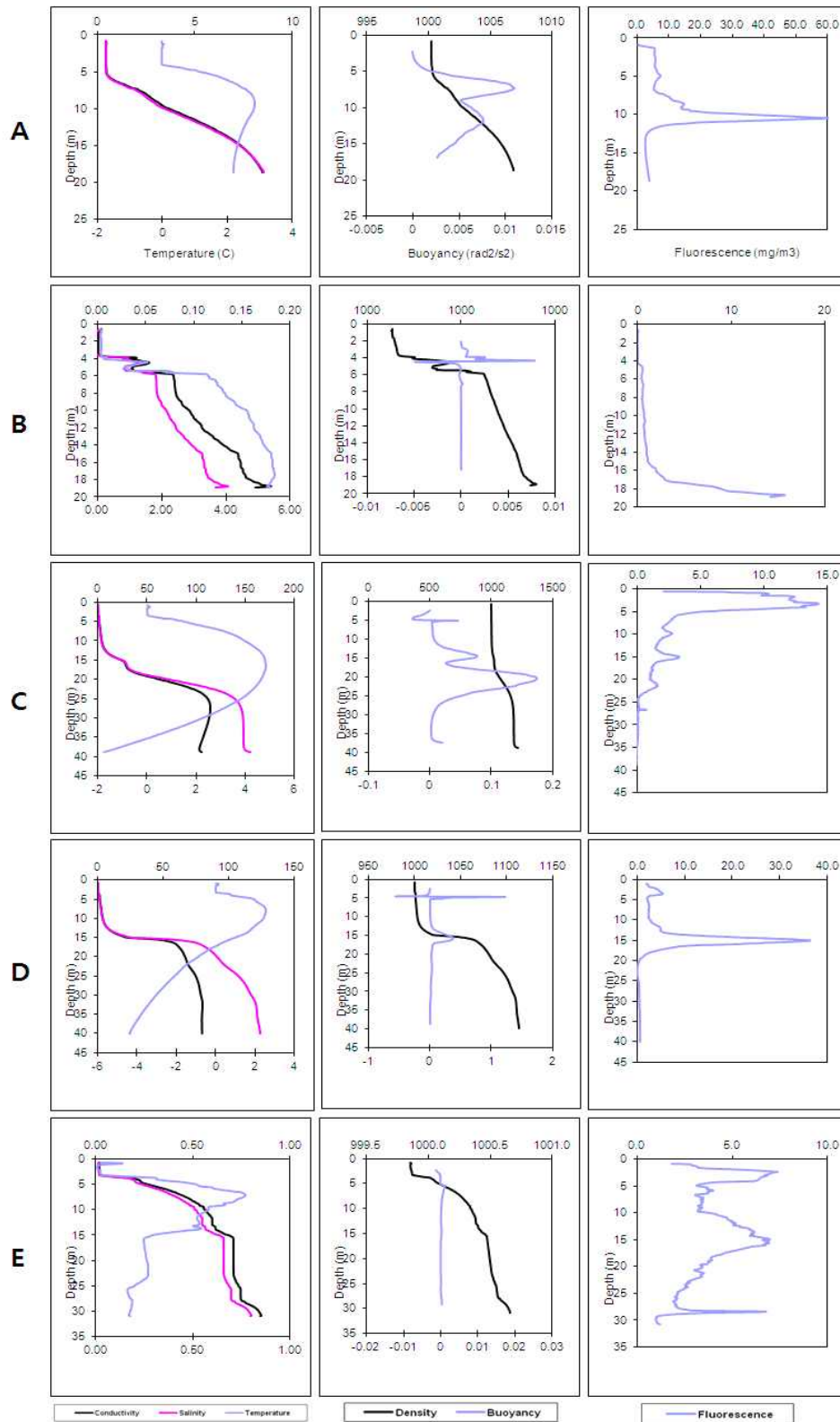


Figure 34. Physical and chemical properties of lakes in Dry valleys. (December in 2010; A: FRX, B: MIE, C: ELB, D: WLB, E: HOR)

추출한 미생물의 DNA는 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), 10X buffer (MgCl₂ 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 μ l가 되게 하였다. PCR 반응 조건은 Fig. 3과 같으며, 94 $^{\circ}$ C에서 5분간 초기 denaturation 후, 94 $^{\circ}$ C에서 1분간 denaturation, 50 $^{\circ}$ C에서 1분간 annealing, 72 $^{\circ}$ C에서 1분 30초 간 extension반응하였다. 이러한 denaturation-annealing-extension 반응을 총 25회 반복하였다.

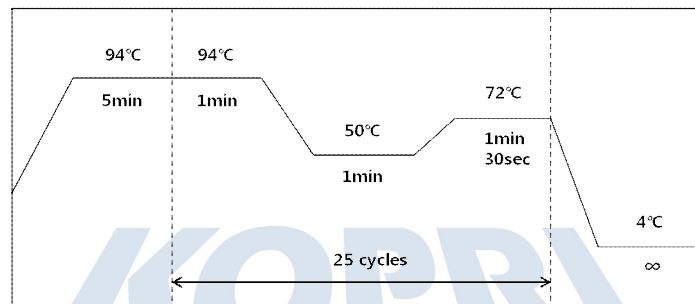


Figure 35. Test-PCR condition for bacterial 16S rRNA gene amplification

Test-PCR 결과를 1% agarose gel에서 전기영동을 수행 한 결과 77개의 샘플에서 약 500bp의 위치에 뚜렷한 band가 있는 것이 확인 되었다. 위의 수행 하였던 PCR 시약 조건과 반응 조건이 적절한 것으로 확인 되어 다음 단계를 수행하였다.

라. 파이로시퀀싱 분석

파이로시퀀싱 분석을 위하여 test-PCR에서 양성 반응을 보인 77개의 샘플 (3 μ m 여과지의 40개 샘플과 0.2 μ m 여과지의 37개 샘플)에 대해 서로 다른 barcode가 붙은 bacteria primer set (27F-519R)를 이용하여 PCR을 수행하였다. 각 샘플마다 3 반복으로 PCR 반응을 수행하였다. PCR 시약 조건은 DNA template에 AmpONE™ Taq DNA polymerase (1.5 또는 3 units), 10X 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 50 μ l가 되게 하였다. PCR 반응 조건은 94 $^{\circ}$ C에서 5분간 초기 denaturation 후, 94 $^{\circ}$ C에서 1분

간 denaturation, 50°C에서 1분간 annealing, 72°C에서 1분 30초 간 extension반응하였다. 이러한 denaturation-annealing-extension 반응을 총 25회 반복하였다 (Fig. 35).

PCR반응 결과를 1% agarose gel에서 전기영동을 수행한 결과 총 77개의 샘플에서 PCR 양성반응을 확인하였다. 반응 후, 반응물에 포함 된 잔여물들을 제거 하고, 반응물의 순수도를 높이기 위해 PCR 양성반응의 산물을 같은 샘플끼리 pooling 후, 정제 (purification) 하였다. Pyrosequencing 수행에 사용 할 정제한 샘플들을 pooling 후, Roche 454-Titanium Plus를 사용하여 분석하였다.

3. 결과 및 토의

가. 파이로시퀀싱 데이터 분석결과

NGS 염기서열 분석 방법을 사용하여 각 시료로 부터 획득된 시퀀스의 정보는 아래의 Table 13와 같다. 77개의 담수 여과지 샘플에 대하여 총 280,853개의 pyrosequencing read가 획득되었으며, quality check을 통하여 얻은 233,661개의 시퀀스를 custom program을 이용하여 클러스터링을 수행하였다. 각 cluster 별 대표 시퀀스는 EzTaxon-e database를 이용하여 taxonomy 분석을 수행하였다. 그 결과 총 2,339개의 operational taxonomic units (OTUs)이 얻어졌으며, phylum 수준에서 57개의 phyla가 선별되었다 (Fig. 36). 전체적으로 *Bacteroidetes* (29.8%)와 *Actinobacteria* (26.7%)가 가장 우점하였으며, *Proteobacteria* (16.7%)중에서는 *Gammaproteobacteria*가 가장 우점하였다. 특정 시료에서는 *Firmicutes*, JS1, WM88, *Planctomycetes*, *Cyanobacteria*가 우점하는 등 지점 특이성이 매우 높게 나타났다. Other bacteria는 SR1, Cloacamonas_p, CU922841_p, SAR406, 그리고 *Acidobacteria* 외 38개로 전체 abundance의 0.4% 미만을 포함 한다. Other proteobacteria는 *Epsilonproteobacteria*과 *Zetaproteobacteria* 등을 포함하며 역시 전체 abundance의 0.4% 미만에 해당된다.

Table 13. Pyrosequencing library results

Sample	Total reads	Bacteria	Eukaryote	Archaea	Chimera	Unmatched	OTUs	Coverage
FrXL1-5-(0.2)	3130	3096	10	0	14	10	123	0.98
FrXL1-7-(0.2)	1791	1714	10	0	67	0	54	0.99
FrXL1-9-(0.2)	5195	4966	102	0	16	111	160	0.99
FrXL1-15-(0.2)	5415	5360	1	0	20	34	321	0.98
MieL1-7-(0.2)	3724	3632	18	0	25	49	120	0.99
MieL1-9-(0.2)	2600	2417	13	0	9	161	95	0.98
MieL1-15-(0.2)	2966	2605	81	0	168	112	107	0.99
MieL1-18-(0.2)	3929	3649	143	0	38	99	168	0.98
ElbL1-5-(0.2)	4387	4187	15	0	20	165	100	0.99
ElbL1-10-(0.2)	5363	4928	8	0	9	418	114	0.99
ElbL1-20-(0.2)	6327	6287	10	0	10	20	106	1.00
WibL1-5-(0.2)	6293	5022	87	0	40	1144	142	0.99
WibL1-8-(0.2)	7159	6787	73	0	0	299	134	0.99
WibL1-14-(0.2)	3174	3021	121	0	32	0	36	1.00
WibL1-17-(0.2)	5971	5869	1	0	27	74	103	0.99
WibL1-30-(0.2)	5312	5301	3	0	5	3	137	0.99
HorL1-5-(0.2)	4717	4584	12	0	71	50	253	0.97
HorL1-8-(0.2)	6025	5823	17	0	40	145	130	0.99
HorL1-14-(0.2)	3196	2572	36	1	47	540	112	0.98
HorL1-20-(0.2)	6142	3972	5	4	201	1960	168	0.98
FrXL2-5-(0.2)	4758	4602	71	0	28	57	133	0.99
FrXL2-7-(0.2)	2517	2506	5	0	4	2	57	0.99
FrXL2-9-(0.2)	5496	5325	126	0	37	8	170	0.99
FrXL2-15-(0.2)	1907	1684	1	0	221	1	126	0.98
MieL2-7-(0.2)	3207	3017	26	0	80	84	90	0.99
MieL2-9-(0.2)	3665	3562	18	0	31	54	93	0.99
MieL2-15-(0.2)	2493	2432	39	0	4	18	91	0.99
MieL2-18-(0.2)	3263	2890	115	0	257	1	82	0.99
ElbL2-5-(0.2)	1900	1808	15	0	65	12	42	0.99
ElbL2-10-(0.2)	4186	4119	33	0	16	18	85	1.00
ElbL2-13-(0.2)	3869	3798	31	0	16	24	69	0.99
ElbL2-20-(0.2)	1685	1192	0	0	480	13	54	0.98
WibL2-5-(0.2)	1439	1280	4	0	155	0	46	0.99
WibL2-8-(0.2)	1236	1102	1	0	118	15	41	1.00
WibL2-14-(0.2)	3655	3591	23	0	29	12	68	0.99
WibL2-17-(0.2)	2874	2752	0	0	117	5	68	0.99
WibL2-30-(0.2)	3539	3478	0	0	7	54	154	0.99
FrXL1-5-(3.0)	4595	3177	1111	0	244	63	98	0.99
FrXL1-7-(3.0)	3109	2360	388	0	36	325	145	0.98

Table 13. Pyrosequencing library results (continued)

Sample	Total reads	Bacteria	Eukaryote	Archaea	Chimera	Unmatched	OTUs	Coverage
FrXL1-9-(3.0)	2808	1892	635	0	111	170	120	0.98
FrXL1-15-(3.0)	2235	2200	12	0	23	0	102	0.98
MieL1-7-(3.0)	2800	1897	885	0	18	0	47	1.00
MieL1-9-(3.0)	3409	2508	878	0	8	15	76	0.99
MieL1-15-(3.0)	2777	1840	716	0	91	130	123	0.97
MieL1-18-(3.0)	3100	2427	403	0	255	15	167	0.97
ElbL1-5-(3.0)	3641	2810	475	0	201	155	113	0.99
ElbL1-10-(3.0)	3454	2504	733	0	77	140	110	0.99
ElbL1-13-(3.0)	4120	2906	881	0	139	194	105	0.99
ElbL1-20-(3.0)	5335	4025	881	0	67	362	180	0.99
ElbL1-30-(3.0)	4184	4042	62	0	58	22	81	0.99
WibL1-5-(3.0)	1522	894	583	0	38	7	64	0.99
WibL1-8-(3.0)	2204	1451	407	0	26	320	92	0.98
WibL1-14-(3.0)	4961	2237	1822	0	590	312	123	0.98
WibL1-17-(3.0)	1770	1347	310	0	86	27	86	0.98
WibL1-30-(3.0)	1584	1203	168	0	211	2	70	0.98
HorL1-5-(3.0)	4468	3469	900	0	72	27	193	0.98
HorL1-8-(3.0)	2736	894	1664	0	132	46	67	0.98
HorL1-14-(3.0)	1574	846	664	0	13	51	85	0.97
HorL1-20-(3.0)	1732	1101	353	0	110	168	115	0.96
FrXL2-5-(3.0)	4133	3013	762	0	60	298	147	0.98
FrXL2-7-(3.0)	5090	3675	949	0	38	428	155	0.99
FrXL2-9-(3.0)	3105	2360	701	0	6	38	149	0.98
FrXL2-15-(3.0)	9763	9573	59	0	28	103	380	0.99
MieL2-7-(3.0)	5226	3178	1560	0	305	183	125	0.99
MieL2-9-(3.0)	5264	3231	1800	0	27	206	122	0.99
MieL2-15-(3.0)	3189	1803	1003	0	259	124	122	0.98
MieL2-18-(3.0)	3618	2951	613	0	50	4	199	0.97
ElbL2-5-(3.0)	4657	3218	1199	0	7	233	137	0.99
ElbL2-10-(3.0)	2908	1706	1136	0	59	7	80	0.99
ElbL2-13-(3.0)	4513	2540	1659	0	82	232	124	0.99
ElbL2-20-(3.0)	4799	3205	1255	0	54	285	174	0.98
ElbL2-30-(3.0)	7987	7724	69	0	29	165	155	0.99
WibL2-5-(3.0)	729	395	288	0	25	21	69	0.96
WibL2-8-(3.0)	190	96	65	0	9	20	26	0.88
WibL2-14-(3.0)	1398	645	653	0	55	45	66	0.96
WibL2-17-(3.0)	412	297	104	0	10	1	46	0.95
WibL2-30-(3.0)	1249	1091	105	1	9	43	103	0.97
Total	280853	233661	30185	6	6242	10759		
AVG	3647	3035	392	0	81	140	115	0.98
MIN	190	96	0	0	0	0	26	0.88
MAX	9763	9573	1822	4	590	1960	380	1.00

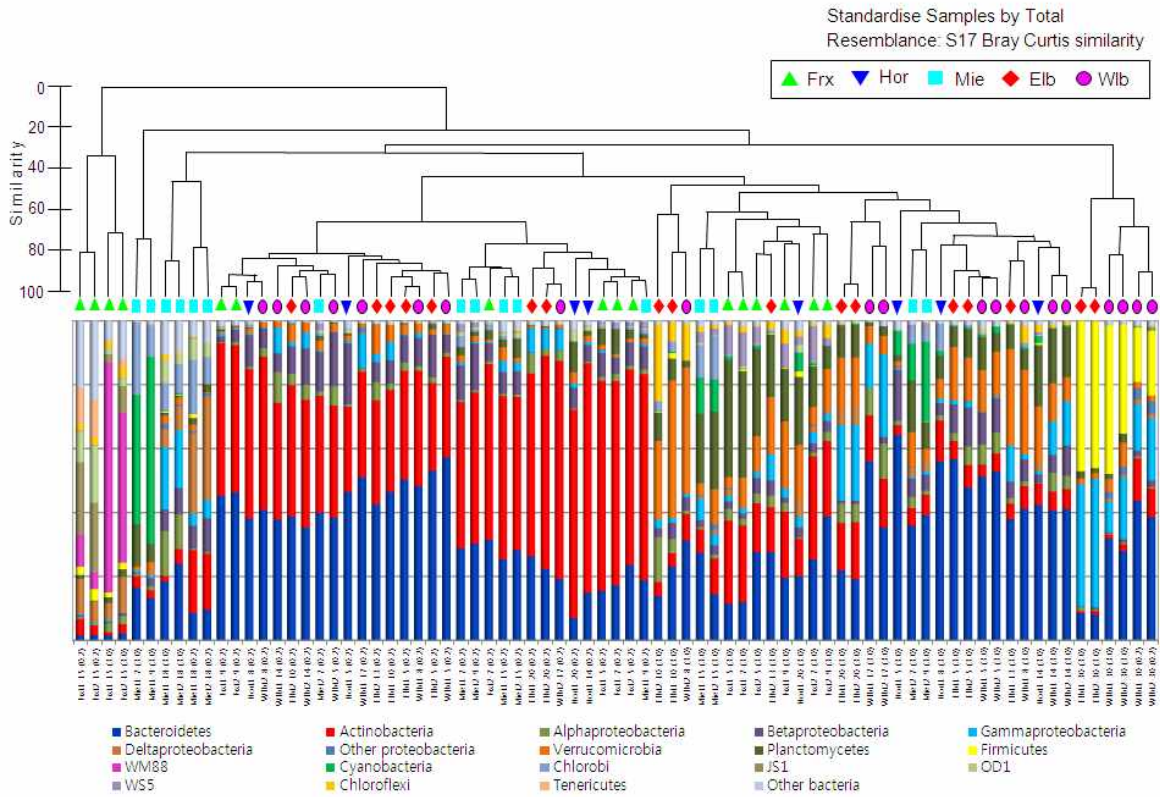


Figure 36. Bacterial community pattern in phylum level

나. 세균의 유사도 분석결과

선별된 taxonomy를 대상으로 하여 Primer 6 프로그램에서 clustering과 MDS (다차원분석)로 시료 간 군집의 유사도를 분석하였으며, 그 결과 phylum 수준에서 70% 유사도를 기준으로 총 21개의 그룹을 형성하였다 (Fig. 37). Fryxell 호수 15m 지점에서 여과지 사이즈에 따라 3 μm 여과지에서 WM88, 0.2 μm 여과지에서 JS1이 우점하는 것으로 보아 다른 지역에 비해 다른 담수생태환경을 가졌을 가능성을 확인하였다. Bonney 호수인 경우, *Verrucomicrobia*가 다른 호수에 비해 우점하였고, 흥미로운 점은 Bonney 호수의 East와 West 두 호수의 가장 깊은 30m 지점의 3 μm 여과지에서 *Firmicutes*가 다른 지점에 비하여 매우 우점하는 것으로 보아 특이적인 환경일 것으로 예상할 수 있었다. 그 외 지역의 경우 전체적으로 *Bacteroidetes*, *Actinobacteria*가 우점하였으며, 이들이 우점하는 정도는 각 클러스터마다 조금씩 차이를 보이는 것으로 나타났다.

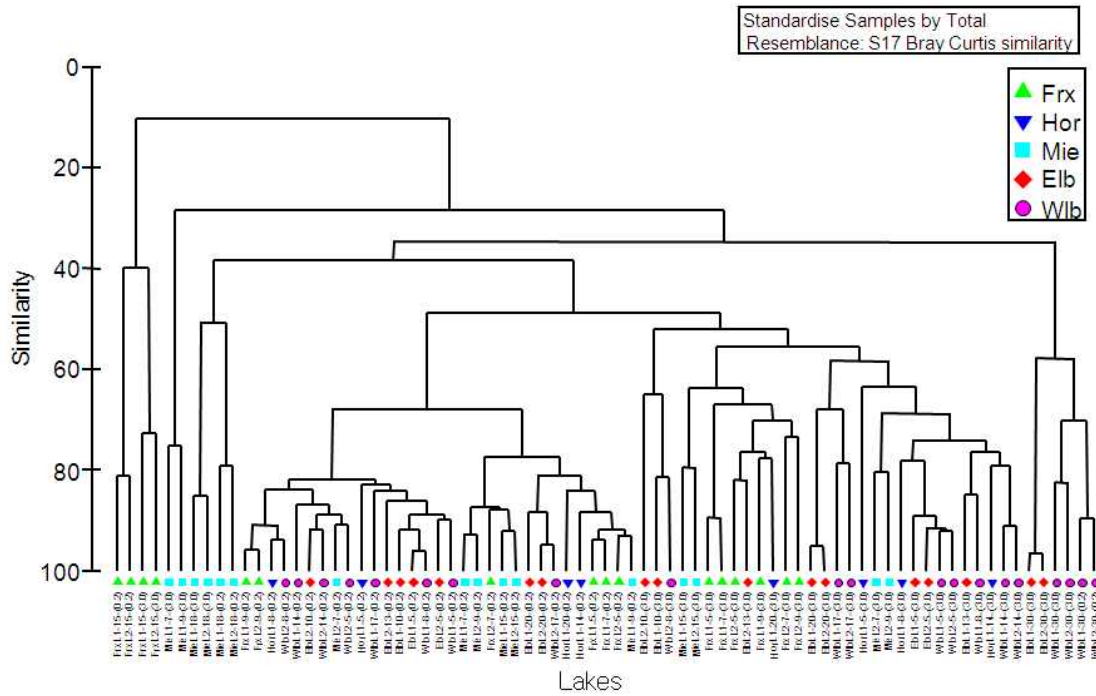


Figure 37. Clustering analysis of bacterial community

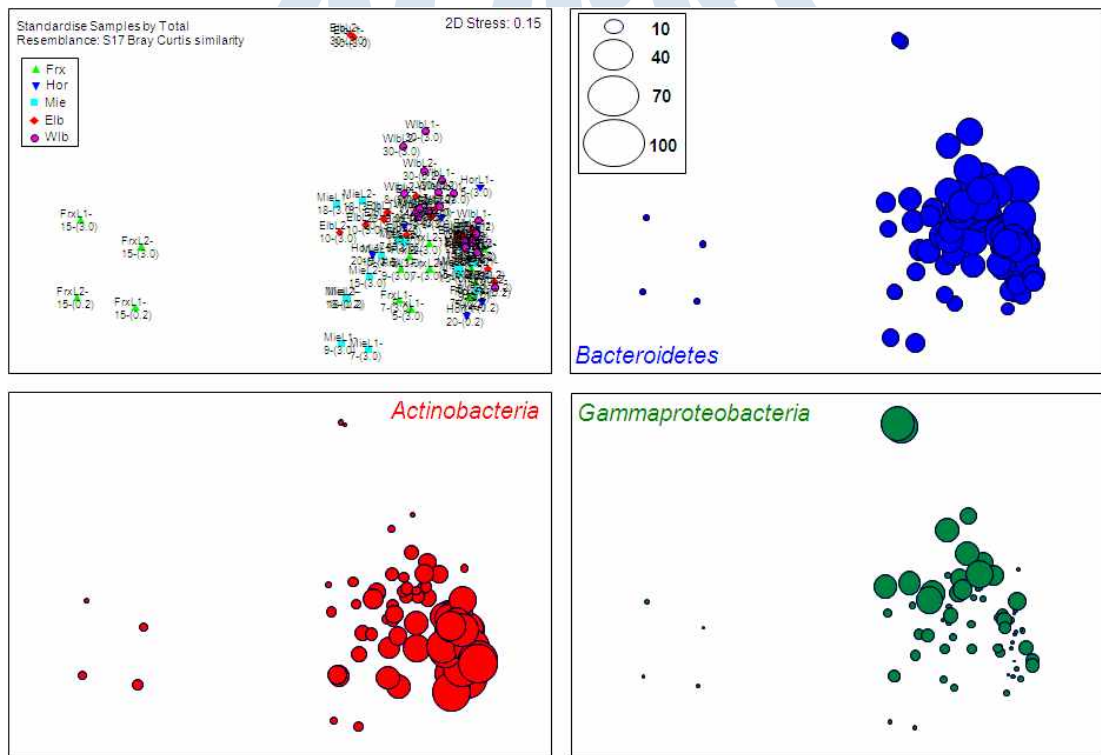


Figure 38. Multi-dimensional analysis in phylum level and the predominant three bacteria (*Bacteroidetes*, *Actinobacteria*, *Gammaproteobacteria*)

드라이밸리 호수 세균 분류군들의 빈도차이를 이용하여 분석 한 결과, 여과지 및 호수의 특정 깊이에 따라 특정 분류군의 빈도가 다르게 나타났다 (Fig. 39). OTU 수준에서 가장 높은 빈도를 보인 OTU-2와 OTU-8은 *Actinobacteria* 분류군에 속하는 것이 분석되었다.

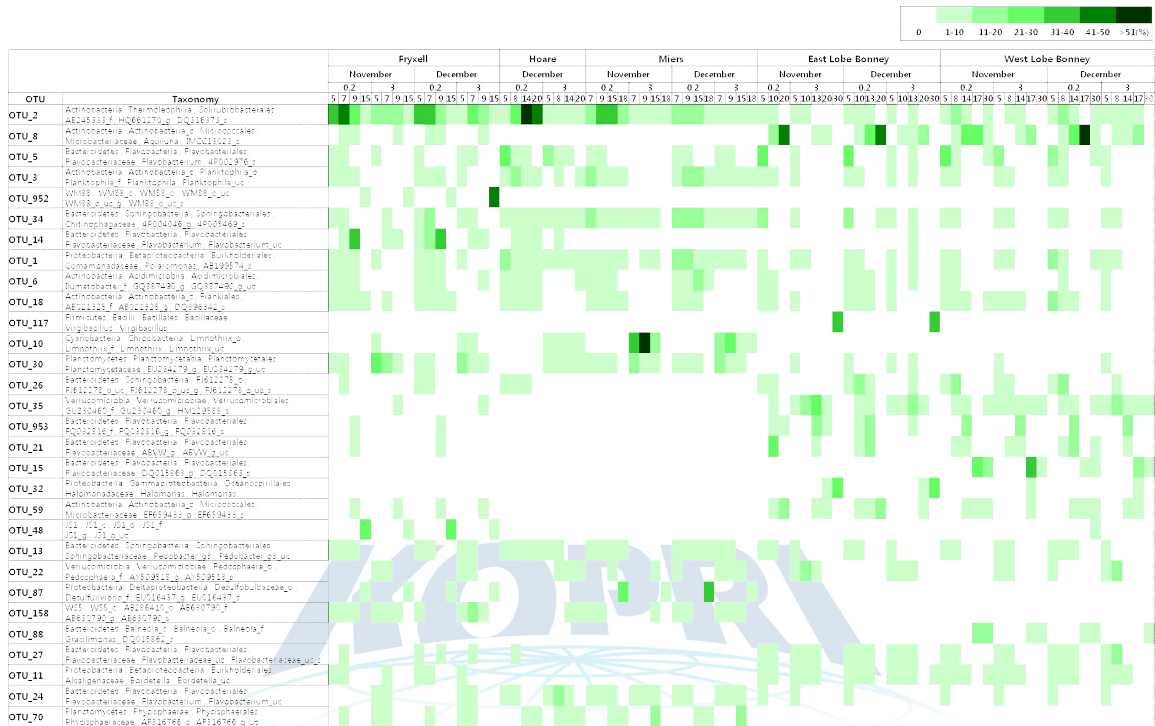


Figure 39. Heat map of OTU level in lakes

다. 세균 다양성 분석결과

드라이밸리 호수시료의 세균 (16S rRNA gene)을 97% 염기서열 유사도 기준으로 다양성을 분석하였다. 또한, pyrosequencing 결과에서 획득 된 read 중 최소 1,000개 이상인 시료 중 가장 적은 read 수인 샘플의 read (1,102개)를 기준으로 subsampling을 무작위로 5회 실시하였다. 무작위로 얻은 subsampling 5개 set에서 다양성 지수의 median 값을 구하여 다양성 분석을 수행하였고, 이를 original sample의 다양성 분석과 비교하였다. Subsampling 시행 전과 후 모두 Fryxell 호수의 15m (3 μm) 지점에서의 다양성이 매우 높았으며, 다양성이 가장 낮은 곳으로는 West Bonny 호수의 14m (0.2 μm) 지점으로 나타났다 (Fig. 40 and Table 14).

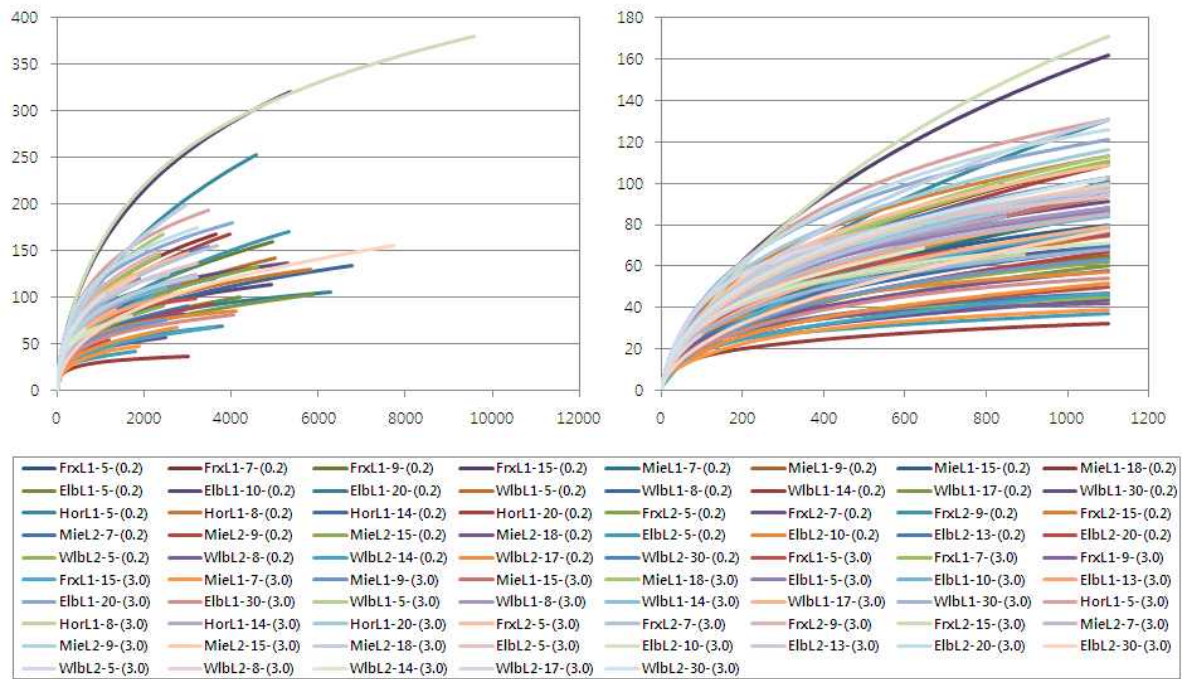


Figure 40. Bacterial diversity via rarefaction curves from original libraries (left) and subsampling (right)



Table 14. Bacterial diversity indices via subsampling

Sample	OTUs	Chao	ACE	Shannon	NpShannon	Simpson	Shannoneven	Simpsonseven	Coverage
FrXL1-5-(0.2)	86	126.27	130.62	2.71	2.81	0.18	0.60	0.06	0.97
FrXL1-7-(0.2)	46	56.00	54.94	2.28	2.31	0.25	0.60	0.08	0.99
FrXL1-9-(0.2)	89	163.09	249.19	2.42	2.56	0.20	0.54	0.06	0.96
FrXL1-15-(0.2)	163	313.75	433.58	3.67	3.88	0.07	0.72	0.08	0.92
MieL1-7-(0.2)	85	137.50	209.99	3.11	3.20	0.08	0.68	0.14	0.97
MieL1-9-(0.2)	66	97.50	123.84	2.57	2.65	0.18	0.60	0.08	0.98
MieL1-15-(0.2)	85	133.09	117.21	3.00	3.09	0.13	0.68	0.09	0.97
MieL1-18-(0.2)	110	181.65	214.54	3.17	3.29	0.10	0.67	0.09	0.96
ElbL1-5-(0.2)	63	96.50	98.67	2.90	2.97	0.09	0.70	0.17	0.98
ElbL1-10-(0.2)	73	104.91	104.21	2.98	3.06	0.09	0.70	0.15	0.98
ElbL1-20-(0.2)	67	84.00	83.01	2.44	2.51	0.21	0.58	0.07	0.98
WbL1-5-(0.2)	90	142.65	210.71	2.97	3.09	0.11	0.65	0.10	0.96
WbL1-8-(0.2)	75	116.55	156.45	3.13	3.22	0.07	0.73	0.19	0.97
WbL1-14-(0.2)	32	35.00	38.22	2.33	2.35	0.15	0.68	0.21	0.99
WbL1-17-(0.2)	60	83.30	113.33	2.48	2.56	0.16	0.61	0.11	0.98
WbL1-30-(0.2)	90	109.25	110.28	3.45	3.52	0.06	0.77	0.19	0.98
HorL1-5-(0.2)	134	269.40	445.18	3.16	3.37	0.10	0.65	0.07	0.93
HorL1-8-(0.2)	74	120.50	151.18	2.83	2.92	0.10	0.66	0.13	0.97
HorL1-14-(0.2)	79	141.56	224.86	2.19	2.31	0.31	0.50	0.04	0.96
HorL1-20-(0.2)	105	189.00	227.16	2.61	2.77	0.24	0.56	0.04	0.96
FrXL2-5-(0.2)	88	144.67	148.03	2.73	2.85	0.17	0.62	0.07	0.96
FrXL2-7-(0.2)	45	66.75	56.91	2.32	2.37	0.19	0.61	0.12	0.99
FrXL2-9-(0.2)	99	207.94	306.21	2.59	2.76	0.18	0.56	0.05	0.95
FrXL2-15-(0.2)	114	159.00	152.47	3.50	3.60	0.07	0.74	0.12	0.96
MieL2-7-(0.2)	72	113.88	112.27	2.96	3.04	0.08	0.70	0.18	0.97
MieL2-9-(0.2)	62	105.88	149.46	2.76	2.83	0.10	0.67	0.16	0.98
MieL2-15-(0.2)	69	97.00	133.76	2.84	2.91	0.09	0.68	0.16	0.97
MieL2-18-(0.2)	61	77.00	81.58	2.84	2.89	0.13	0.69	0.13	0.98
ElbL2-5-(0.2)	37	48.25	60.85	2.72	2.75	0.10	0.75	0.26	0.99
ElbL2-10-(0.2)	63	87.00	82.85	3.15	3.21	0.06	0.77	0.26	0.98
ElbL2-13-(0.2)	48	54.88	57.03	2.64	2.68	0.12	0.68	0.18	0.99
ElbL2-20-(0.2)	50	68.14	65.48	2.02	2.09	0.28	0.51	0.07	0.99
WbL2-5-(0.2)	44	58.00	52.77	2.86	2.89	0.08	0.76	0.27	0.99
WbL2-8-(0.2)	42	42.86	44.17	2.80	2.83	0.10	0.75	0.25	1.00
WbL2-14-(0.2)	47	64.00	75.17	2.50	2.55	0.14	0.65	0.15	0.99
WbL2-17-(0.2)	48	72.00	74.43	1.82	1.89	0.39	0.47	0.05	0.99
WbL2-30-(0.2)	103	146.40	180.19	3.50	3.59	0.06	0.76	0.17	0.97
FrXL1-5-(3.0)	77	90.11	89.05	3.00	3.07	0.10	0.69	0.12	0.98
FrXL1-7-(3.0)	110	178.56	201.63	3.18	3.32	0.10	0.68	0.10	0.96

Table 14. Bacterial diversity indices via subsampling (continued)

Sample	OTUs	Chao	ACE	Shannon	NpShannon	Simpson	Shannoneven	Simpsonseven	Coverage
FrXL1-9-(3.0)	100	138.57	191.95	3.44	3.55	0.06	0.74	0.18	0.97
FrXL1-15-(3.0)	81	131.46	121.41	1.65	1.78	0.52	0.38	0.02	0.97
MieL1-7-(3.0)	42	46.86	48.89	2.07	2.12	0.23	0.55	0.11	0.99
MieL1-9-(3.0)	66	82.24	95.71	2.00	2.11	0.35	0.49	0.04	0.98
MieL1-15-(3.0)	102	168.10	185.19	3.43	3.53	0.06	0.74	0.17	0.96
MieL1-18-(3.0)	123	187.17	258.32	3.37	3.50	0.08	0.69	0.11	0.95
ElbL1-5-(3.0)	87	111.30	103.99	3.43	3.49	0.06	0.76	0.18	0.98
ElbL1-10-(3.0)	88	123.00	113.55	3.35	3.42	0.06	0.75	0.18	0.98
ElbL1-13-(3.0)	83	120.00	135.61	2.94	3.03	0.12	0.67	0.11	0.97
ElbL1-20-(3.0)	121	176.44	156.08	3.85	3.94	0.04	0.80	0.22	0.97
ElbL1-30-(3.0)	59	67.11	69.30	2.36	2.43	0.19	0.59	0.09	0.99
WlbL1-5-(3.0)	65	74.75	73.68	3.37	3.42	0.06	0.81	0.27	0.99
WlbL1-8-(3.0)	82	120.43	113.74	3.60	3.65	0.04	0.81	0.32	0.98
WlbL1-14-(3.0)	98	147.88	189.49	3.27	3.37	0.08	0.71	0.13	0.96
WlbL1-17-(3.0)	79	115.25	114.84	2.84	2.93	0.14	0.65	0.09	0.97
WlbL1-30-(3.0)	69	91.75	89.07	3.07	3.13	0.08	0.73	0.18	0.98
HorL1-5-(3.0)	130	162.65	172.39	3.74	3.85	0.04	0.77	0.18	0.96
HorL1-8-(3.0)	65	86.86	96.72	3.28	3.33	0.07	0.78	0.22	0.98
HorL1-14-(3.0)	84	124.60	110.42	3.43	3.52	0.06	0.77	0.21	0.97
HorL1-20-(3.0)	117	168.17	194.04	3.76	3.86	0.04	0.79	0.21	0.96
FrXL2-5-(3.0)	109	159.50	148.08	3.46	3.56	0.07	0.74	0.14	0.96
FrXL2-7-(3.0)	97	142.18	143.58	3.16	3.26	0.10	0.69	0.10	0.97
FrXL2-9-(3.0)	116	160.04	205.25	3.60	3.71	0.05	0.76	0.17	0.96
FrXL2-15-(3.0)	167	283.89	433.20	2.95	3.21	0.23	0.57	0.03	0.92
MieL2-7-(3.0)	86	115.59	121.38	3.41	3.48	0.06	0.76	0.21	0.97
MieL2-9-(3.0)	92	129.19	151.55	3.21	3.31	0.09	0.71	0.12	0.97
MieL2-15-(3.0)	104	140.18	149.95	3.36	3.47	0.06	0.72	0.15	0.97
MieL2-18-(3.0)	131	224.64	290.47	3.33	3.49	0.08	0.68	0.09	0.94
ElbL2-5-(3.0)	97	128.91	123.03	3.76	3.84	0.04	0.82	0.27	0.98
ElbL2-10-(3.0)	71	91.38	98.49	3.16	3.22	0.09	0.73	0.15	0.98
ElbL2-13-(3.0)	97	120.40	120.64	3.51	3.58	0.06	0.76	0.18	0.98
ElbL2-20-(3.0)	126	186.80	179.38	3.81	3.92	0.04	0.79	0.19	0.96
ElbL2-30-(3.0)	73	122.60	148.19	2.37	2.48	0.20	0.55	0.07	0.97
WlbL2-5-(3.0)	70	81.91	83.26	3.69	3.82	0.04	0.87	0.40	0.95
WlbL2-8-(3.0)	27	40.00	88.74	2.72	3.00	0.08	0.83	0.44	0.85
WlbL2-14-(3.0)	69	108.00	126.01	3.21	3.31	0.07	0.76	0.20	0.96
WlbL2-17-(3.0)	47	66.00	63.22	3.16	3.28	0.06	0.82	0.33	0.95
WlbL2-30-(3.0)	105	152.21	151.82	3.58	3.67	0.05	0.77	0.20	0.97
AVG	82.81	123.14	143.92	3.00	3.09	0.12	0.69	0.15	0.97
MAX	167	313.75	445.18	3.85	3.94	0.52	0.87	0.44	1.00
MIN	27	35.00	38.22	1.65	1.78	0.04	0.38	0.02	0.85

4. 결론

본 연구에서는 극한 환경으로 인한 연구 활동의 제한성 때문에 연구자료가 부족한 남극대륙의 맥머도 드라이밸리 호수들에 대하여 미생물 군집 및 다양성 연구를 수행하였다. 영구적으로 얼음이 덮여있으면서도 서로 다른 서식 환경을 가진 5개의 호수 사이에 다양한 서로 다른 미생물이 존재함을 확인하였다. 또한, 한 호수 내에서도 그 깊이에 따라 서로 다른 미생물이 우점하였고, 다양한 candidate phyla들이 나타났다. 특정 호수나 지점에서 우점하는 미생물들을 확인함으로써 드라이밸리 호수 미생물들의 서식지 특이성이 있음을 관찰하였다. 이러한 연구 결과들은 드라이밸리 호수 환경 및 미생물 연구에 중요한 연구 자료로 제공될 것으로 사료된다.



제 4절 생태 데이터베이스 구축

- 연구 자료의 공유 및 관리를 위한 데이터베이스 구축

KPDC와 연계하여 본 연구에서 수집될 시료에 대한 위치 정보를 포함하여, 현장에서 측정 및 분석하는 항목(온도, pH, Conductivity, 함수율 등), 시료 분석 후 획득되는 이화학적 자료 및 생물 다양성 자료를 수록할 수 있도록 데이터베이스를 구축하였다. 주요과제인 킹조지섬 연구사이트 정보 DB, 화학분석 자료 DB를 개발하였으며, 기존에 구축된 시료 DB와 함께 극지생명정보관리 시스템을 구축하여 앞으로 생태 데이터를 효율적으로 관리할 수 있을 것으로 생각 된다.

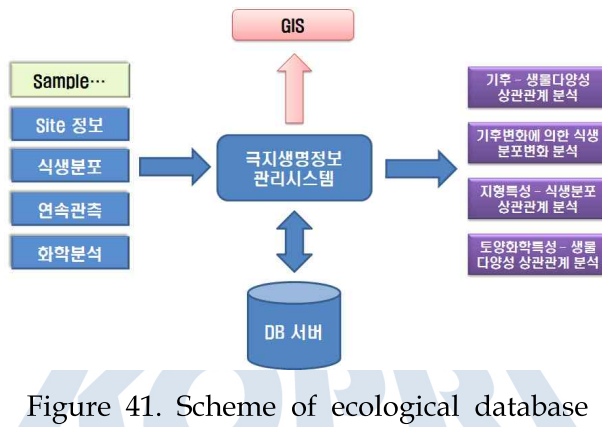


Figure 41. Scheme of ecological database

Figure 42. An example of database; input format (upper left), sample DB (upper right), detail information of a sample (down left) and chemical data (down right).

제 4 장 연구개발목표 달성도 및 대외기여도

가. 연구기간 : 총 2년 (2012. 1. 1. ~ 2013. 12. 31)

나. 목표달성도

구 분	%	성취도 판단		특기사항 (우수성 또는 부진사유 등)
		정상	부진	
2012년 목표 달성도	100	√		<ul style="list-style-type: none"> ○ 장보고 기지 주변 조사 : 목표 대비 초과 달성 (시료 10점 초과 확보, 물리화학 분석 30건과 생물다양성 분석 80건 초과 달성) ○ 빅토리아 랜드 토양 시료 53점 확보 ○ SCAR OS conference에서 2011년 분석 데이터로 구두발표 ○ 기지 건설 전 미생물 다양성 연구는 세계 최초 사례로 SCAR 학회와 Dry Valleys 워크샵에서 외국 과학자들의 관심 집중 ○ 미국 Montana State University와의 MCM-LTER 공동탐사 추진 ○ LGP (Latitudinal Gradient Project)와 Dry Valleys TON (Terrestrial Observing Network) 참여 기반 확보
2013년 목표 달성도	100	√		<ul style="list-style-type: none"> ○ 장보고 기지 주변 조사 ○ 맥머도 드라이밸리 호수 시료 40점 확보 ○ 미생물 다양성 분석 ○ 이화학 분석 ○ 데이터베이스 구축 완료 ○ Polar and Alpine Microbiology 학회 공동세션 좌장 ○ 미국연구재단 (NSF) 2012/2013 남극탐험 우수참가자 (권미예 연구원)메달 수상 ○ 미국 Montana State University의 John Priscu와의 향후 지속적인 공동연구 논의 ○ ANTOS 국제 공동연구 주도 계획
최종목표 대비 달성도	100	√		<ul style="list-style-type: none"> ○ 연구목표 달성

제 5 장 연구개발결과의 활용계획

가. 연구개발결과의 활용방안

- 장보고 기지 환경모니터링과 연계하여 테라노바만 주변의 육상생태계 장기 모니터링을 위한 초기자료 확보하였으며 3년마다 토양시료를 채집하여 기후변화와 인간활동에 의한 육상생물 다양성과 이화학 특성 변화 모니터링 예정
- 해양수산부 R&D로 남극 장보고 과학프로그램에서 후속 연구로 진행 예정임
- 기후변화에 의한 킹조지섬 생태계 변화 예측 기반 구축과 연계하여 비교 연구 자료로 활용 예정임

나. 기대 파급효과

- 글로벌 이슈 대응
테라노바만 주변의 육상생태계 장기모니터링을 위한 초기자료 확보 및 기후변화와 인간활동에 의한 생물다양성 변화 및 생태계 반응에 대한 중요한 자료로서 활용
- 과학적 가치 창출
남극에서 기지 건설 이전 상태를 포함한 미생물 다양성 변화 연구 최초 사례
킹조지섬 생태계 연구와의 연계로 시너지 효과
향후 환경변화에 의한 육상생태계 반응 특성 규명 국제 공동연구 (ANTOS)의 선도적 역할 기대
- 국제사회 기여도 증가
국제 공동연구 네트워크인 LGP와 Dry Valleys TON, ANTOS에 참여함으로써 남극 생태계 비교자료 확보
극지 연구소와 장보고 기지의 기여도 증가

다. 향후 극지(연) 주도형 국제공동연구 발굴계획

- ANTOS 프로그램
남극 생태계 관측 프로그램인 ANTOS (Antarctic Nearshore and Terrestrial Observing System)에 참여
뉴질랜드, 호주, 미국, 대한민국이 공동 발굴하는 국제 공동연구로 남극 생태계의 반응 및 변화를 실시간 모니터링

제 6 장 참고문헌

- Aislabie, J.M., Ryburn, J., Gutierrez-Zamora, M., Rhodes, P., Hunter, D., Sarmah, A.K., Barker, G.M., Farrell, R.L. 2012 Hexadecane mineralization activity in hydrocarbon-contaminated soils of Ross Sea region Antarctica may require nutrients and inoculation. *Soil Biology and Biochemistry* 45, 49-60.
- Armenti, P., Ghezzi, C., Innocenti, F., Manetti, P., Rocchi, S., Tonarini, S., 1988. Paleozoic and Cainozoic Intrusives of Wilson Terrane: Geochemical and Isotopic Data. *Mem. Soc. Geol. It.* 43, 67-75.
- Armstrong, R.L., 1978. Late Cenozoic McMurdo Volcanic Group and Dry Valley Glacial History, Victoria Land, Antarctica. *New Zealand Journal of Geology and Geophysics* 21, 685-698.
- Ballantyne, C.K., 2007. Periglacial landforms. *Encyclopedia of Quaternary Science*, Elsevier, Amsterdam, 4 volumes, 2182-2191.
- Barrett, J.E., Virginia, R.A., Wall, D.H., Cary, S.C., Adams, B.J., Hacker, A.L., Aislabie, J.M. 2006. Co-variation in soil biodiversity and biogeochemistry in northern and southern Victoria Land, Antarctica. *Antarctic Science* 18, 535-548.
- Campbell, I.B., Claridge, G.G.C., 1987, Antarctica: soils, weathering processes and environment. *Developments in Soil Science*, Elsevier, Amsterdam, 368 p.
- Convey, P., Stevens, M.I. 2007. Antarctic biodiversity. *Science* 28, 1877-1878.
- Doran, P.T., Priscu, J.C., Berry Lyons, W., Walsh, J.E., Fountain, A.G., McKnight, D.M., Moorhead, D.L., Virginia, R.A., Wall, D.H., Clow, G.D., Fritsen, C.H., McKay, C.P., Parsons, A.N. 2002. Antarctic climate cooling and terrestrial ecosystem response. *Nature* 415, 517-520.
- 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.
- French, H.M., Guglielmin, M., 2000. Cryogenic weathering of granite, Northern Victoria Land, Antarctica. *Permafrost and Periglacial Processes* 11, 305-314.
- French, H.M., 1996. *The periglacial environment* (2nd edition). Addison Wesley Longman, Harlow, 341 p.
- French, H.M., 2007. *The periglacial environment* (3rd edition). John Wiley & Sons, 458 p.
- Gambino, S., Privitera, E., 1996. Mt. Melbourne Volcano, Antarctica: evidence of seismicity related to volcanic activity. *Pageoph* 146, 305-318.

- Grab, S., 1997, Thermal regime for a thufa and its adjoining depression, Mashai Valley, Lesotho. *Permafrost and Periglacial Processes* 8, 437-445.
- Hall, K., 1997. Rock temperatures and implications for cold region weathering: 1. New data from Viking Valley, Alexander Island (Antarctica). *Permafrost and Periglacial Processes* 8, 69-90.
- Howard-Williams, C., Hawes, I., Gordon, S. 2010. The environmental basis of ecosystem variability in Antarctica: research in the Latitudinal Gradient Project. *Antarctic Science* 22, 591-602.
- 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.
- Kessler, M.A., Werner, B.T., 2003, Self-organization of sorted patterned ground. *Science* 299, 380-383.
- Kim, O.-S., Cho, Y.J., Lee, K., Yoon, S.H., Kim, M., Na, H., Park, S.C., Jeon, Y.S., Lee, J.H., 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.
- Kyle, P.R., 1989. McMurdo Volcanic Group, western Ross Embayment. In: *Volcanoes of the Antarctic Plate and Southern Oceans*. LeMasurier, W.E. and Thomson, J.W. (eds), AGU Antarctic Research Series 48, pp. 19-145.
- Lee, Y.I., Lim, H.S., Yoon, H.I., 2003. Geochemistry of soils of King George Island, South Shetland Islands, West Antarctica: Implications for pedogenesis in cold polar regions. *Geochimica et Cosmochimica Acta* 68, 4319-4333.
- Licht, K.J., Dunbar, N.W., Andrews, J.T., Jennings, A.E., 1999. Distinguishing subglacial till and glacial marine diamictos in the western Ross Sea, Antarctica: Implications for a last glacial maximum grounding line. *GSA Bulletin* 111, 91-103.
- Lyon, G.L., 1986. Stable isotope stratigraphy of ice cores and the age of the last eruption at Mount Melbourne, Antarctica. *New Zealand Journal of Geology and Geophysics* 29, 135-138.
- Mattews, J.A., Shakesby, R., Berrisford, M., McEwen, L., 1998. Periglacial patterned ground on the Styggedalsbreen glacier foreland, Jotunheimen, southern Norway: micro-topographic, paraglacial and geocological controls. *Permafrost and Periglacial Processes* 9, 147-166.
- 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. *J. Microbiol.* 50: 766-769.
- Seppelt, R.D., Broady, P.A., 1988. Antarctic terrestrial ecosystems: The Vestfold Hills in context. *Hydrobiologia* 165, 177-184.

- Vaughan, D.G., Doake, C.S.M. 1996. Recent atmospheric warming and retreat of ice shelves on the Antarctic Peninsula. *Nature* 179, 328-331.
- Washburn, A.L., 1956. Classification of patterned ground and review of suggested origins. *Geological Society of America Bulletin* 67, 823-865.
- Washburn, A.L., 1980. Permafrost features as evidence of climatic change. *Earth-Science Reviews* 15, 327-402.
- White, S.E., 1976. Is frost action really only hydration shattering? *Arctic and Alpine Research* 8, 1-6.

Web-page

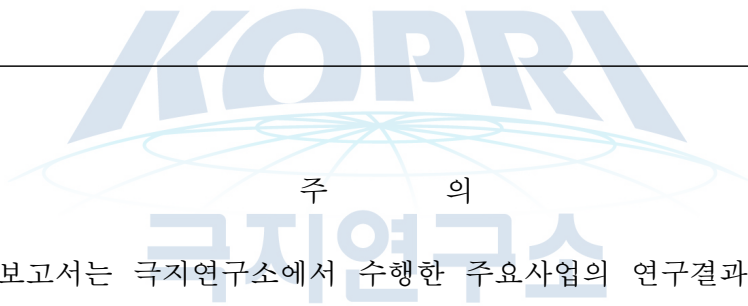
Evolution and Biodiversity in Antarctica (EBA); <http://eba.antarcticanz.govt.nz>)

Latitudinal gradient project (LGP); www.lgp.aq

McMurdo Dry Valleys Long-term Ecological Research; www.mcmlter.org

Terrestrial Antarctic Biocomplexity Survey (NZTABS); <http://nztabs.ictar.aq/index.php>





주 의

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