

연구보고서(연차)

NIE-B-2025-33

멸종위기 포유동물 생태 및 서식지 연구('25)

Research on Ecology and Habitat of Endangered
Mammals('25)

NATIONAL
INSTITUTE OF ECOLOGY

연구진

연구책임자	문정찬	포유류팀	책임연구원(연구책임자)
연구참여자(내부)	윤광배	포유류팀	선임연구원
	우동걸	포유류팀	선임연구원
	이제민	포유류팀	전임연구원
	김아름	포유류팀	전임연구원
	김영민	포유류팀	전임연구원
	박희복	포유류팀	전임연구원

본 연구진은 연구윤리를 준수하였음을 서약합니다.



목차

요약문	1
Abstract	5
I. 서론	11
1. 연구배경	11
2. 사향노루(멸종위기 야생생물 I 급)	12
II. 연구 내용 및 방법	14
1. 연구 내용	14
가. 비침습적 방법을 활용한 사향노루 먹이원 연구	14
나. 카메라 트랩을 이용한 사향노루 개체군 동태	15
다. 사향노루 신규서식지 발굴	16
2. 연구 방법	16
가. 비침습적 방법을 활용한 사향노루 먹이원 연구	16
나. 카메라 트랩을 이용한 사향노루 개체군 동태	19
다. 사향노루 신규서식지 발굴	25
III. 연구결과 및 고찰	27
1. 비침습적 방법을 활용한 사향노루 먹이원 연구	27
2. 카메라 트랩을 이용한 사향노루 개체군 동태	39
3. 사향노루 신규서식지 발굴	47
참고문헌	48

표 목차

<표 1> PCR조건	18
<표 2> Forward / Reverse Primer	18
<표 3> 모델에 활용한 환경변수 설명	24
<표 4> 먹이원 연구를 위해 수집된 사향노루 분변샘플	28
<표 5> QC 데이터 통계	30
<표 6> 알파다양성(Alpha diversity) 지표 값	35
<표 7> 사향노루 출현지점 vs 비출현지점 환경변수별 Boxplot ...	40
<표 8> 사향노루의 출현지점과 비출현지점의 환경변수별 통계량 ..	41
<표 9> spOccupancy모델 WAIC값 비교	42
<표 10> 점유모델 공변량 parameter	43
<표 11> 풍부도 모델 공변량 paramater	43

그림 목차

[그림 1] 사향노루	13
[그림 2] 사향노루 배설물	15
[그림 3] 권역별 사향노루 배설물 수집대상지	17
[그림 4] 먹이원 분석 흐름도(Analysis Workflow)	19
[그림 5] 연구대상지 및 카메라트랩 격자위치	20
[그림 6] 무인센서카메라 설치예시	20
[그림 7] Abundance vs Occupancy 출현자료 비교 (Therese donovan et al., 2023)	21
[그림 8] 사향노루 분포·풍부도 추정을 위한 Multi-Sensor 통합 모니터링 개념도	23
[그림 9] 사향노루 신규서식지 조사지점	25
[그림 10] 사향노루 먹이원 분석을 연구를 위한 분변수집 대상지 (강원권, 경기권)	27
[그림 11] 경기권(포천)에서 촬영된 사향노루	27
[그림 12] QC결과	29
[그림 13] Bar plot(Family)	31
[그림 14] Hearmap plot(Family)	31
[그림 15] Bar plot(Genus)	32
[그림 16] Hearmap plot(Genus)	32
[그림 17] Bar plot(Species)	33
[그림 18] Hearmap plot(Species)	33
[그림 19] 샘플별 Community Diversity	34
[그림 20] Community Diversity by Boxplot 및 Rarefaction Curve ·	36
[그림 21] Distance Matrix - Bray Curtis	37
[그림 22] Distance Matrix - Weighted Unifrac	38
[그림 23] 사향노루 출현격자(11개) & 권역 내 사향노루 번식확인 ·	39
[그림 24] Occupancy probability distribution	45
[그림 25] 상대 풍부도 및 밀도 맵	46

요약문

본 연구는 멸종위기 야생생물 I 급인 사향노루(*Moschus moschiferus*)의 생태적 정보 부족을 해소하고 과학적 근거에 기반한 보전·관리 전략 수립을 지원하기 위해 수행되었다. 특히 국내 핵심 서식권역을 대상으로 비침습적 방법(분변 기반 먹이원 분석, 카메라트랩 기반 분포·풍부도 추정)을 적용하여 사향노루의 먹이식물 구성, 공간 점유 특성, 상대 풍부도(또는 개체수 지표), 잠재서식지 및 신규서식지 가능성을 종합적으로 평가하였다. 연구 결과는 향후 서식지 보호·복원 대상 식생(먹이식물군) 선정, 핵심 이용공간(우선관리구역) 도출, 장기 모니터링 설계 고도화에 활용 가능한 기초자료를 제공한다.

1. 연구 개요 및 방법

연구는 (1) 분변유래 DNA 메타바코딩을 통한 먹이원 규명, (2) 격자 기반 카메라 트랩 모니터링과 점유모델(Occupancy)·풍부도모델(N-mixture) 적용, (3) 잠재서식지(SDM) 및 연결성 분석 기반 신규서식지 발굴의 3개 축으로 구성하였다.

먹이원 연구는 사향노루 출현이 확인된 권역에서 월 1회 정기적으로 분변을 수집하고 차세대염기서열분석(NGS, MiSeq)을 활용해 분변 내 식물 DNA를 분석하였다. 실험실 단계에서는 DNA 추출 및 정량 후 표적 마커 기반 PCR 증폭과 라이브러리 제작을 수행하였으며 시퀀싱 자료는 어댑터 제거·품질필터링·오류교정·병합·키메라 제거를 거쳐 ASV를 생성하고 참조 DB 정렬을 통해 분류학적 동정을 수행하였다. 또한 알파·베타다양성 지표와 군집분석(PCoA, UPGMA 등)을 통해 시료 간 먹이원 조성 차이를 비교하였다.

개체군 동태 분석은 춘천권역(양구·화천 경계)에서 250 m × 250 m 격자를 구성해 총 35개 지점에 무인센서카메라를 설치하고(우제류 촬영 고려 설정), 조사기간을 10일 단위 반복조사(총 19회 단위)로 표준화하였다. 분석은 미탐지 오류(false absence)를 고려해 점유확률(ψ)과 탐지확률(p)을 동시에 추정하는 점유모델과 탐지확률을 반영해 상대 풍부도를 추정하는 N-mixture 모델을 적용하였다. 공변량으로는 지형(고도, 경사, 거칠기, TRI, TPI, 사면방향 등) 및 식생(캐노피 높이, NDVI, NPP, 총생산성 등) 변수를 활용하고, 탐지 관련 변수로 카메라 작동기

간(조사노력)을 포함하였다. 모형 비교는 WAIC를 기준으로 수행하였다.

신규서식지 발굴은 기존 출현지점(분변 및 분포조사 좌표)을 통합해 총 98개 출현지점을 구축한 뒤, 잠재서식지 분석과 연결성(확산 가능성) 분석을 통해 우선 후보지를 도출하고, 강원도 인제군 인근 및 경기 북부(포천 외곽) 등을 대상으로 현장 흔적조사와 카메라트랩 검증을 수행하였다.

2. 주요 결과

(1) 분변 기반 먹이원(식물) 분석

분변 시료는 총 39개를 확보하였으며, 지역별로 강원권이 대부분(춘천·화천 중심)이고 경기권(포천) 시료는 제한적으로 확보되었다. 라이브러리 QC 결과 25개 시료가 증폭 성공(Pass)하여 최종 분석에 사용되었고 14개 시료는 증폭 실패로 제외되었다. 시료별 유효 서열 수는 큰 차이를 보였는데, 특히 일부 하절기 시료에서 서열 수가 낮게 나타나 현장 시료의 노화, 환경 노출에 따른 DNA 분해, 억제물질 영향 등 시료 특성에 따른 데이터 깊이 차이가 시사되었다.

분류학적 분석에서 과(Family) 수준의 주요 분류군으로 소나무과(Pinaceae), 진달래과(Ericaceae), 뽕나무과(Moraceae) 등이 상대적으로 높은 비중을 보였으며, 속(Genus) 수준에서는 소나무속(*Pinus*), 진달래속(*Rhododendron*), 뽕나무속(*Morus*), 참나무속(*Quercus*) 등이 주요 분류군으로 도출되었다. 종(Species) 수준 결과는 참조 DB 구성과 표적 마커 분해능, 지역 식물상과의 불일치 가능성 등으로 해석상의 불확실성이 존재하므로, 본 연구는 국내 분포 정보 및 현장 식물상 조사와의 교차검증 필요성을 함께 제시하였다.

군집다양성 분석에서 알파다양성 지표(ASVs, Chao1, Shannon 등)는 시료 간 변동 폭이 컸으며 일부 시료에서 추정 풍부도(Chao1)가 높게 나타나 희귀 분류군을 포함한 복합적 먹이 조성 가능성이 확인되었다. 반면 Shannon 및 Gini-Simpson 지표는 전반적으로 일정 범위 내에 분포하여, 특정 분류군의 극단적 우점보다는 시기·시료에 따른 종수/구성 변화가 더 크게 작용하는 양상이 관찰되었다. 베타다양성 분석에서는 특정 월(예: 5월) 시료군이 상대적으로 유사한 군집을 형성하는 경향이 나타나 계절에 따른 먹이원 이용의 구조적 변화 가능성을 뒷받침하였다. 종합적으로 본 연구는 국내 사향노루 먹이식물 후보군을 과·속·종 수준에서

제시하고, 향후 먹이원 기반 서식지 보호·복원 대상 식생(관리 우선 식물군) 선정에 활용 가능한 근거를 마련하였다.

(2) 카메라트랩 기반 분포·점유 및 상대 풍부도

2025년 1-6월 춘천권역 35개 격자 지점 중 11개 지점에서 사향노루 출현이 확인되었고 특정 지점에서는 최대 10회 관찰되었다. 특히 어미와 새끼 동시 촬영으로 권역 내 번식이 실제로 이루어지고 있음을 확인하였다.

출현지점과 비출현지점의 서식특성을 비교한 결과, 식생 변수보다 지형 변수에서 차이가 상대적으로 뚜렷했다. 출현지점은 비출현지점에 비해 고도와 TPI가 높고, 경사·거칠기·TRI가 낮은(상대적으로 완만한) 지형에서 나타나는 경향이 확인되었다. 이는 권역 내 사향노루가 능선축 또는 비교적 완만한 지형 조건을 선호·활용할 가능성을 시사한다.

점유모델 결과, 평균 점유확률은 0.482, 절편 기반 평균 기대 점유확률은 0.628로 추정되어 단순 출현비(11/35)보다 높게 평가되었다. 이는 반복조사 기반으로 미탐지 오류를 보정한 결과로 해석된다. 점유 공변량 중에서는 총생산성(TPLSP)이 음의 효과, NPP가 양의 효과로 유의하게 나타나 생산성 관련 지표가 점유 변동과 연관됨을 시사하였다. 탐지모형에서는 카메라 작동기간(조사노력)이 길수록 탐지확률이 증가했으며, 평균 탐지확률은 0.05 수준으로 매우 낮아 사향노루가 카메라트랩 기반 조사에서 탐지 자체가 어려운 중임을 재확인하였다.

풍부도모델에서는 평균 풍부도가 2.64로 추정되었으나 공변량의 유의성은 뚜렷하지 않았고 모델 수렴 안정성이 충분하지 않은 문제가 확인되었다. 따라서 풍부도(또는 상대밀도) 결과는 참고 수준으로 해석하되, 향후 자료 축적과 모형 설정 보완(조사기간·반복횟수 확대, 탐지확률 개선, 대안 모형 검토 등)이 필요하다. 예측지도 해석에서는 점유확률이 중앙 능선부 및 정상부 능선대에서 높고, 계곡부·사면 일부에서 낮게 나타나는 패턴이 확인되어, 권역 내 핵심 이용공간이 능선축을 따라 연결되는 구조일 가능성이 제시되었다.

(3) 신규서식지 발굴 결과

잠재서식지 및 연결성 분석을 통해 인제·홍천 축 등에서 우선 후보지를 도출하고 인제군 인근과 경기 북부(포천 외곽)에서 현장 검증을 수행하였다. 다만 조사

기간과 노력도 범위 내에서는 카메라트랩 영상 및 흔적(분변 등)에서 사향노루 서식을 확증할 증거가 확인되지 않았다. 이는 대상지의 개체 밀도가 매우 낮거나, 계절적 이용 및 설치 위치·기간 등의 요인으로 탐지확률이 낮아 미탐지되었을 가능성을 배제할 수 없다. 따라서 신규서식지 후보지에 대해서는 조사기간·계절 반복, 카메라 설치 지점의 미세서식지 최적화, 흔적조사 강화 등을 통해 탐지확률을 높이는 집중 현장조사 및 장기 모니터링 체계 구축이 요구된다.

3. 결론 및 활용방안

본 연구는 비침습적 접근을 통해 국내 사향노루의 먹이원 정보를 체계적으로 확보하고, 카메라트랩 반복조사 자료에 기반한 점유·탐지 확률 추정으로 분포 정보를 고도화하였다. 특히 춘천권역에서의 번식 확인과 능선대 중심 이용 패턴은 핵심 서식공간(우선관리구역) 설정에 직접적인 근거를 제공한다. 또한 먹이식물 후보군과 계절적 군집 변화 가능성은 먹이원 기반 서식지 보호·복원(식생 관리) 전략 수립에 활용될 수 있다. 반면 신규서식지 검증에서는 미확인 결과가 도출되어, 모델 기반 후보지의 현장 검증을 강화하고 장기·반복 모니터링을 통해 예측 결과를 재보정하는 단계적 접근이 필요하다. 향후에는 경기권 시료 확보 확대, 종 수준 동정의 교차검증 강화, 탐지확률 개선을 위한 조사설계 보완을 통해 사향노루 보전·관리의 과학적 근거를 더욱 공고히 할 수 있을 것이다.

Abstract

This study was conducted to address the shortage of ecological information on the Siberian musk deer (*Moschus moschiferus*), an Endangered Wildlife Species Class I in Korea, and to support evidence-based conservation and management strategies. Focusing on key habitats in Korea, we applied non-invasive approaches—including fecal DNA-based diet analysis and camera-trap-based estimation of distribution and relative abundance—to comprehensively evaluate diet composition, spatial occupancy characteristics, relative abundance (or an index of population size), potential habitats, and the feasibility of identifying new habitats. The outcomes provide baseline information that can be used to (i) select target vegetation for habitat protection and restoration (priority forage plant groups), (ii) delineate core use areas (priority management zones), and (iii) improve long-term monitoring design.

1. Overview and Methods

The study consisted of three components:

- (1) Diet identification using fecal DNA metabarcoding,
- (2) Grid-based camera-trap monitoring combined with occupancy and N-mixture models, and
- (3) New habitat exploration based on species distribution modeling (SDM) and connectivity analyses.

For the diet study, fecal samples were collected monthly from areas with confirmed musk deer presence. Plant DNA in feces was analyzed using next-generation sequencing (NGS; MiSeq). In the laboratory, DNA was extracted and quantified, followed by PCR amplification targeting a selected marker region and library preparation. Sequence data were processed through adapter removal, quality filtering, error correction, merging, and chimera removal to generate

amplicon sequence variants (ASVs). Taxonomic assignment was performed via alignment to reference databases. We also calculated alpha and beta diversity indices and conducted community analyses (e.g., PCoA, UPGMA) to compare diet composition among samples.

For population dynamics (distribution/occupancy and relative abundance), we conducted grid-based camera trapping in the Chuncheon region (border area of Yanggu and Hwacheon). A 250 m × 250 m grid was established and 35 camera stations were deployed with settings optimized for ungulates. The monitoring period was standardized into 10-day repeated-survey intervals (19 sampling occasions). To account for false absences caused by imperfect detection, we applied an occupancy model estimating occupancy probability (ψ) and detection probability (p) simultaneously, and an N-mixture model estimating relative abundance while incorporating detection probability. Covariates included topographic variables (elevation, slope, roughness, TRI, TPI, aspect) and vegetation/productivity variables (canopy height, NDVI, NPP, total productivity), while camera operating duration (survey effort) was included as a detection-related covariate. Model selection was conducted using WAIC.

For new habitat exploration, we compiled 98 unique occurrence points by integrating fecal records and national distribution survey coordinates (after removing duplicates). Using these data, we conducted potential habitat and connectivity analyses to prioritize candidate areas. Field verification—through sign surveys and camera trapping—was then conducted in selected sites, including areas near Inje County (Gangwon-do) and the northern Gyeonggi region (outer areas of Pocheon).

2. Key Results

(1) Fecal DNA-based diet (plant) analysis

A total of 39 fecal samples were collected, with most originating from Gangwon Province (primarily Chuncheon and Hwacheon); sampling in Pocheon (Gyeonggi)

was limited. Library QC showed successful amplification (“Pass”) for 25 samples, which were included in the final analysis, while 14 samples failed amplification and were excluded. The number of valid reads varied substantially among samples; particularly low read numbers in some summer samples suggest differences in sequencing depth potentially driven by sample conditions (e.g., aging, environmental exposure, DNA degradation, and inhibitory substances).

At the family level, major taxonomic groups included Pinaceae, Ericaceae, and Moraceae. At the genus level, dominant taxa included *Pinus*, *Rhododendron*, *Morus*, and *Quercus*. Species-level assignments may involve uncertainty due to limitations of reference databases, marker resolution, and potential mismatches with local floras; therefore, the study highlights the need for cross-validation using Korean distribution data and local vegetation surveys.

In community diversity analyses, alpha diversity metrics (e.g., ASVs, Chao1, Shannon) showed high variability among samples. Some samples exhibited high estimated richness (Chao1), indicating potentially complex diet composition including rare taxa. Shannon and Gini-Simpson indices generally remained within a relatively stable range, suggesting that temporal/sample-driven differences in richness and composition were more influential than extreme dominance by single taxa. Beta diversity results indicated that samples from certain months (e.g., May) formed relatively similar clusters, supporting the possibility of seasonal shifts in diet composition. Overall, this study provides diet candidate taxa at the family, genus, and species levels and offers evidence useful for identifying priority forage plant groups for habitat protection and restoration.

(2) Camera-trap-based distribution/occupancy and relative abundance

From January to June 2025, musk deer were detected at 11 out of 35 grid stations in the Chuncheon region, with one station recording up to 10 detections. Importantly, simultaneous images of a female with a fawn confirmed local breeding within the study area.

Comparisons between detected and non-detected stations suggested clearer

differences in topography than in vegetation variables. Detected stations tended to have higher elevation and higher TPI, and lower slope, roughness, and TRI, indicating a preference for relatively gentle terrain and ridge-associated settings. This pattern suggests that musk deer may preferentially use ridge systems and comparatively less rugged areas within the region.

The occupancy model estimated a mean occupancy probability of 0.482, and an intercept-based expected mean occupancy of 0.628, both higher than the naïve detection ratio (11/35), reflecting correction for imperfect detection through repeated surveys. Among occupancy covariates, total productivity (TPLSP) showed a significant negative effect, while NPP showed a significant positive effect, suggesting that productivity-related metrics may be associated with spatial variation in occupancy. Detection probability increased with camera operating duration (survey effort), but the mean detection probability remained very low (approximately 0.05), confirming that musk deer are inherently difficult to detect using camera traps.

The N-mixture model estimated a mean relative abundance of 2.64, but no covariates showed clear statistical significance, and convergence stability issues were identified. Therefore, abundance (or relative density) outputs should be interpreted cautiously, and improvements in data quantity and model specification (e.g., longer monitoring, more repeated surveys, improved detection probability, alternative modeling approaches) are recommended. Spatial prediction maps showed higher occupancy probabilities along central ridges and upper ridge lines, and lower values in valley bottoms and some slopes, suggesting that core use areas may be structured along connected ridge systems.

(3) Outcomes of new habitat exploration

Candidate areas were prioritized based on potential habitat suitability and connectivity (including the Inje-Hongcheon axis), followed by field validation in areas near Inje County and northern Gyeonggi (Pocheon outskirts). However, within the survey period and effort, no definitive evidence (camera records or

signs such as feces) confirmed musk deer presence. This does not exclude the possibility of extremely low densities, seasonal use, or imperfect detection due to placement and duration. For candidate sites, intensive field surveys and long-term monitoring are required, including repeated seasonal surveys, microhabitat-optimized camera placement, and strengthened sign surveys to improve detectability.

3. Conclusions and Applications

Using non-invasive methods, this study systematically established baseline information on musk deer diet and improved distribution inference by estimating occupancy and detection probabilities from repeated camera-trap surveys. The confirmed breeding event and ridge-centered use pattern in the Chuncheon region provide direct evidence for delineating core habitats and priority management zones. Diet candidate taxa and potential seasonal shifts provide a basis for forage-based habitat protection and restoration (vegetation management). In contrast, new habitat validation remained inconclusive, highlighting the need for stronger, iterative field validation and long-term monitoring to recalibrate model-based predictions. Future work should expand sampling in the Gyeonggi region, strengthen cross-validation of species-level taxonomic assignments, and refine survey designs to enhance detection probability, thereby reinforcing the scientific foundation for musk deer conservation and management in Korea.

I. 서론

1. 연구배경

생물다양성 감소는 생태계 기능을 악화시키고 장기적으로는 인류의 생존에도 부정적인 영향을 미칠 수 있다(Mace et al., 2012; Sala et al., 2000). 이에 많은 국가에서는 멸종위기 야생생물을 보호하기 위한 정책과 연구를 강화하는 추세이며 국내에서도 멸종위기 야생생물의 체계적인 보전과 관리가 중요한 과제로 자리 잡고 있다(Dale et al., 2012; William et al., 2020). 그러나 국내 멸종위기 야생생물 중 일부는 여전히 생태적 정보가 극히 제한적이며, 이에 따른 보호 전략의 실효성이 낮은 상황이다. 생태적 특성에 대한 정보 부족은 종별 맞춤형 보전 계획 수립을 어렵게 하며, 이는 서식지 파괴와 개체군 감소로 인한 멸종 위험을 가중시키는 요인으로 작용하고 있다. 특히, 인간 활동으로 인한 서식지 파편화, 환경오염, 기후변화는 멸종위기종의 생존을 더욱 위협하고 있다. 이러한 상황에서 멸종위기종의 서식지, 행동권, 유전적 건강성, 먹이자원 등에 대한 체계적이고 구체적인 데이터 수집은 종 보전의 기초이자 필수적 단계라 할 수 있다. 멸종위기 야생생물의 생태적 특성을 이해하는 것은 생물다양성 보전과 생태계 안정성을 유지하기 위한 핵심적인 과정 중 하나이다(Michael, 1986). 생태계는 다양한 생물종이 상호작용하며 이루어진 복잡한 시스템으로 특정 종이 멸종할 경우 전체의 균형이 무너질 수 있다. 특히 멸종위기 야생생물은 서식지 손실, 기후 변화, 남획 등에 의해 생존을 위협받고 있어 생태계 내 역할이 약화되거나 상실될 수 있다. 따라서 멸종위기 야생생물에 대한 생태적 특성을 이해하고 파악하는 것은 종 보전과 더불어 전반적인 생태계를 보전하는데 필수적이라 할 수 있다(Hoffmann et al., 2010). 본 연구는 국내에서 생태적 정보가 부족한 멸종위기 야생 포유동물 사향노루에 대한 먹이원, 행동권 등 생태적 특성 조사 및 서식지 분석, 유전적 특성을 이용한 종식별 등을 통해 체계적인 보전 전략을 수립하는 것을 목적으로 수행되었다. 특히 본 연구는 비침습적 방법을 활용한 생태적 데이터 수집, 행동권 분석, 유전적 특성 및 서식지 모니터링을 통해 대상 종의 생태적 요구를 규명하고 이를 바탕으로 장기적인 보전 및 복원 전략의 과학적 근거를 제공하고자 한다.

2. 사향노루(멸종위기 야생생물 I 급)

사향노루는 한국에서 역사적으로 관찰되었던 상징적인 종 중 하나로, 현재 전국적으로 약 50개체 미만만이 생존해 있을 것으로 추정되는 극도로 위기 상황에 처한 종이다. 특히 사향노루의 경우 서식지 특성과 생태적 요구 조건에 대한 정보가 부족하여 효과적인 보전 계획을 수립하는 데 한계가 있다. 이를 해결하기 위해서는 비침습적 접근을 통해 서식 권역별 및 시기별 시료를 체계적으로 확보하고, 먹이원을 분석함으로써 서식지에서의 생태적 역할을 이해하는 것이 필요하다. 아울러 국내 집단 유전학적 분석을 통해 유전적 다양성을 평가하고, 최소 개체군 크기를 추정하여 유전적 건강성을 확보하는 방안을 마련하는 것이 중요하다.

사향노루는 우제목(Artiodactyla) 사향노루과(Moschidae) 사향노루속(Moschus)에 속하는 종으로, 세계자연보전연맹(IUCN)은 사향노루속을 총 7종으로 분류하고 있다. 사향노루는 1960년 이전까지 사슴과(Cervidae)로 분류되었으나, 이후 형태학적 및 유전적 연구를 바탕으로 독립된 사향노루과로 재분류되었다(Flerov, 1960; Webb and Taylor, 1980; Groves, 1987; Janis and Scott, 1987). 초기에는 사향노루과의 종 수가 5종으로 분류되기도 했으나(Groves et al., 1995; Su et al., 1999), 현재는 7종 체계가 가장 널리 사용되고 있다(Groves and Grubb, 2011; Pan et al., 2015). 우리나라에는 사향노루속의 모식종(type species)인 시베리아사향노루(Siberian musk deer, *Moschus moschiferus*)가 서식한다.

국내에서 사향노루는 과거 강원도 인제, 홍천, 양구, 화천 지역을 비롯하여 경북 봉화와 충북, 전남 지리산, 백운산 등지에서 광범위하게 서식하는 것으로 알려져 있었다. 그러나 청문조사에 따르면 1970년대 이후 강원도를 포함한 전국 대부분 지역에서 사향노루의 분포가 크게 감소한 것으로 나타났다. 1996년 문화재청 조사에 따르면 지리산, 아미산, 대암산, 황병산, 건봉산, 비룡산 등지에서 사향노루의 서식이 보고되었으며, 1999년 조사에서는 지리산 4개체, 아미산 2개체, 대암산 2개체, 황병산 1개체, 건봉산 4개체, 비룡산 2개체로 총 16개체가 서식하는 것으로 기록되었다(문화재청, 1999). 이후 2005년 강원도 양구 비무장지대(DMZ) 인접 지역인 평화의 댐과 백석산(1,142m) 및 동면 지역에서 사향노루의 분변, 식흔, 발자국 등이 확인되었으며, 같은 해 9월 강원도 양구군 동면 민통선 지역에서 약 15개월령으로 추정되는 수컷 1개체가 포획되었다(김 외, 2007). 2009년부터 2013

년까지 국립환경과학원이 DMZ 생태계 조사를 통해 민통선 지역에서 사향노루의 서식을 확인하고 무인센서카메라를 활용한 촬영 및 보도를 진행했다. 2016년 환경부가 DMZ 일원에서 무인센서카메라를 분석한 결과, 민통선 내에서 약 24개체의 사향노루가 서식하는 것으로 추정되었다(환경부, 2016). 최근에는 국립생태원 멸종위기종복원센터가 2021년 멸종위기 야생생물 전국분포조사를 통해 2개 지역에서 사향노루의 신규 서식을 추가로 확인하며, 이 종의 분포 범위와 보전 가능성을 확대하고 있다. 이처럼 사향노루는 과거에 비해 서식 범위와 개체수가 크게 감소했지만, 최근 조사들을 통해 주요 서식지와 민통선 일원에서의 분포가 지속적으로 확인되고 있다. 이는 사향노루 보전을 위한 서식지 관리와 체계적 연구의 중요성을 시사한다.



그림 1. 사향노루

II. 연구 내용 및 방법

1. 연구 내용

가. 비침습적 방법을 활용한 사향노루 먹이원 연구

본 연구는 멸종위기 야생생물 I급 사향노루가 서식하는 국내 지역을 대상으로 비침습적 방법을 통해 사향노루의 주요 먹이원을 지역별·계절별로 규명하고 이를 바탕으로 먹이식물 목록을 구축함으로써 향후 먹이원 기반 서식지 보호 및 복원 전략 수립에 필요한 과학적 근거를 마련하고자 한다. 이를 위해 사향노루 출현이 확인된 각 조사지역에서 월 1회 정기적으로 분변을 수집하여 먹이원 분석에 활용하며, 반복적인 시료 확보를 통해 공간적(지역별)·시간적(계절별) 먹이원 이용의 변동성을 체계적으로 파악한다. 먹이원 분석은 분변유래 DNA를 이용한 차세대염기서열분석(NGS) 기반의 메타바코딩 기법으로 수행한다. 현장에서 확보한 분변 시료로부터 DNA를 추출한 뒤, 식물군집 동정에 널리 활용되는 엽록소 유전자 영역을 표적 마커로 설정하여 PCR 증폭을 진행한다. 증폭된 PCR 산물은 MiSeq™ 플랫폼을 통해 염기서열을 생산하고 확보된 서열 정보는 참조 데이터베이스와의 비교를 통해 식물 분류군을 동정함으로써 사향노루가 이용하는 먹이식물 구성을 도출한다. 이러한 분석을 통해 각 지역과 계절에 따라 사향노루가 선호하거나 주로 이용하는 식물군집의 특징을 정량적으로 비교·해석하고자 한다. 또한 염기서열 기반 동정 결과를 바탕으로 국내 사향노루의 먹이식물 목록을 구축하였으며 최종적으로는 지역별·계절별 먹이식물 구성의 차이를 종합하여 사향노루의 핵심 먹이자원과 서식지 이용 특성을 구체적으로 제시하고, 보호·복원 대상 식생(먹이식물군) 및 관리 우선순위 설정에 활용 가능한 기초자료를 생산할 것이다.



그림 2. 사향노루 배설물

나. 카메라 트랩을 이용한 사향노루 개체군 동태

춘천권역(양구·화천 경계)에서 2021년 ASF 조사 중 사향노루 서식이 확인된 지역을 대상으로 현장답사를 통해 지속 서식 여부를 재확인하고 지형·서식환경 특성을 반영하여 격자 기반 카메라트랩 조사구역을 설정하였다. 비편향적 자료 수집을 위해 250 m × 250 m 간격으로 그리드를 구성하고 각 격자 중앙에 총 35대의 무인센서카메라를 설치하였으며 설치가 곤란한 지점은 반경 30 m 버퍼 내에서 동일 기준을 최대한 유지하여 배치하였다. 카메라는 동정 정확도를 높이기 위해 움직임 감지 시 사진 3컷과 30초 동영상 촬영되도록 설정하고 우제류 촬영을 고려하여 지면과 수평에 가깝게(높이 70-80 cm) 설치하였다. 회수된 자료는 우제류 5종(산양·고라니·노루·멧돼지·사향노루)의 출현 기록을 정리한 뒤 분석을 위해 조사기간을 통합하였다. 1회 조사를 10일 단위로 묶고 카메라 작동시간을 24시간 기준으로 통일하기 위해 설치일·수거일은 제외하였으며 총 19회 조사단위를 구축하였다. 미작동·미설치 구간은 'NA'로 처리하였다. 점유모델 입력자료는 조사단위별 출현(1)/비출현(0)으로 변환(10일 내 다회 출현도 1로 처리)하고 풍부도 분석은 조사단위 내 출현 기록을 합산하여 사용하였다. 권역 내 사향노루의 분포 및 풍부도 추정을 위해 미탐지 오류를 확률적으로 반영하는 Occupancy model과 N-mixture model을 적용하였다. 점유모델은 반복조사 자료를 이용해 점유확률(ψ)과 탐지확률(p)을 동시에 추정하여 “관찰되지 않음=부재”라는 오류를 보정하였고 N-mixture 모델은 탐지확률을 고려한 실제 개체수(또는 풍부도 지표)를 추정하였다. 공변량은 점유/풍부도 설명을 위해 지형 변수(고도, 경사, 거칠기,

TRI, TPI, 북사면·동사면)와 식생 변수(캐노피 높이, NDVI, NPP, 총생산성 등)를 활용하고 탐지 관련 변수는 카메라 작동기간(조사시간)으로 설정하였다. MCMC는 Occupancy에서 체인당 10,000회(초기 3,000회 제외, thinning 2, 3체인), Abundance에서 1,600,000회(초기 20,000회 제외, thinning 200, 3체인) 수행하였으며, 수렴성은 $R\text{-hat} \leq 1.1$ 기준으로 판단하였다. 모델 비교는 WAIC를 통해 예측력이 높은 모형을 선정하였다.

다. 사향노루 신규서식지 발굴

2024년 수행한 서식지 연결성 분석 결과를 기반으로 신규서식지 발굴을 추진하였다. 2024년 현장조사에서 확보한 사향노루 분변 및 멸종위기종 분포조사 좌표를 통합하여 중복을 제거한 총 98개 출현지점을 구축하고 이를 이용해 잠재서식지 및 연결성 분석을 수행하였다. 분석 결과값이 높게 도출된 잠재서식지로 선정하여 경기도 포천 및 강원도 인제군 용대리 인근 야산을 중심으로 현장조사와 카메라트랩을 설치하고 점검을 통해 사향노루 서식 유무를 확인하였다. 이를 통해 권역 내 핵심서식지의 공간적 범위를 확장하고 향후 보전·관리 우선순위 설정에 활용 가능한 근거자료를 생산하고자 하였다.

2. 연구 방법

가. 비침습적 방법을 활용한 사향노루 먹이원 연구

본 연구는 사향노루의 먹이원(식물)을 비침습적으로 규명하기 위해 배설물 기반 NGS(차세대염기서열분석) 메타바코딩 절차를 적용하였다. 조사 설계는 지역·계절 비교의 일관성을 확보하기 위해 조사지역과 조사시기(월 1회 정기 조사)를 통일하였다. 대상지는 사향노루 출현이 확인된 강원권(화천·춘천 중심, 인제·양구 등 포함)과 경기권(포천)으로 구성되며 2024년 강원권 중심 조사에서 확인된 섭식 흔적 및 접근성 한계를 보완하기 위해 2025년에는 경기권을 신규 포함하여 연구 범위를 확장함으로써 서식권역별 먹이원 차이를 보다 대표성 있게 비교·분석하도록 하였다.

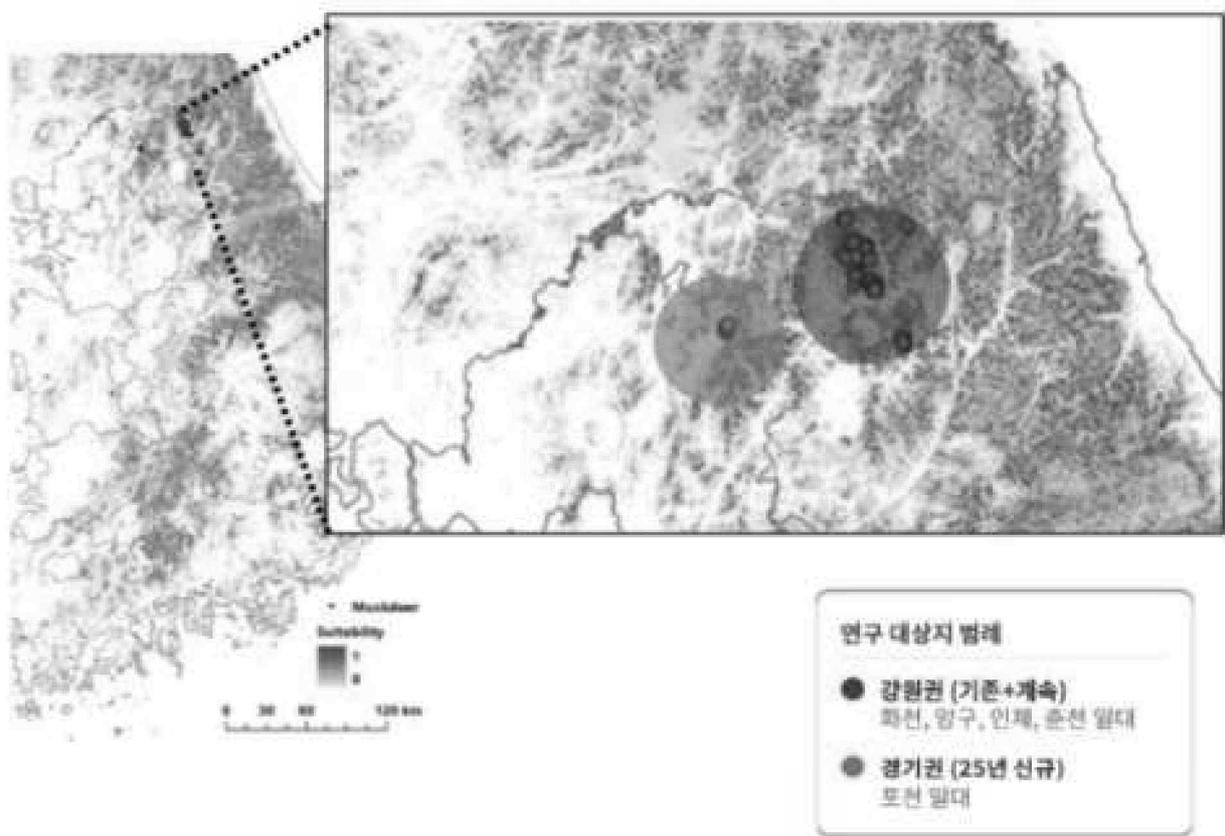


그림 3. 권역별 사항노루 배설물 수집대상지

분석 흐름은 ① 배설물 수집 → ② Genomic DNA 추출 → ③ NGS 분석(MiSeq) → ④ 먹이식물 목록 구축 및 비교의 단계로 수행하였다. 현장에서 확보한 배설물은 오염을 최소화하여 개별 시료로 분리·정리한 뒤 실험실 분석에 사용하였다. DNA 추출은 제조사 지침에 따라 DNeasy PowerSoil Pro Kit(Qiagen, Hilden, Germany)를 이용하였고, 추출된 DNA는 PicoGreen 시약과 VICTOR Nivo™(PerkinElmer) 시스템으로 정량하였다. 라이브러리는 Illumina Metagenomic Sequencing Library protocol에 따라 준비하였으며, gDNA 5 ng을 반응 buffer, dNTP, F/R primer, Herculanase II fusion DNA polymerase(Agilent)와 함께 사용하여 목표 영역(식물군집 ITS 타깃)을 PCR 증폭하였다(94°C 10분 초기변성 후 35 cycle, 94°C 30초-55°C 40초-72°C 60초, 72°C 10분 최종연장). 1차 PCR 산물은 AMPure beads로 정제하고, 정제 산물 10 µL를 Nextera XT Indexed Primer로 2차 PCR(10 cycle)하여 인덱싱을 수행한 후 재정제하였다. 최종 라이브러리는 PicoGreen으로 정량하고 TapeStation D1000 ScreenTape로 품질을 평가하였으며, normalization 및 pooling 후 KAPA qPCR로 정량하여 Illumina MiSeq™ 플랫폼에서 시퀀싱하였다.

표 1. PCR조건

Initial denaturation(94°C, 10분)
35 cycle (94°C 30초, 55°C 40초, 72°C 60초)
Final extension (72°C 10분)
First amplification에는 Illumina adapter overhang sequences를 포함한 universal primer pair 사용

표 2. Forward / Reverse Primer

PCR Forward Primer(5')
TCGTCGGCAGCGTCAGATGTGTATAAGAGACAG-[YGA CTCTCGGCAACGGATA
PCR Reverse Primer(5')
GTCTCGTGGGCTCGGAGATGTGTATAAGAGACAG-[RGTTTCTTTTCTCCGCTTA]

시퀀싱 데이터는 cutadapt(v3.2)로 adapter/primer 제거 및 리드(Forward/Reverse) 250 bp trimming을 수행한 뒤 DADA2(v1.18.0)로 오류교정·노이즈제거·병합 및 키메라 제거(removeBimeraDenovo, consensus)를 통해 ASV(Amplicon Sequence Variant)를 생성하였다(기대오류 2 이상 서열 제외). 샘플 간 비교 가능성을 확보하기 위해 QIIME(v1.9.0)에서 최소 read 수 기준 subsampling 기반 정규화를 수행하였다. 분류학적 동정은 BLAST+(v2.9.0; query coverage>85%, identity>85%)로 NCBI_NT reference DB에 정렬하여 수행하고 알파다양성(Shannon, Gini-Simpson, PD whole tree, Observed ASVs)과 베타다양성(Bray-Curtis, Weighted/Unweighted UniFrac)을 산출하였다. 또한 mafft(v7.475) 기반 정렬과 FastTreeMP(v2.1.10) 계통수 구축 후, PCoA 및 UPGMA로 군집 차이를 시각화하였다. 도출된 결과는 권역(강원 vs 경기) 및 계절별로 비교하여 국내 사향노루 먹이식물 목록을 구축하고, 종 수준 동정이 제한되는 분류군은 현장 식물상 조사로 보완하여 최종적으로 먹이원 기반 서식지 보호·복원을 위한 과학적 근거를 마련하였다.

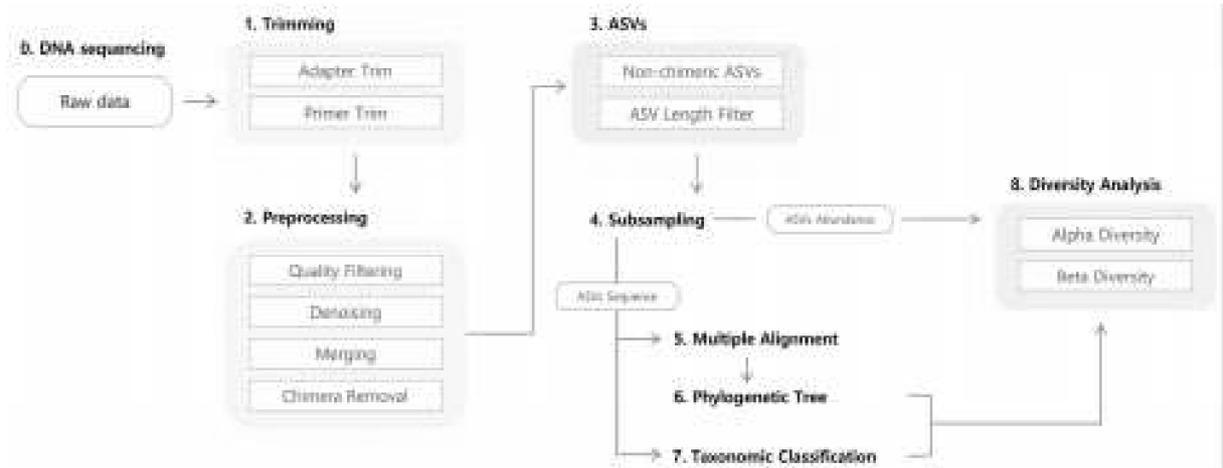


그림 4. 먹이원 분석 흐름도(Analysis Workflow)

나. 카메라 트랩을 이용한 사향노루 개체군 동태

본 연구는 사향노루 공간 분포(점유유형)와 상대적 풍부도를 비침습적으로 추정하기 위해 격자 기반 카메라트랩 모니터링과 점유 모델(Occupancy model) 및 풍부도 모델(N-mixture)을 결합한 분석체계를 적용하였다. 또한 분석 결과를 활용하여 신규 서식지 발굴까지 연계하는 단계적 접근을 수행하였다.

연구대상지는 사향노루 서식이 확인된 춘천권역(양구·화천경계)으로 선정하였다. 현장조사를 통해 사향노루의 지속적인 서식 여부를 재확인한 후, 대상지의 공간적 특성과 서식환경을 고려하여 격자형 카메라트랩 조사구역을 설정하였다. 비침습적 자료 수집의 표준화를 위해 250 m × 250 m 간격의 그리드를 구축하고 각 격자 중앙에 총 35대의 무인센서카메라를 설치하였다. 샘플링 편향을 최소화하기 위해 모든 격자에서 동일한 기준으로 설치하되 지형·식생 등 주변 환경으로 설치가 어려운 지점은 반경 30m 버퍼 범위 내에서 대체 설치하였다. 카메라는 동정 정확도를 높이기 위해 움직임 감지 시 사진 3컷과 30초 동영상이 촬영되도록 설정하였고, 우제류 촬영에 적합하도록 높이 70-80 cm에서 지면과 최대한 수평이 되도록 설치하였다.

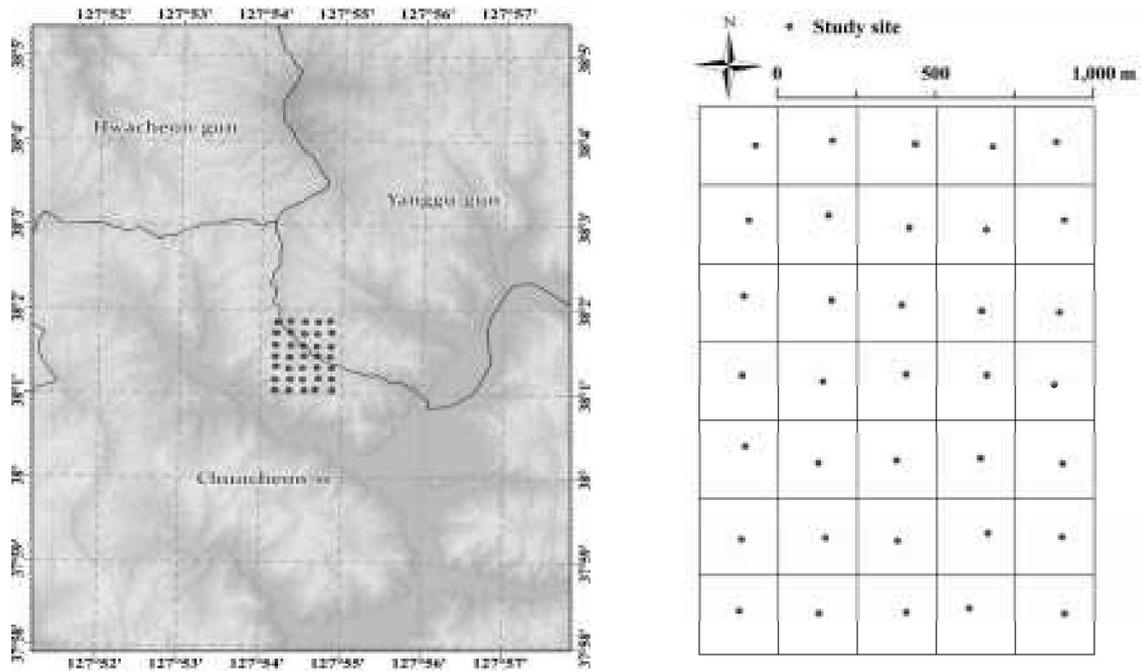


그림 5. 연구대상지 및 카메라트랩 격자위치

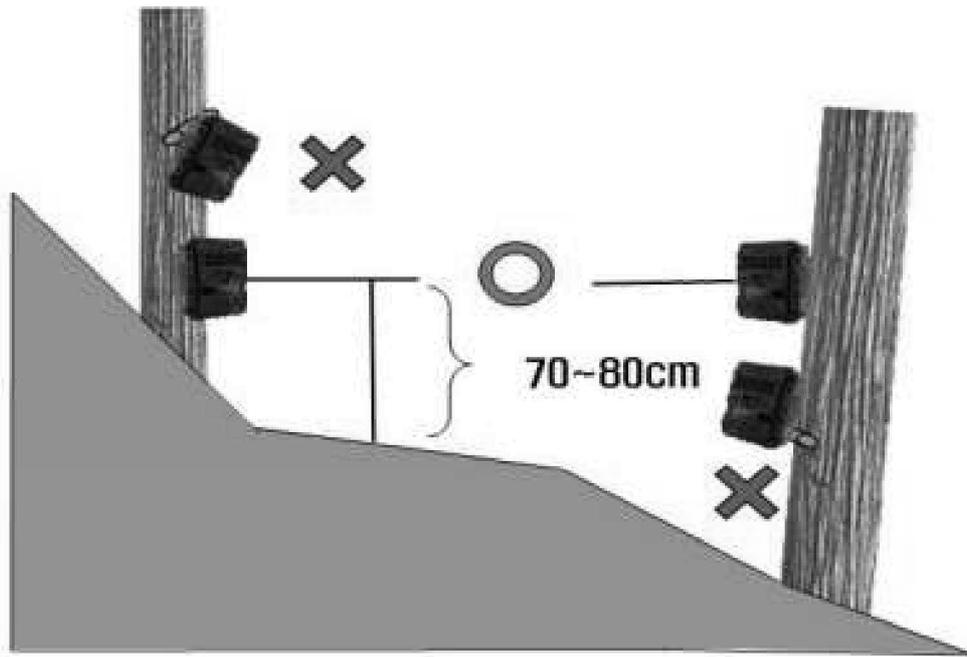


그림 6. 무인센서카메라 설치예시

회수한 메모리카드 자료는 우제류 5종(산양·고라니·노루·멧돼지·사향노루)의 출현 기록만 선별하여 정리하였다. 점유모델과 풍부도모델 분석을 위해 조사기간을 사전에 통합하였으며, 1회의 조사를 10일 단위로 묶어 반복조사 구조를 구성하였다. 카메라 작동시간을 24시간 기준으로 최대한 동일하게 맞추기 위해 설치

일과 수거일은 제외하였고 그 결과 총 19회 조사단위를 확보하였다. 카메라가 작동하지 않았거나 설치되지 않았던 시점은 모두 'NA'로 기록하였다. 점유모델 입력 자료는 조사단위별 출현(1)·비출현(0)으로 변환하므로 10일 기간 중 여러 번 출현한 경우도 모두 '1'로 처리하였다. 반면 N-mixture 기반 풍부도 분석에는 동일 기간 내 모든 출현기록을 합산하여 관측치로 사용하였다.

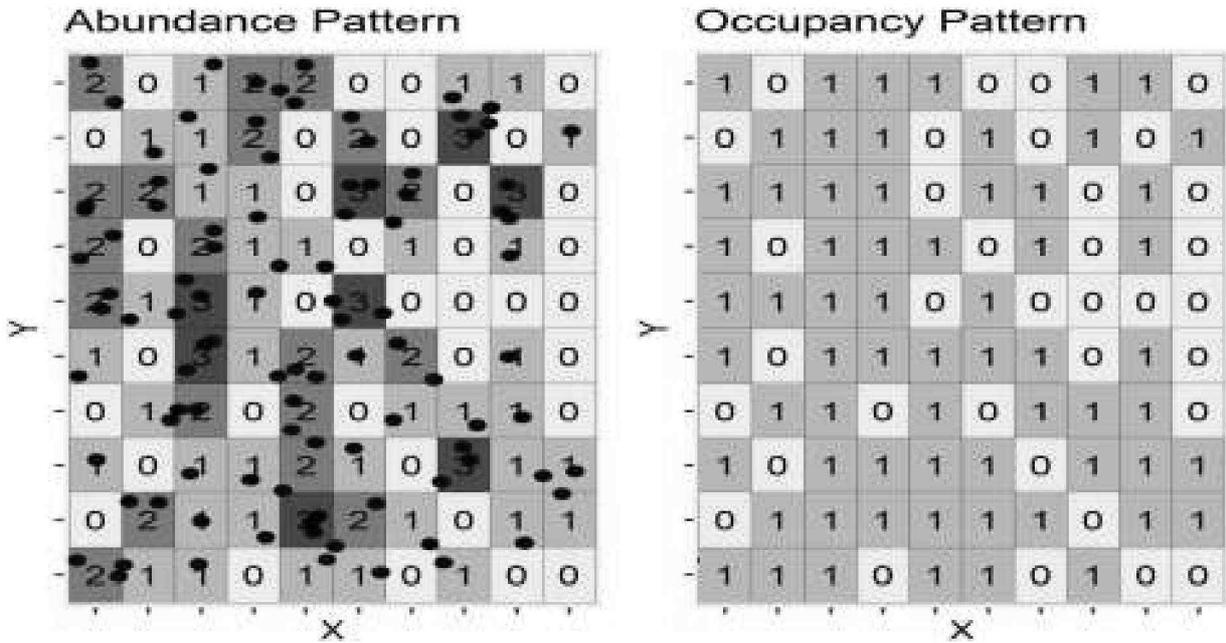


그림 7. Abundance vs Occupancy 출현자료 비교(Therese donovan et al., 2023)

사향노루와 같은 희귀종은 실제로 존재하더라도 관측되지 않는 미탐지 오류(false absence)가 빈번하며 이는 단순 출현좌표 기반 종분포모델의 주요 한계로 알려져 있다. 이에 본 연구는 미탐지 오류를 확률적으로 반영해 불확실성을 모델링 과정에서 처리할 수 있는 Occupancy model (spOccupancy, R)을 적용하여 점유확률(ψ)과 탐지확률(p)을 동시에 추정하였다. 즉, 관찰되지 않았다는 사실을 '부재'로 단정하지 않고 반복조사 자료를 통해 해당 지점이 실제로 점유되었을 확률을 계산하도록 하였다. 점유모델의 실제 상태(z)는 사이트 i 에서 점유확률(ψ)을 갖는 베르누이 분포로 정의되며 ψ 는 점유 공변량과 logit link로 연결하였다. 관측자료(y)는 실제 상태(z)와 탐지확률(p)에 의해 결정되는 베르누이 분포를 따르며 p 역시 탐지 공변량과 logit link로 연결하였다.

권역 내 상대적 풍부도(또는 개체수 지표)를 추정하기 위해서는 N-mixture model(spAbundance, R)을 활용하였다. N-mixture 모델은 관측값만으로 실제 개체

수를 파악하기 어려운 야외 모니터링에서 탐지확률을 고려하여 잠재적 실제 개체 수(N)와 환경요인의 영향을 함께 추정할 수 있는 장점이 있다. 본 연구에서는 사이트 i의 실제 개체수(N)를 평균 풍부도(λ)를 따르는 포아송 분포로 정의하고 λ 는 풍부도 공변량과 log link로 연결하였다. 관측된 출현수(y)는 탐지확률(p)을 성공확률로 하는 이항분포(Binomial)로 모델링하였으며 p는 탐지 공변량과 logit link로 설명하였다. 이와같이 점유모델과 풍부도모델을 결합하여, 분포와 풍부도를 동시에 해석할 수 있는 통합 모니터링 프레임워크를 구성하였다.

Occupancy model

Occupancy model은 어떤 장소에 특정 종이 실제로 존재하는지(점유여부)를 추정하는 통계모델이다. 이 모델의 핵심은 관찰되지 않았다고 해서 없는게 아니라는 미탐지 오류를 해결하는데 있다. 현실조사에서는 탐지실패가 흔하게 나타난다. Occupancy model은 탐지확률까지 함께 추정하여 그 지점에 종이 실제로 살고 있었을 확률을 계산한다. 점유모형은 여러 번의 반복 조사데이터를 이용하여 점유확률(psi)와 탐지확률을 동시에 추정한다. 그럼으로써 단순히 관찰이 안 되는 것이 “없음”을 의미하는게 아니라 0이지만 존재할 수 있는 확률을 계산해준다. 또한 Occupancy model은 서식환경(토양조건, 식생지수 등) 및 조사조건(날씨 등)과 같은 환경변수를 넣어 탐지할 수 있다. 희귀종, 수생곤충 등 탐지가 어려운종에 매우 유용하게 활용된다.

Occupancy model에서는 실제 상태(z_j)는 사이트 $j = 1, 2, \dots, J$ 에서 점유확률(ψ_j)을 성공확률로 정의되는 베르누이 분포로 정의된다.

$$z_j \sim \text{Bernoulli}(\psi_j)$$

사이트(j)를 종이 점유할 확률을 나타내는 점유확률(ψ_j)은 점유 공변량과 logit link함수로 연결된다. 본 연구에서 사용된 점유 공변량과 점유확률의 관계는 아래와 같다.

$$\text{logit}(\psi_j) = X_j^T \beta$$

관측치인 조사자료($y_{j,k}$)는 실제 상태(z_j)와 탐지확률($p_{j,k}$)로 정의되며 베르누이 분포를 따른다. 조사자료는 사이트(j)에서 조사 횟수($k = 1, 2, \dots, K$)로 구분된다. 마찬가지로 탐지확률($p_{j,k}$)은 탐지 공변량과 logit link함수로 연결된다.

$$y_{j,k} | z_j \sim \text{Bernoulli}(z_j \times p_{j,k})$$

$$\text{logit}(p_{j,k}) = V_j^T \alpha$$

☑ N-mixture model

N-mixture model은 관찰값만으로는 정확한 개체 수 파악이 어려운 야외모니터링에서 필수적인 기법이다. 탐지확률을 고려한 실제 개체 수와 환경요인의 영향을 함께 추정할 수 있어, 장기모니터링, 서식지평가, 보전관리 의사결정에 매우 유용하게 사용된다. N-mixture 모델은 실제 개체수(N_j)가 평균 풍부도(λ_j)를 따르는 포아송분포로 정의된다. 마찬가지로 평균 풍부도(λ_j)는 풍부도 공변량과 log link함수로 설명된다.

$$N_j \sim \text{Poisson}(\lambda_j)$$

$$\log(\lambda_j) = X_j^T \beta$$

그리고 풍부도 관측 데이터($y_{j,k}$)는 성공확률을 탐지확률($p_{j,k}$)로 가질 때, 실제 개체수(시행횟수, N_j) 중에서 관찰된 개체 수($y_{j,k}$)로 정의된다. 마찬가지로 탐지확률($p_{j,k}$)은 탐지 공변량으로 설명된다.

$$y_{j,k} | N_j \sim \text{Binomial}(N_j, p_{j,k})$$

$$\text{logit}(p_{j,k}) = V_j^T \alpha$$

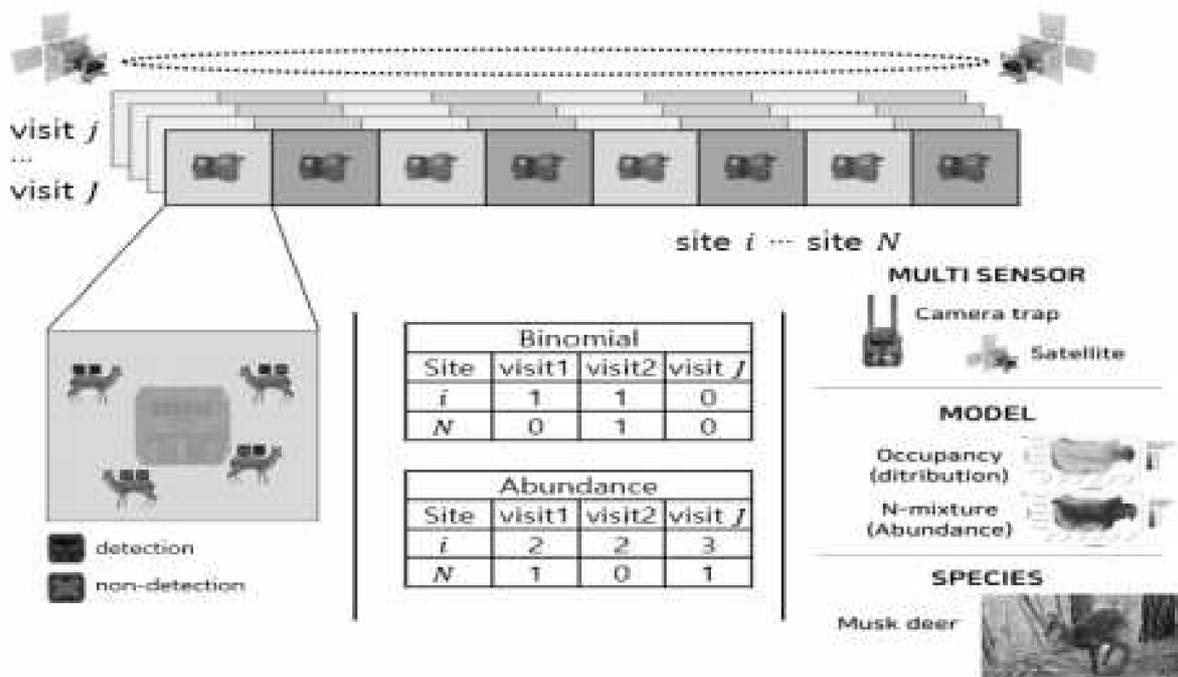


그림 8. 사향노루 분포·풍부도 추정을 위한 Multi-Sensor 통합 모니터링 개념도

모수 추정은 베이지안 MCMC로 수행하였다. spOccupancy는 체인당 10,000회 샘플링을 수행하고 초기 3,000회는 burn-in으로 제외하였다. 상관성 감소를 위해 2회 반복(thinning=2)의 기록만 저장하였고 총 3개 체인을 실행하였다. spAbundance는 1,600,000회 수행하였으며 초기 20,000회를 제외하고 200회 반복(thinning=200)의 기록만 포함하였으며 총 3개 체인을 실행하였다. 수렴성 평가는 Gelman-Rubin 통계량 기반 $R\text{-hat} \leq 1.1$ 기준으로 판단하였다. 후보모형 비교는 WAIC를 이용하였으며 WAIC는 ELPD와 PD로 계산($WAIC=2[ELPD-PD]$)하고 WAIC가 낮을수록 예측력이 높은 모형으로 해석하여 최종 모형을 선정하였다.

점유확률과 탐지확률을 설명하기 위해 지형 및 식생 공변량을 포함하였다. 점유 및 풍부도 공변량은 고도(Elevation), 경사(Slope), 거칠기(Roughness), TRI, TPI, 북사면(Northness), 동사면(Eastness) 등 지형 변수와, 캐노피 높이(Canopy height), NDVI, 순 1차 생산량(NPP), 총생산성(TPLSP) 등 식생 변수로 구성하였다. 탐지확률 관련 공변량은 카메라트랩의 관측편향을 반영하기 위해 카메라 작동기간(조사 시간)을 사용하였다.

표 3. 모델에 활용한 환경변수 설명

Occupancy & Abundance covariates				
Variable	Mean	Range	Source	Resolution
Elevation	512.7	321-678	SRTM	30m×30m
Slope	24.01	9.5-42.8	SRTM	30m×30m
Roughness	36.5	14.8-73.7	SRTM	30m×30m
TRI	11.1	4.9-21.1	SRTM	30m×30m
TPI	0.9	-6.9-6.6	SRTM	30m×30m
Northness	-0.06	-0.99-0.99	SRTM	30m×30m
Eastness	-0.1	-0.98-0.99	SRTM	30m×30m
Canopy height	21	6-26	GLAD	30m×30m
NDVI	0.91	0.86-0.92	CLMS	300m×300m
NPP	5.97	5.79-6.05	CLMS	300m×300m
TPLSP	294	229-335	CLMS	300m×300m
Detection covariates				
Survey time	140	9-192	-	-

다. 사향노루 신규서식지 발굴

본 연구의 신규서식지 발굴은 종분포모형(SDM)과 서식지 연결성(Connectivity) 분석을 결합한 접근으로 수행하였다. 먼저 전국 단위로 구축된 잠재서식지 분석 결과(SDM 산출물)를 활용하여 사향노루의 서식 가능지역을 공간적으로 예측하고 그 결과를 바탕으로 실제 확산이 일어날 가능성이 높은 지역을 우선순위로 도출하였다. 특히 기존 출현지(주요 서식지: 화천·양구)로부터 최단거리(Least-cost distance) 및 이동 저항을 고려하여 단순히 좋은 서식지가 아니라 현실적으로 접근·확산이 가능한 후보지를 선별하였다.

다음으로, SDM에서 도출된 잠재서식지 중 핵심서식지(Core habitat) 간 연결성 분석을 수행하여 사향노루의 잠재 확산 경로(이동 통로)를 예측하였다. 이를 통해 잠재서식지의 ‘적합도’뿐 아니라, 주변 핵심서식지와의 연결 정도가 높은 지역을 우선 조사 대상으로 설정하였다.

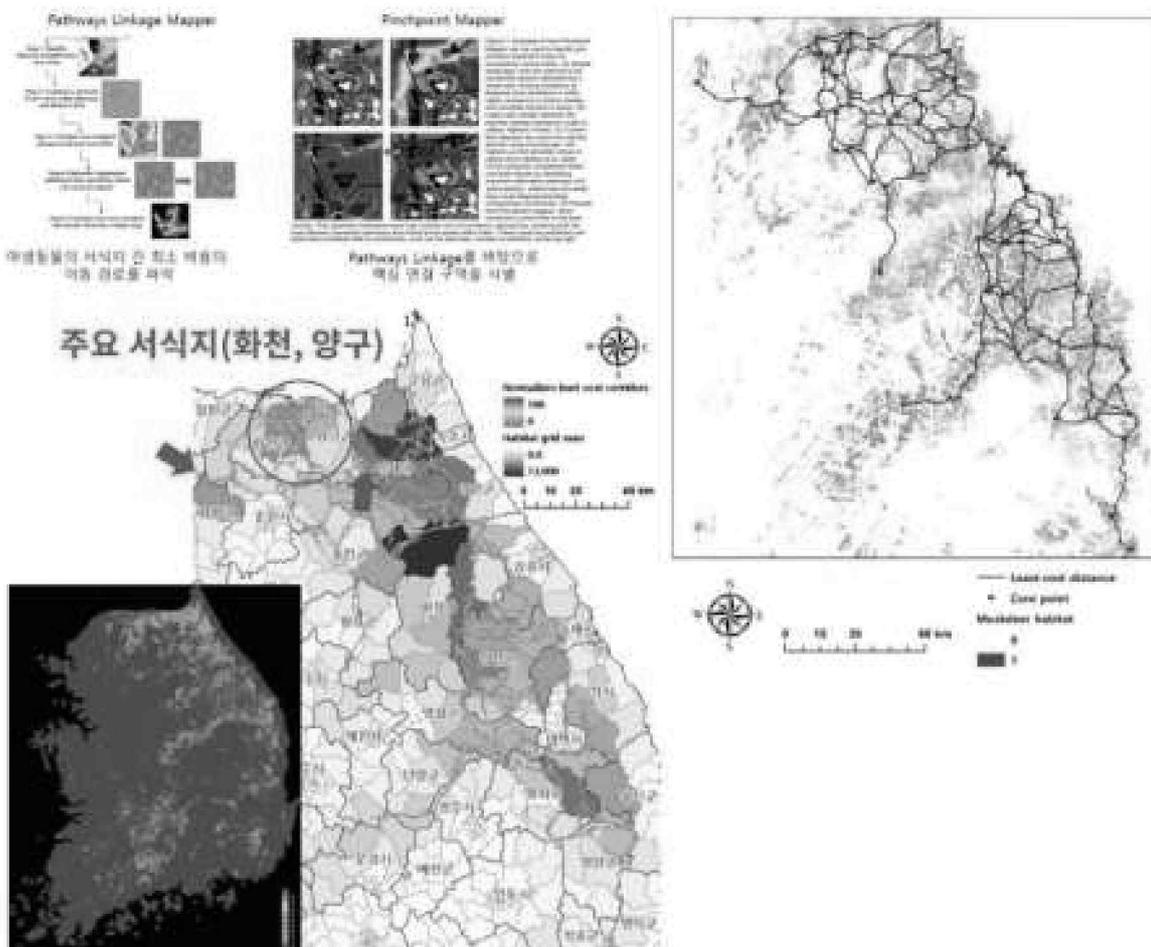


그림 9. 사향노루 신규서식지 조사지점

이상의 결과를 종합하여 우선 조사 대상지를 선정하였다. 기존 주요 서식지(화천·양구)와의 연결성이 높고 확산 가능성이 큰 지역으로 강원도 인제군 인접 산림을 1차 후보지로 도출하였으며 추가적으로 권역 확장 및 비교를 위해 경기도 포천 외곽을 후보지로 포함하였다. 마지막으로 선정된 후보지에 대해서는 실제 서식 여부 확인을 위한 서식흔적(배설물·이동흔 등) 확인과 함께 후보지의 핵심 구간에 카메라트랩을 설치하여 사향노루의 출현 여부를 검증하였다. 이 과정을 통해 모델 기반 예측(잠재서식지·연결성·확산경로)이 실제 출현으로 이어지는지를 확인하고 향후 신규서식지 보전·관리 우선순위 설정에 활용할 수 있는 근거자료를 확보하였다.

III. 연구결과 및 고찰

1. 비침습적 방법을 활용한 사향노루 먹이원 연구

본 사향노루 먹이원 연구는 비침습적 방법으로 확보한 분변 시료를 기반으로 NGS 분석을 수행하고 그 결과를 분류학적 먹이원 구성(Taxonomy)과 군집다양성(Diversity) 관점에서 종합적으로 해석하였다. 먼저 1월부터 11월까지 총 39개의 사향노루 추정 분변 샘플을 수집하였으며 지역별로는 강원권(춘천·화천) 38개, 경기권(포천) 1개로 구성되었다. 경기권에서는 분변 확보가 제한적이었으나 무인센서카메라 자료에서 사향노루의 지속적인 서식이 확인되어 해당 지역에서도 먹이원 기반 생태 정보의 확보 필요성이 확인되었다.

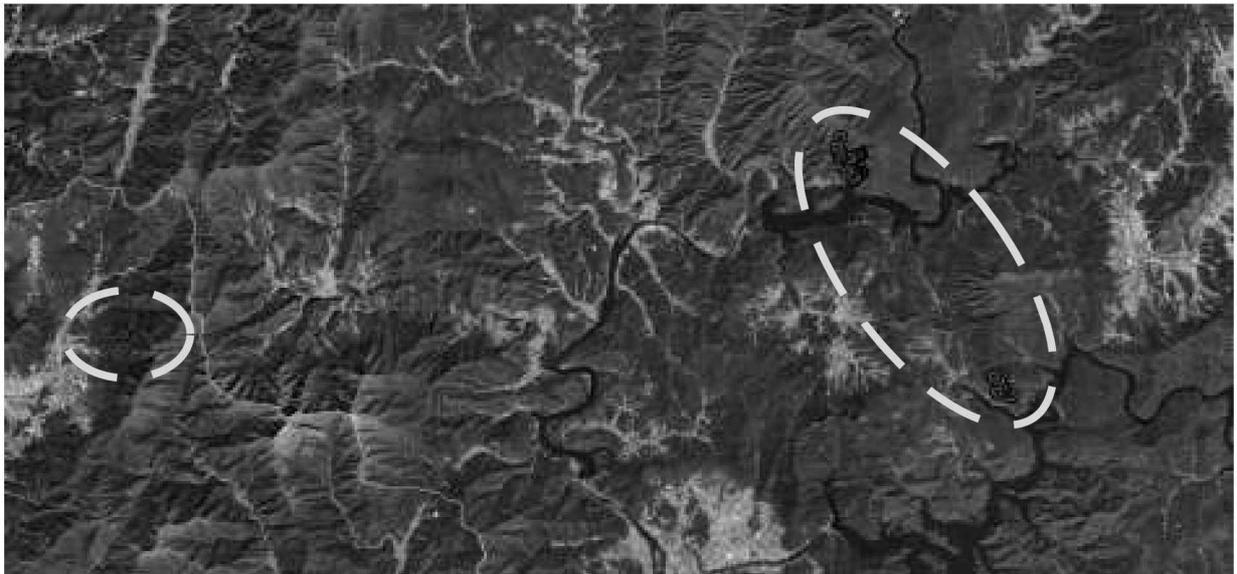


그림 10. 사향노루 먹이원 분석을 연구를 위한 분변수집 대상지(강원권, 경기권)

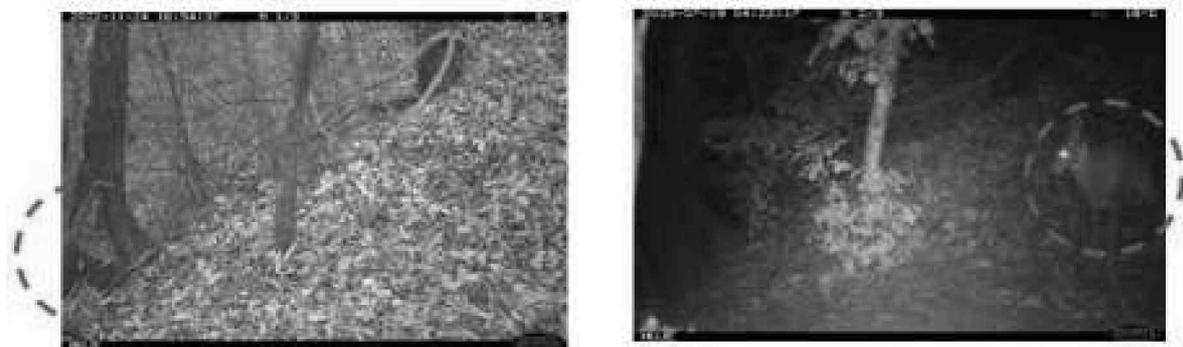


그림 11. 경기권(포천)에서 촬영된 사향노루

표 4. 먹이원 연구를 위해 수집된 사향노루 분변샘플

N.O	샘플번호	수집지역	N.O	샘플번호	수집지역
1	25-1-1	춘천	21	25-5-8	화천
2	25-2-1	춘천	22	25-5-9	화천
3	25-2-2	춘천	23	25-5-10	화천
4	25-2-3	춘천	24	25-6-1	춘천
5	25-3-1	화천	25	25-7-1	화천
6	25-4-1	화천	26	25-7-2	화천
7	25-4-2	화천	27	25-7-3	화천
8	25-4-3	화천	28	25-7-4	춘천
9	25-4-4	화천	29	25-7-5	화천
10	25-4-5	화천	30	25-7-6	화천
11	25-4-6	화천	31	25-7-7	화천
12	25-4-7	화천	32	25-7-8	화천
13	25-4-8	화천	33	25-7-9	화천
14	25-4-9	화천	34	25-7-10	화천
15	25-5-1	화천	35	25-7-11	춘천
16	25-5-2	화천	36	25-7-12	춘천
17	25-5-3	화천	37	25-7-13	춘천
18	25-5-4	화천	38	25-7-14	춘천
19	25-5-5	화천	39	25-9-1	포천
20	25-5-7	화천			

시퀀싱 전 단계에서 수행한 라이브러리 QC 결과, 전체 39개 시료 중 25개 시료에서 증폭이 확인(Pass)되었고 14개 시료는 증폭 실패(Fail)로 분석에서 제외되었다. 즉, 최종 먹이원 분석은 QC를 통과한 25개 시료를 중심으로 수행되었다. 시퀀싱 이후 품질 필터링, denoising, 병합 및 키메라 제거를 거쳐 확보된 최종 비키메라 서열(non-chimeric)의 규모는 시료별로 큰 차이를 보였다. 특히 5월(25-5) 시료들은 비교적 충분한 유효 서열이 확보된 반면, 7월(25-7) 일부 시료에서는 최종 서열 수가 매우 낮게 나타나 시료 간 데이터 깊이(coverage) 차이가 존재함을 확인하였다. 이는 분변의 노화 정도, 환경 노출, DNA 분해, 억제물질(inhibitor) 등 현장 시료 특성에 따른 영향 가능성을 시사한다.

표 5. QC 데이터 통계

샘플번호	Raw data	Raw data Length Trimming	Raw data Length Trimming	Quality Filter	denoised For	denoise Rev	merged Pair	non chimeric
25-2-2	132,042	132,042	35,075	34,711	34,599	34,663	34,297	33,597
25-5-1	181,499	181,499	84,900	83,852	83,022	83,089	78,197	72,905
25-5-2	179,478	179,478	94,575	93,896	93,075	93,632	89,809	85,440
25-5-3	95,760	95,760	44,535	44,101	43,857	43,970	42,648	41,523
25-5-4	97,098	97,098	47,785	47,268	47,118	47,151	45,899	44,014
25-5-5	86,623	86,623	48,367	47,942	47,368	47,451	43,732	42,686
25-5-7	101,332	101,332	54,723	54,245	53,897	53,954	51,985	50,676
25-5-8	68,647	68,647	28,431	28,160	27,859	27,764	26,533	25,729
25-5-9	153,205	153,205	48,698	48,162	47,874	47,905	45,988	44,682
25-5-10	143,268	143,268	41,529	41,079	40,774	40,822	39,151	38,348
25-7-1	360,151	360,151	1,017	982	967	969	787	787
25-7-2	179,744	179,744	2,351	2,323	2,318	2,279	2,206	2,206
25-7-3	497,699	497,699	1,815	1,784	1,760	1,771	607	607
25-7-4	163,638	163,638	672	645	605	629	454	454
25-7-5	690,129	690,129	345	326	303	309	157	187
25-7-6	441,829	441,829	502	461	424	448	380	380
25-7-7	130,104	130,104	1,136	1,120	1,098	1,113	916	916
25-7-8	189,418	189,418	1,211	1,196	1,165	1,185	750	719
25-7-9	440,648	440,648	446	420	390	409	232	232
25-7-10	565,302	565,302	1,599	1,545	1,499	1,509	1,244	1,244
25-7-11	101,688	101,688	1,204	1,186	1,124	1,146	1,031	1,029
25-7-12	89,617	89,617	302	292	285	288	284	281
25-7-13	432,860	432,860	427	415	401	407	385	385
25-7-14	98,904	98,904	1,961	1,893	1,866	1,888	1,810	1,707
25-9-1	284,310	284,310	477	450	422	436	385	385

분류학적 분석(Taxonomy analysis)은 과(Family)·속(Genus)·종(Species) 수준에서 풍부도/빈도 기반 비교로 수행하였다. 먼저 과(Family) 수준에서는 상위 20개 분류군의 Bar plot 및 Heatmap 결과를 통해 주요 먹이원 후보군의 패턴을 확인하였고, 미동정을 제외한 주요 분류군으로 Pinaceae(소나무과), Ericaceae(진달래과), Moraceae(뽕나무과), Strophariaceae(끈적버섯과) 등이 상대적으로 높은 비중을 보였다.

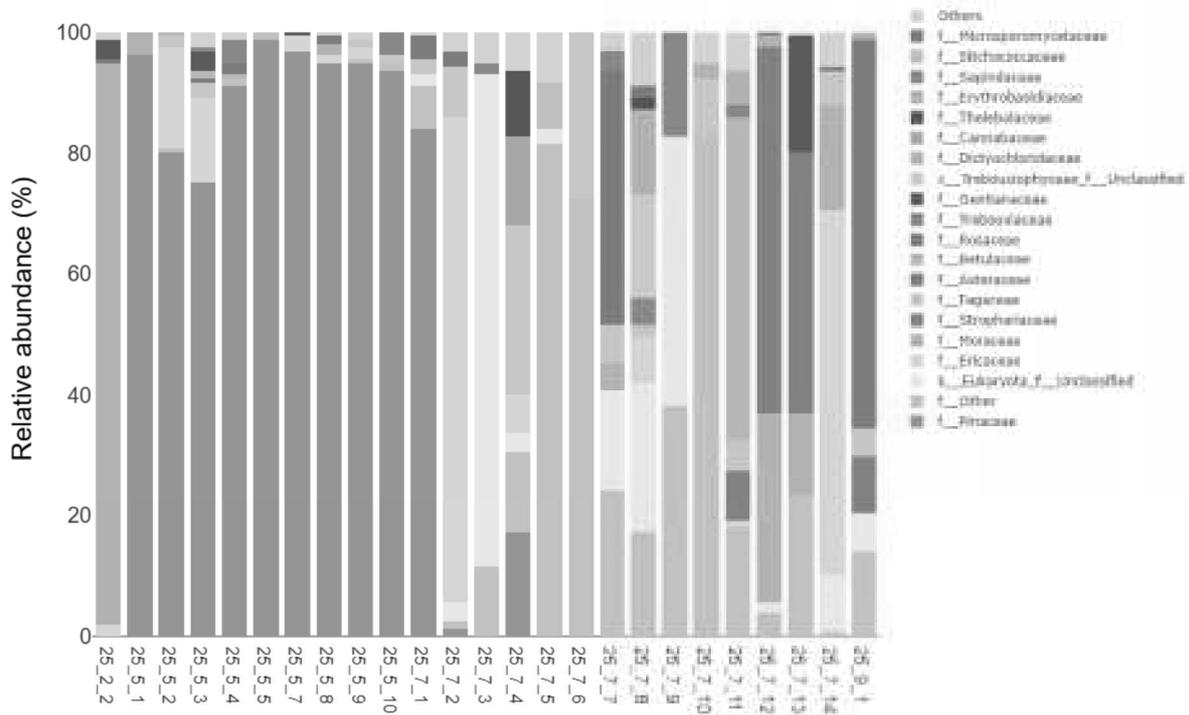


그림 13. Bar plot(Family)

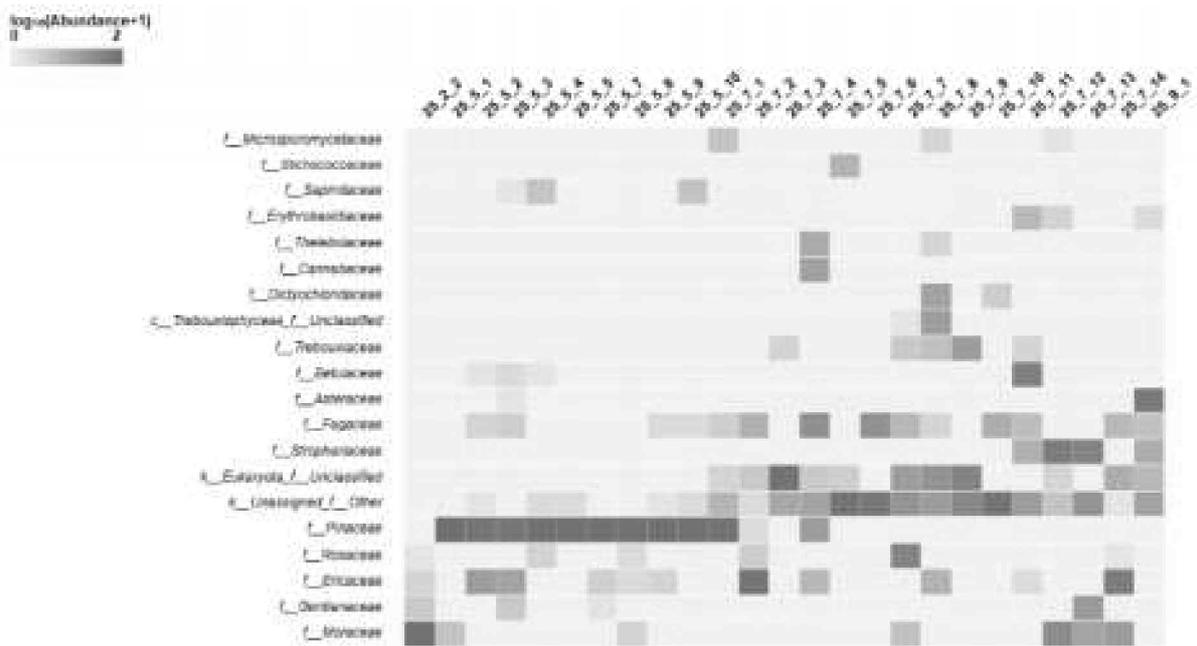


그림 14. Heatmap plot(Family)

속(Genus) 수준에서는 Pinus(소나무속), Rhododendron(진달래속), Morus(뽕나무속), Quercus(참나무속), Ambrosia(돼지풀속) 순으로 주요 분류군이 도출되었다.

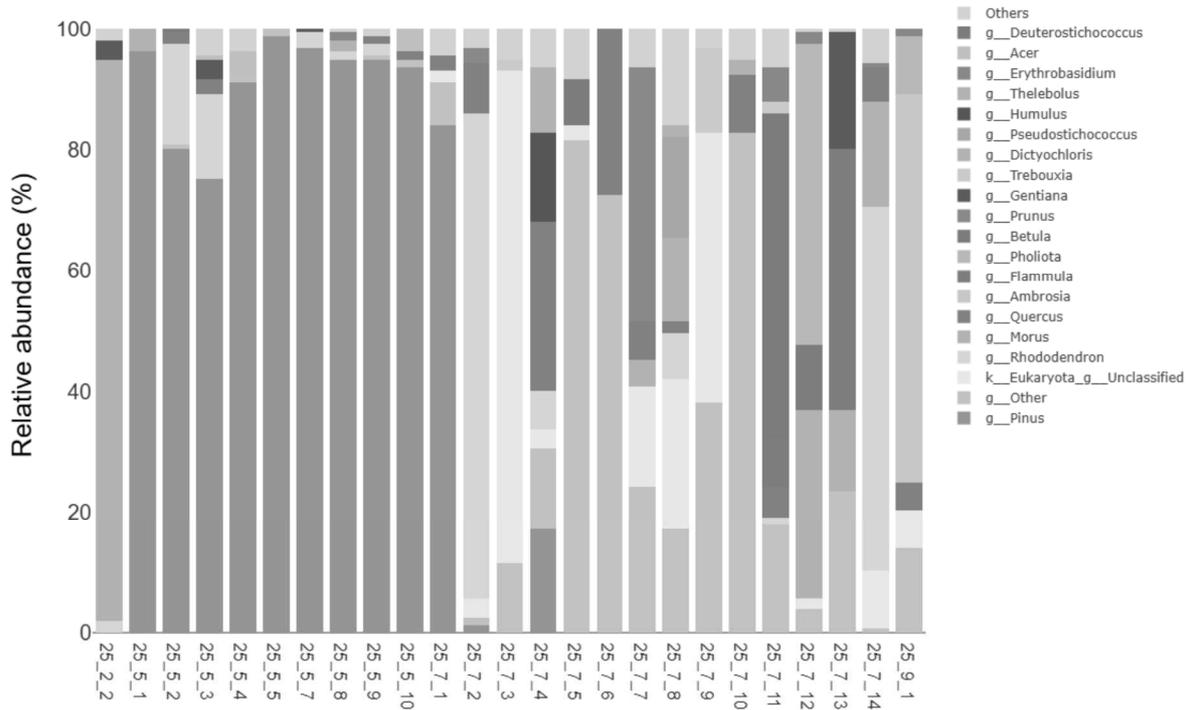


그림 15. Bar plot(Genus)

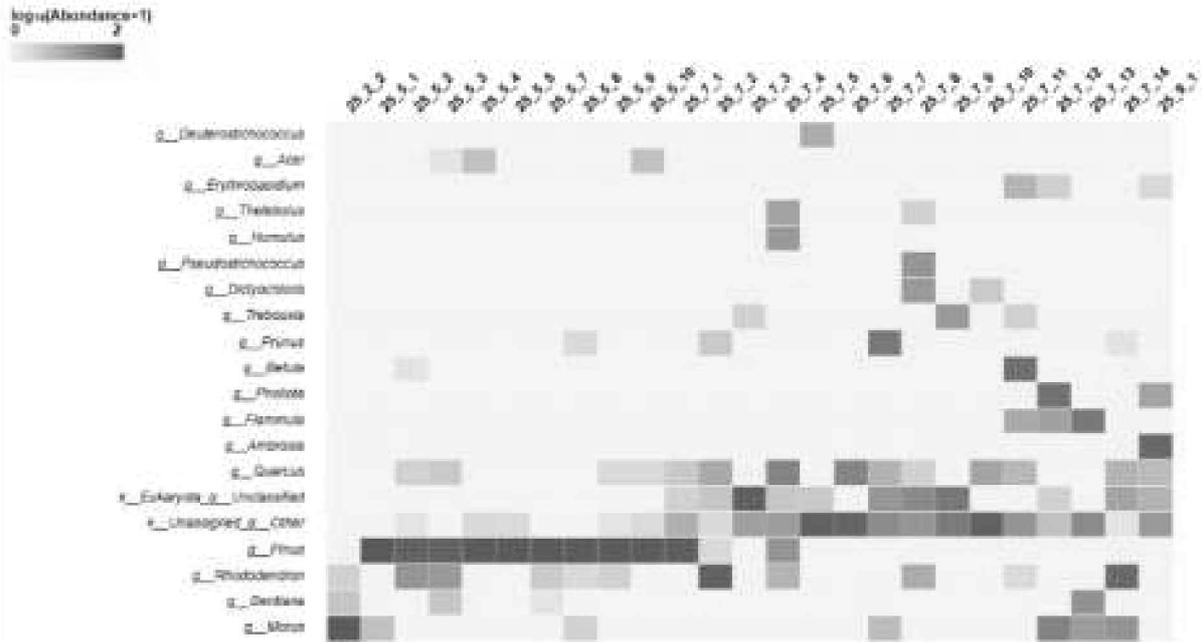


그림 16. Heatmap plot(Genus)

종(Species) 수준의 분석에서는 *Pinus mugo*, *Rhododendron augustinii*, *Morus alba*, *Quercus mongolica*, *Ambrosia trifida* 등이 상위 빈도로 나타났다. 다만 종 수준 결과는 참조 DB의 구성, 표적 마커의 분해능, 지역 식물상과의 불일치 가능

성(외래종/원예종 서열과의 혼동 등) 영향을 받을 수 있으므로 본 연구의 목적(먹이식물 목록 구축)에 맞추어 현장 식물상 조사 및 국내 분포 정보와의 교차검증을 병행하는 방식으로 해석의 정확도를 보완할 필요가 있다.

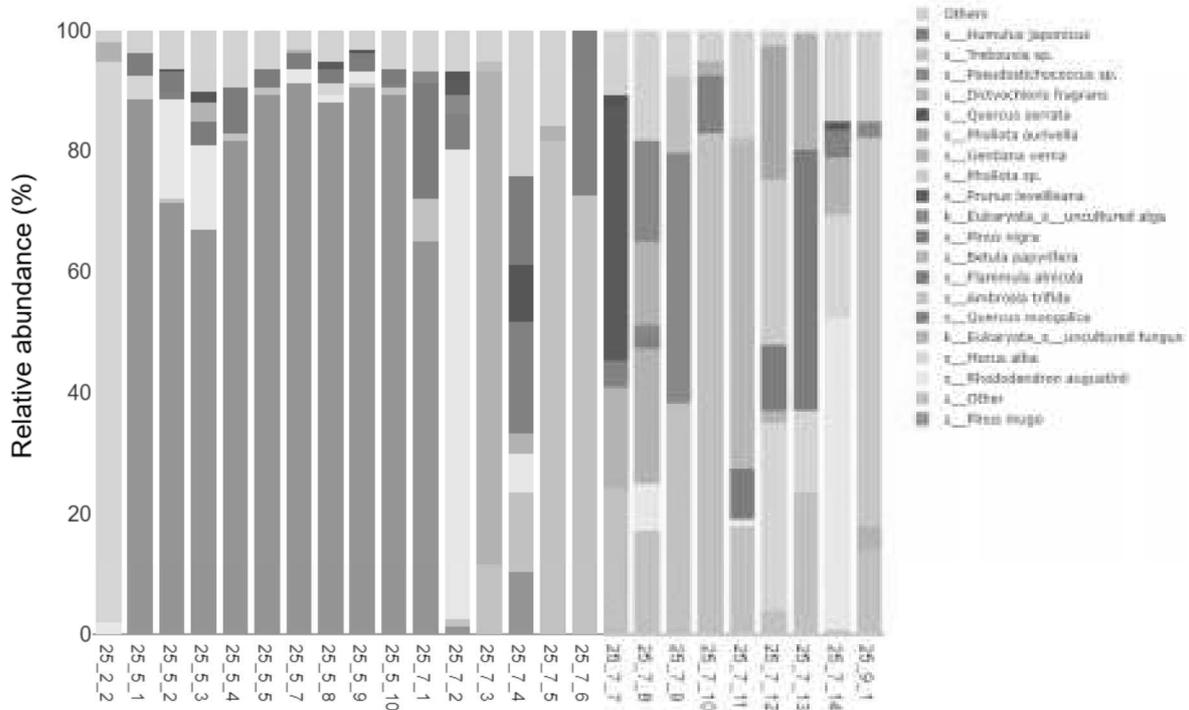


그림 17. Bar plot(Species)

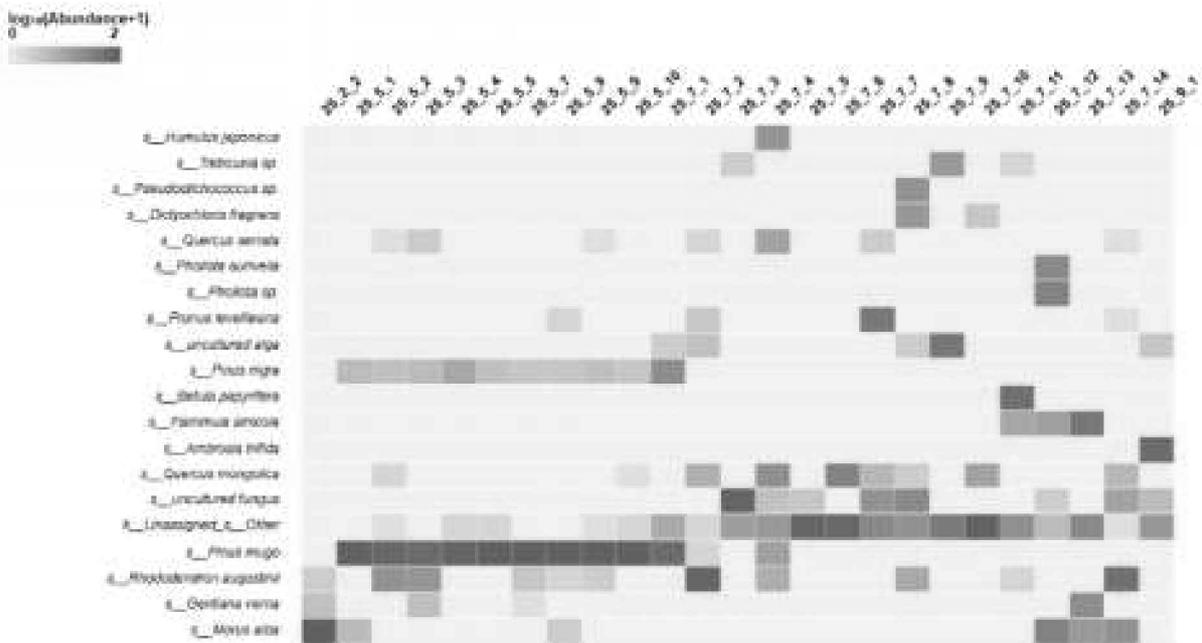


그림 18. Heatmap plot(Species)

군집다양성(Diversity analysis)에서는 알파다양성(Alpha diversity)과 베타다양성(Beta diversity)을 모두 산출하여 시료 내 다양성과 시료 간 차이를 함께 평가하였다. 알파다양성 지표(ASVs, Chao1, Shannon, Faith's PD, Simpson, Gini-Simpson)를 종합하면 시료별 종수(ASVs)와 추정 풍부도(Chao1)는 시료 간 변동이 크게 나타났다. 일부 시료에서는 Chao1이 120 이상으로 높아 희귀 분류군이 포함된 복잡한 먹이원 조성 가능성이 시사되었다. Shannon과 Gini-Simpson은 전반적으로 2.5~3.2 및 0.6~0.75 범위에 주로 분포하여 시료별 종수 차이는 존재하더라도 군집의 균등성(특정 분류군의 과도한 우점 여부)은 비교적 안정적인 경향을 보였다. 특히 25-2-2 시료는 Shannon 및 Gini-Simpson이 낮아 군집다양성이 상대적으로 낮았고 5월 시료군부터 다양성 지표가 뚜렷하게 증가하는 양상을 보인 뒤, 이후 시료들에서는 변동 폭이 커지는 패턴이 관찰되었다. Rarefaction curve 분석에서는 대부분 시료에서 서열 수 증가에 따라 다양성 지표가 증가하다가 일정 수준에서 증가율이 둔화되어 전반적으로 시퀀싱 깊이가 다양성 평가에 충분했음을 시사하였다. 다만 일부 시료는 plateau 형성이 불명확하여, 해당 시료의 경우 추가 시퀀싱 또는 반복 시료 확보가 필요할 가능성도 확인되었다.

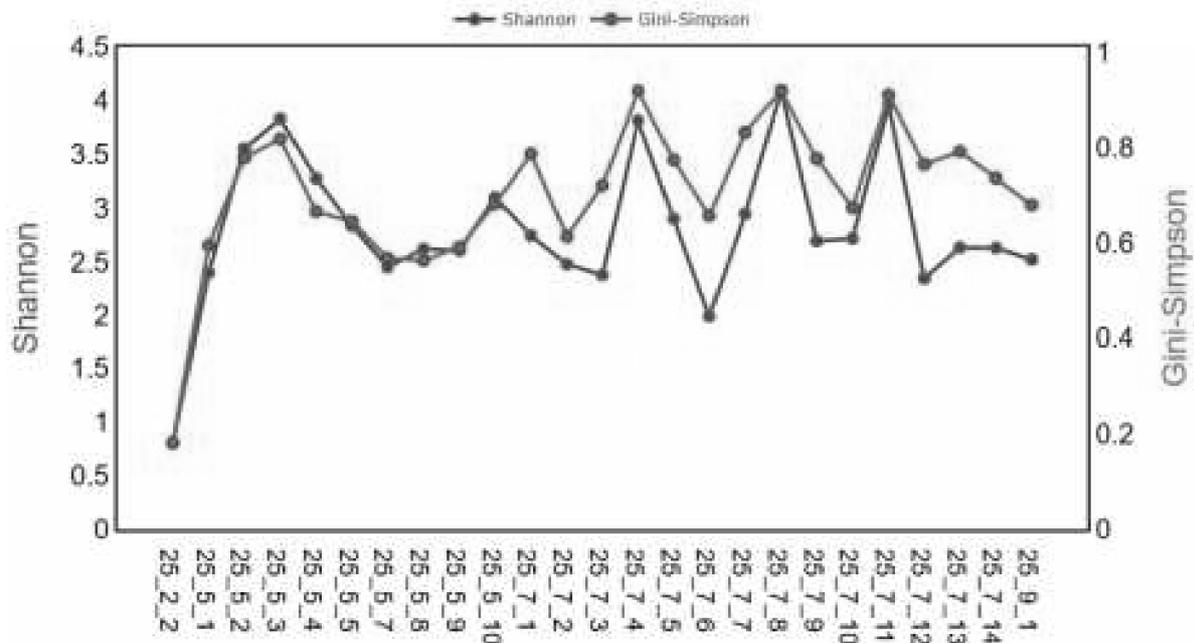
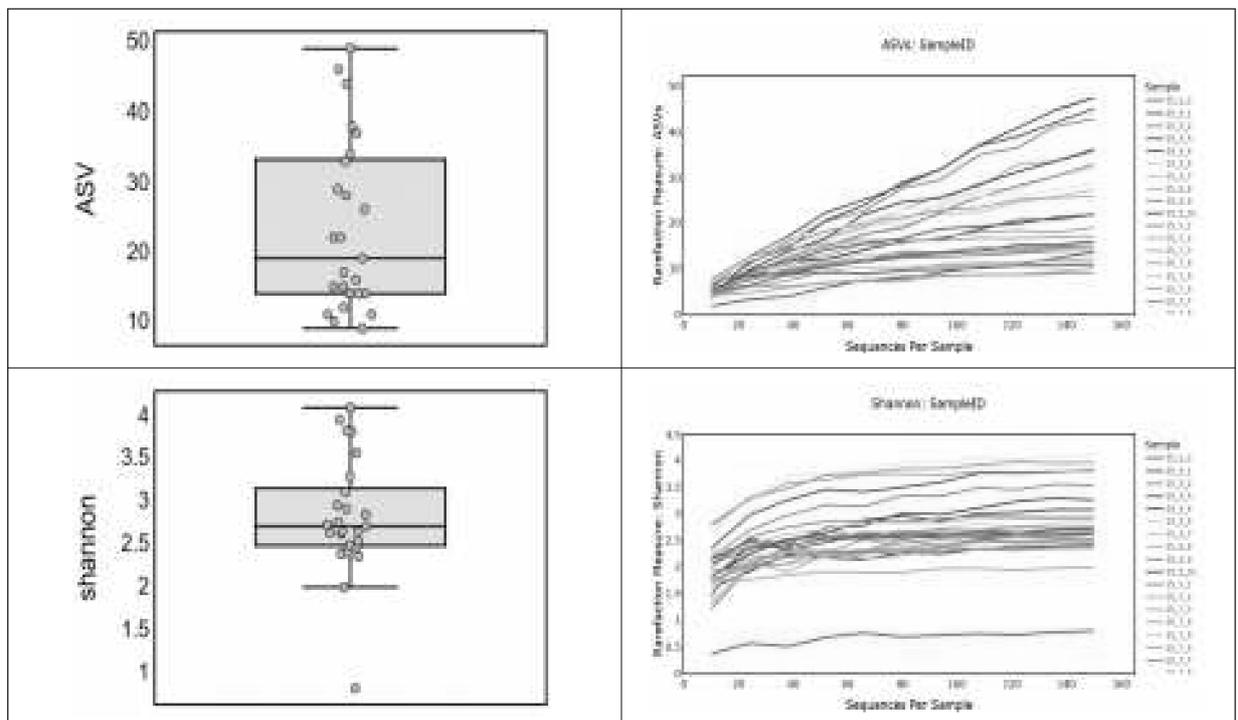


그림 19. 샘플별 Community Diversity

표 6. 알파다양성(Alpha diversity) 지표 값

샘플번호	ASVs	Chao1	Shannon	Faith's_PD	Simpson	Gini-Simpson
25-2-2	14	32.33333333	0.802492781	1.727459258	0.818816179	0.181183821
25-5-1	22	28	2.400891873	1.180034419	0.4037892	0.5962108
25-5-2	44	110.4285714	3.55526007	2.498588191	0.220820317	0.779179683
25-5-3	46	89.5	3.830226519	2.212313385	0.181954643	0.818045357
25-5-4	49	132.25	3.277860834	2.909435	0.333928354	0.666071646
25-5-5	33	68	2.837604769	0.739933521	0.354375431	0.645624569
25-5-7	28	41.125	2.452766011	1.304129816	0.430565134	0.569434866
25-5-8	38	92	2.625092556	2.110881194	0.435514625	0.564485375
25-5-9	34	142.3333333	2.609771624	1.443208393	0.407278186	0.592721814
25-5-10	37	68.625	3.099136277	3.420546929	0.317457098	0.682542902
25-7-1	14	15.5	2.747286022	7.943438855	0.213030955	0.786969045
25-7-2	19	19.42857143	2.47967266	4.415370855	0.385532882	0.614467118
25-7-3	12	12.33333333	2.380094296	9.660554646	0.278834841	0.721165159
25-7-4	17	17	3.815267393	6.321292632	0.081666599	0.918333401
25-7-5	14	14	2.902155065	11.30688769	0.226256643	0.773743357
25-7-6	10	13	1.98792837	9.425063954	0.34236683	0.65763317
25-7-7	15	17	2.947475118	8.757397282	0.168647815	0.831352185
25-7-8	29	38	4.093456631	11.24113215	0.081342042	0.918657958
25-7-9	11	11	2.698543788	7.592554416	0.223660189	0.776339811
25-7-10	22	26.2	2.719888093	17.35722217	0.325895574	0.674104426
25-7-11	26	28.14285714	3.959332967	13.43225853	0.090510771	0.909489229
25-7-12	9	9	2.34887877	4.484467355	0.235344233	0.764655767
25-7-13	11	11.5	2.638081037	8.025338615	0.208324881	0.791675119
25-7-14	16	18	2.63272405	4.166517237	0.26382409	0.73617591
25-9-1	15	15	2.524116163	9.982660579	0.32021583	0.67978417



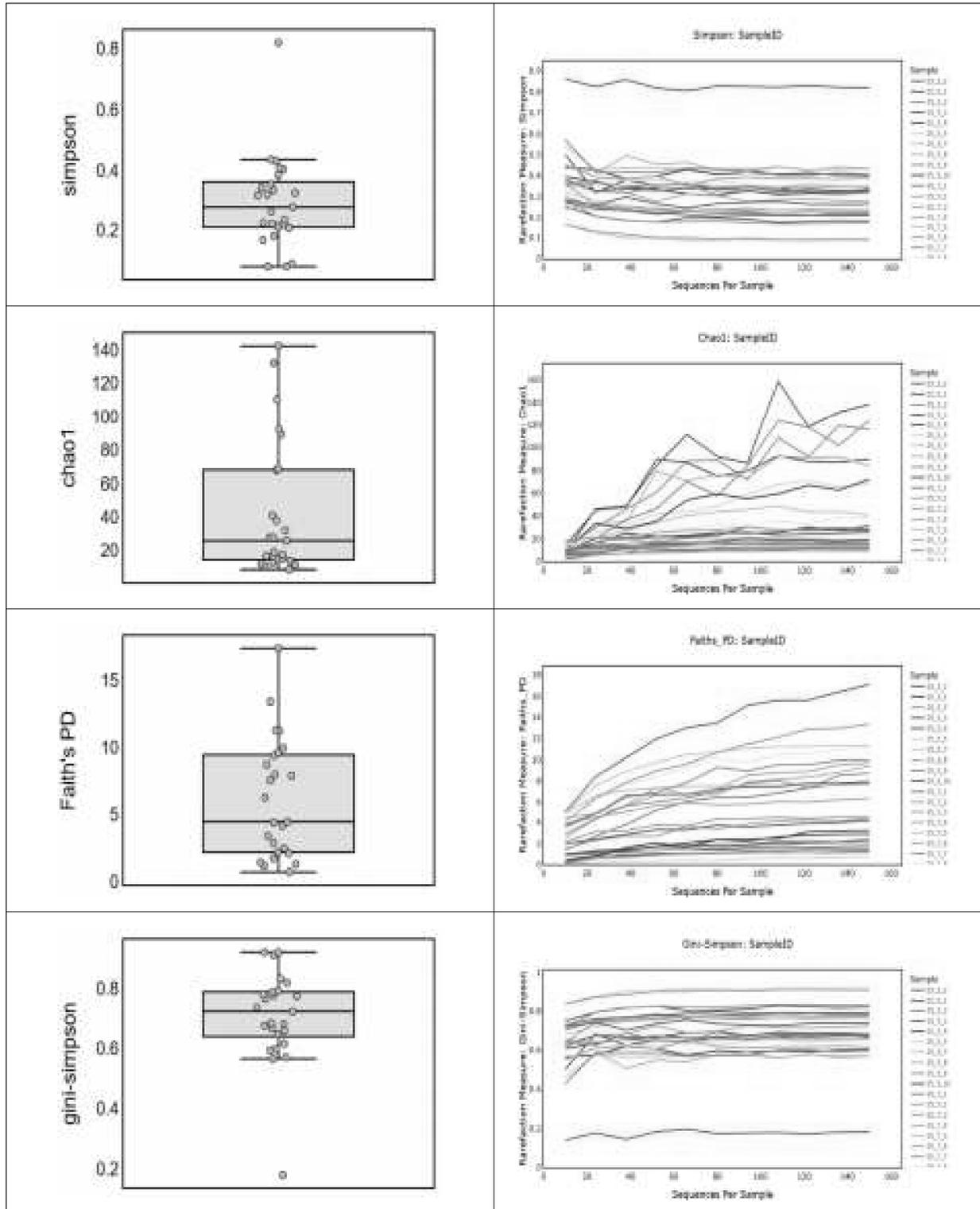


그림 20. Community Diversity by Boxplot 및 Rarefaction Curve

베타다양성 분석에서는 Bray-Curtis(풍부도 기반)와 Weighted/Unweighted UniFrac(계통 기반; 풍부도 반영 여부 차이)을 사용하여 Distance matrix, UPGMA, PCoA를 수행하였다. 그 결과 5월(25_5) 시료군은 다른 월 시료에 비해 서로 유사한 군집구성을 보였으며, 이는 Bray-Curtis 거리와 Weighted UniFrac 거리 모두에서 5월 시료 간 차이가 상대적으로 낮게 나타난 점과 일치한다. PCoA에서도 Bray-Curtis 기반 분석에서 25_5 시료군이 한 축 방향으로 밀집하여 유사한 종조성 군집을 형성한 반면, 25_2 및 25_7 시료군은 또 다른 군집으로 분리되는 양상이 나타나 월별(계절적) 먹이원 구성 변화 가능성을 뒷받침하였다. Weighted UniFrac 기반 PCoA에서는 전체 시료가 비교적 중앙에 밀집해 전반적 유사성을 보이면서도, 일부 시료(예: 25_7_3, 25_7_10)가 크게 분리되어 특정 계통 분류군의 상대적 풍부도 변화가 군집 차이를 확대했을 가능성이 제시되었다. Unweighted UniFrac 기반 PCoA에서는 존재/부재 정보만으로도 25_2와 25_7 그룹 간 분리가 확인되어 두 그룹이 어떤 분류군이 존재하는가 자체에서 차이가 있음을 시사하였다.

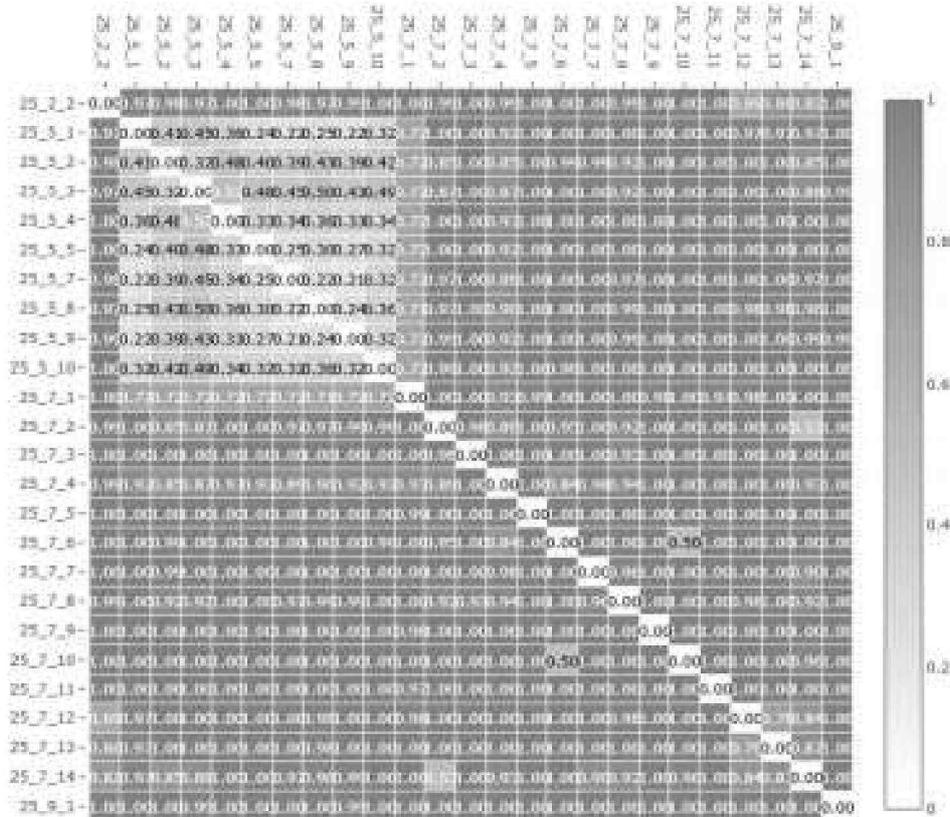


그림 21. Distance Matrix - Bray Curtis

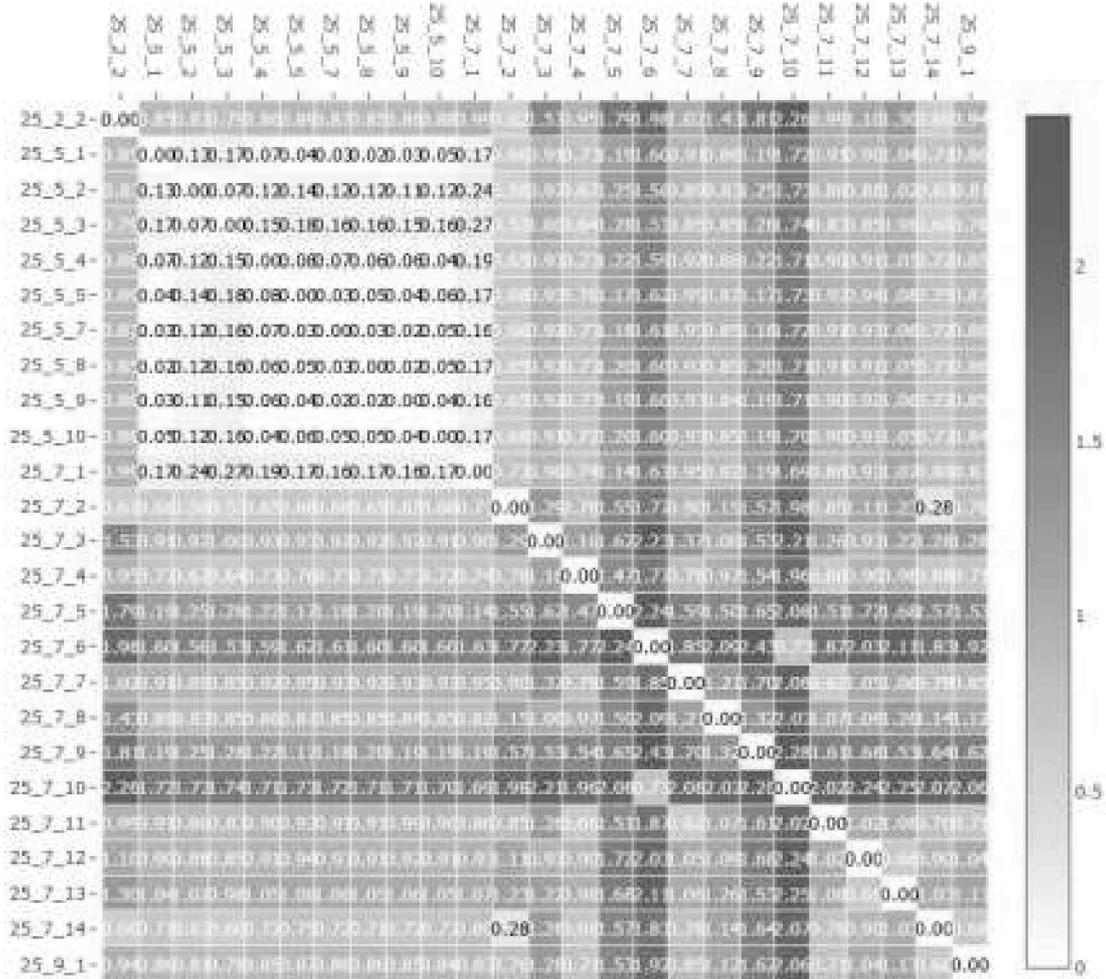


그림 22. Distance Matrix - Weighted Unifrac

종합하면 본 연구는 제한된 경기권 시료 확보라는 제약이 있음에도 강원권 중심의 다수 시료에서 NGS 기반 먹이원 정보를 확보하여 사향노루 먹이식물의 구성을 과·속·종 수준으로 제시하였다. 또한 다양성 및 군집 비교 결과는 시료 간 종수와 계통학적 폭이 크게 달라질 수 있음을 보여주었으며 특히 일부 월(예: 5월) 시료군에서 군집구성이 상대적으로 유사하게 나타난 점은 계절에 따른 먹이원 이용의 구조적 변화를 시사한다. 향후에는 경기권에서의 반복 시료 확보를 확대하고 종 수준 결과에 대해서는 현장 식물상·국내 분포 정보와의 교차검증을 강화함으로써 지역·계절별 먹이식물 목록의 신뢰도를 더욱 높일 수 있을 것이다.

2. 카메라 트랩을 이용한 사향노루 개체군 동태

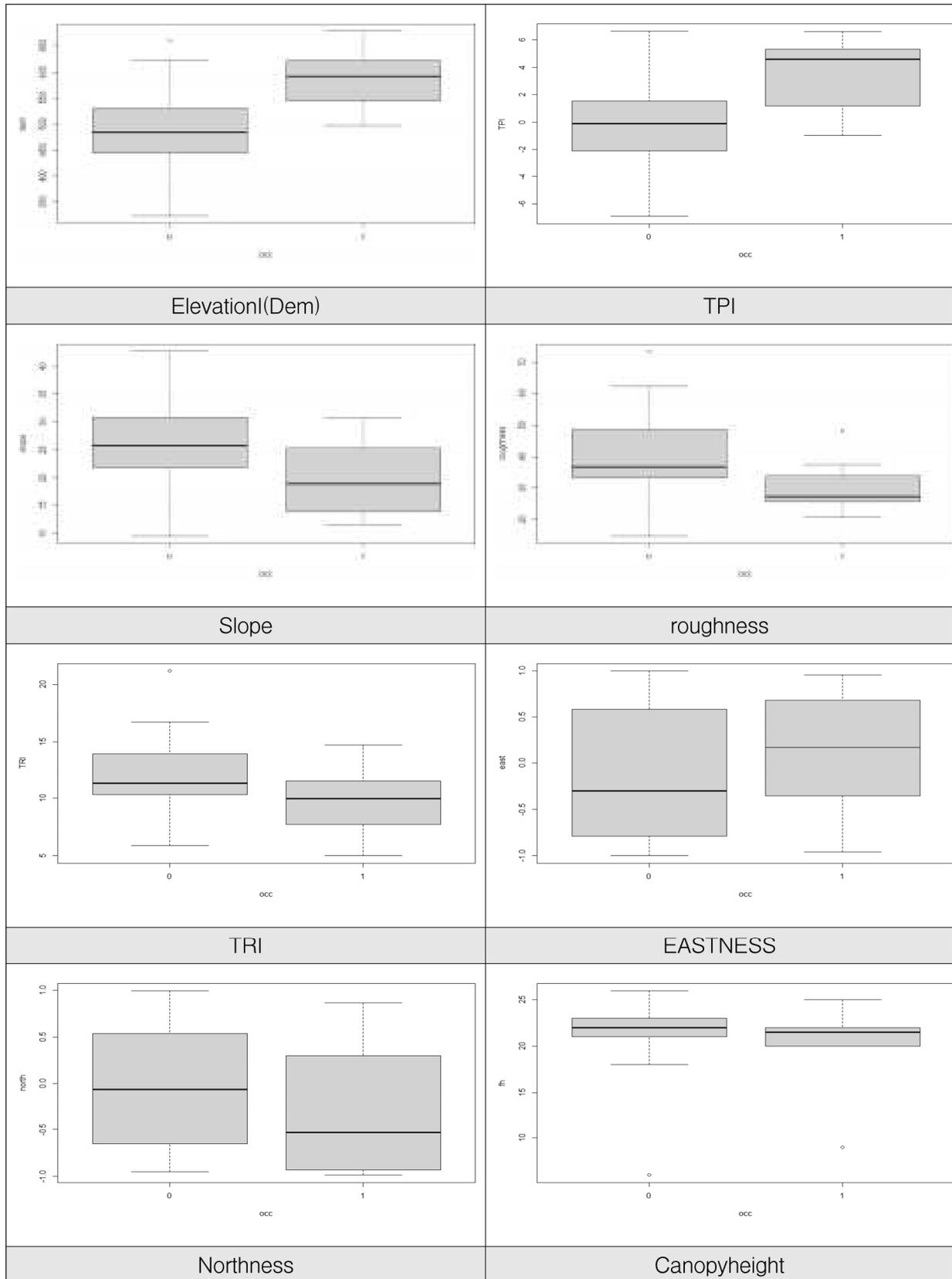
본 연구에서는 비침습적 방법으로 사향노루의 개체군 동태(분포·점유 및 상대 풍부도)를 파악하기 위해 춘천권역 격자형 카메라트랩 자료를 기반으로 점유모델(Occupancy)과 풍부도모델(Abundance)을 적용하였다. 2025년 1월부터 6월까지 250 m × 250 m 격자로 구성된 총 35개 조사 지점에서 무인센서카메라를 운용한 결과, 11개 지점에서 사향노루 출현이 확인되었다. 특히 한 지점에서는 최대 10회 까지 관찰되었고, 어미와 새끼가 함께 촬영되어 춘천권역 내에서 번식이 실제로 이루어지고 있음을 확인하였다.



그림 23. 사향노루 출현격자(11개) & 권역 내 사향노루 번식확인

출현지점(1)과 비출현지점(0)의 서식특성을 비교하기 위해 환경 공변량의 분포를 점검한 결과, 식생변수보다 지형변수에서 차이가 뚜렷하게 나타났다. 출현지점은 비출현지점에 비해 고도(Elevation)와 TPI가 높고, 경사(Slope), 거칠기(Roughness), TRI는 낮은 경향을 보였다. 사면방향은 동쪽 및 남쪽에서 출현이 상대적으로 많았으나 전반적인 차이는 크지 않았고 식생 변수(NDVI, NPP, TPLSP, 캐노피 높이 등)는 출현지점에서 다소 낮게 나타났으나 차이가 제한적이었다(환경변수 Boxplot 및 통계량 표 참조). 즉, 춘천권역 내 사향노루는 상대적으로 고도가 높고 지형이 완만하며(낮은 경사·거칠기·TRI), 지형 위치지수(TPI)가 높은 지점에서 출현하는 경향이 확인되었다.

표 7. 사향노루 출현지점 vs 비출현지점 환경변수별 Boxplot



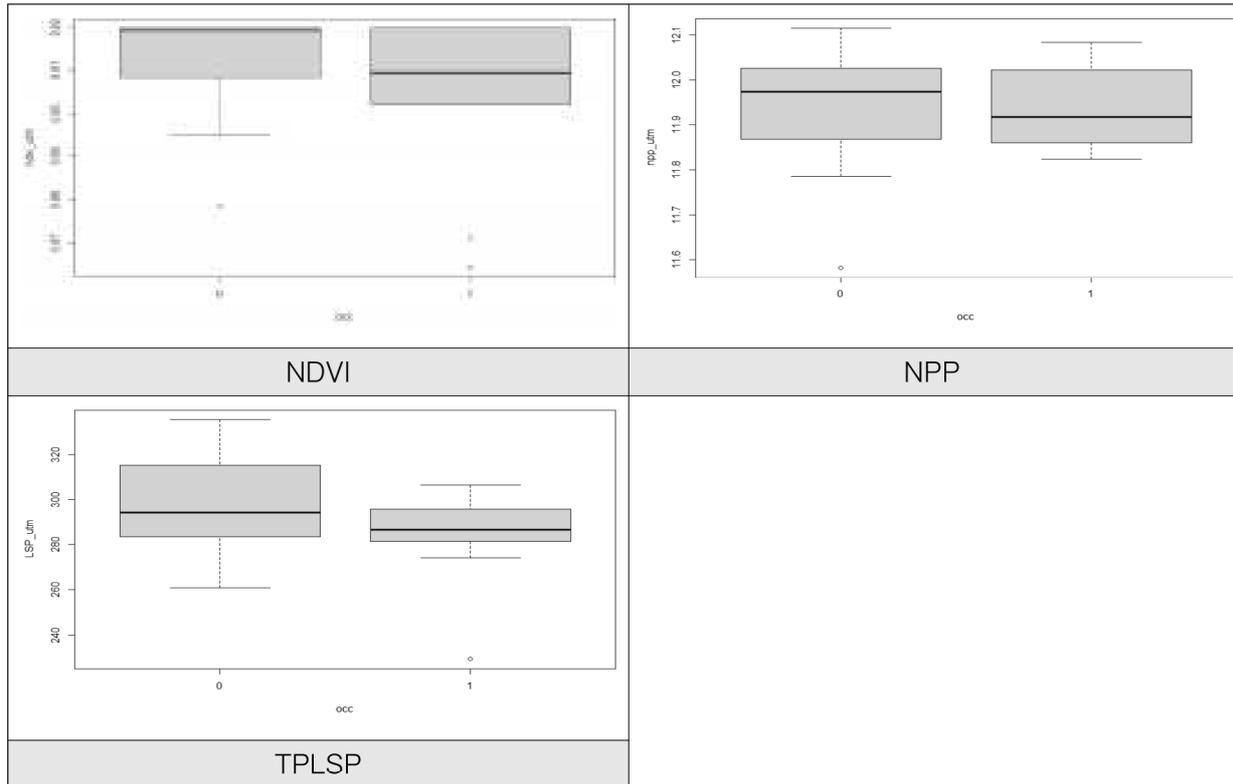


표 8. 사향노루의 출현지점과 비출현지점의 환경변수별 통계량

Variable	Occurrence(0/1)	1st Qu.	Mean	3rd Qu.
Elevation	0	444.5	481.1	530.6
	1	554.8	591.5	619.8
Slope	0	21.83	25.65	30.96
	1	14.51	19.90	25.14
Roughness	0	33.17	38.95	48.66
	1	25.57	30.52	33.89
TRI	0	10.319	11.846	13.896
	1	7.742	9.549	11.247
TPI	0	-2.092	-0.226	1.528
	1	1.892	3.732	5.258
Northness	0	-0.6553	-0.0325	0.5366
	1	-0.8835	-0.2929	0.1554
Eastness	0	-0.7907	-0.1250	0.5866
	1	-0.3291	0.0719	0.6390
Canopy height	0	21.0	21.8	23.0
	1	20.25	20.50	22.00
NDVI	0	0.9084	0.9138	0.92
	1	0.9032	0.9043	0.92
NPP	0	11.87	11.95	12.03
	1	11.86	11.94	12.01
TPLSP	0	283.3	298.2	315.3
	1	281.7	283.5	295.7

모델링 단계에서는 최적의 예측력을 확보하기 위해 (1) VIF(분산팽창계수) 기반으로 다중공선성이 의심되는 변수를 제거한 모델, (2) 지형변수만 적용한 모델, (3) 식생변수만 적용한 모델의 3개 후보모형을 구성하여 비교하였다. VIF 기반 변수 제거 모델은 고도와 경사도 등 일부 변수 조합에서 MCMC 수렴이 불안정하여 추가 조정이 필요했고, 최종 모형 선택은 WAIC 기준으로 수행하였다. 비교 결과, 식생변수만 사용한 모델(Veg)의 WAIC가 199.304로 가장 낮아(예측력 우수) spOccupancy 및 spAbundance 분석에 적용하였다. 다만 spAbundance 모델은 전반적으로 MCMC 수렴이 충분히 안정적으로 이루어지지 않는 문제가 확인되어 결과 해석에 주의가 필요하다.

표 9. spOccupancy모델 WAIC값 비교

	spOccupancy			spAbundance		
	elpd	pD	WAIC	elpd	pD	WAIC
VIF	-93.283	6.479	199.526	-	-	-
Topo	-93.583	8.060	203.287	-	-	-
Veg	-95.708	3.943	199.304	-	-	-

점유모델(spOccupancy) 분석 결과, 35개 조사 지점에서 사향노루의 평균 점유 확률(mean occupancy)은 0.482로 추정되었고, 절편(Intercept=0.512) 기반의 평균 기대 점유확률은 0.628이었다. 이는 단순 출현비(11/35=0.28)에 비해 높게 평가되는 값으로, 반복조사 과정에서 발생할 수 있는 미탐지 오류를 보정했기 때문으로 해석된다. 점유 공변량 중에서는 TPLSP는 음의 효과(95% 신뢰구간이 0을 포함하지 않음)로, NPP는 양의 효과로 통계적으로 유의하게 나타나 생산성 지표가 사향노루의 점유 확률 변동과 관련됨을 시사하였다. 탐지모형에서는 카메라 작동기간(cam effort)이 길수록 탐지확률이 증가하는 효과가 확인되었으며 전체 평균 탐지 확률은 0.05로 매우 낮아 사향노루가 카메라트랩 기반 조사에서 탐지 자체가 어려운 중임을 재확인하였다.

표 10. 점유모델 공변량 parameter

Occurrence					
Covariates	Mean	SD	2.5%	50%	97.5%
Intercept	0.505	1.626	-2.654	0.512	3.702
Canopy height	-0.261	0.203	-0.710	-0.243	0.089
TPLSP	-0.042	0.021	-0.086	-0.041	-0.001
NDVI	0.308	1.641	-2.905	0.295	3.547
NPP	2.851	1.174	0.632	2.825	5.238
Detection					
Intercept	-2.90	0.50	-3.90	-2.89	-1.97
cam effort	2.01	0.80	0.63	1.94	3.77
cam effort^2	-0.11	0.66	-1.64	-0.03	0.94

풍부도모델(spAbundance)에서는 사향노루의 평균 풍부도가 2.64로 추정되었으나, 풍부도 공변량들에서 통계적으로 유의한 변수는 확인되지 않았다. 탐지확률 역시 점유모델과 동일하게 cam effort가 증가할수록 높아지는 경향을 보였고, 평균 탐지확률은 0.02로 더욱 낮게 평가되었다. 앞서 언급한 바와 같이 spAbundance의 수렴 문제가 보고된 만큼, 풍부도(및 상대밀도) 결과는 참고 수준의 해석과 함께 추가 자료 축적 또는 모형 설정 보완이 요구된다.

표 11. 풍부도 모델 공변량 parameter

Abundance					
Covariates	Mean	SD	2.5%	50%	97.5%
Intercept	1	8.49	-15.53	0.97	18.14
slope	0.02	0.13	-0.23	0.01	0.30
Roughness	-0.06	0.07	-0.22	-0.06	0.08
TRI	0.07	0.31	-0.59	0.08	0.66
Eastness	0.15	0.44	-0.72	0.16	1.01
Northness	-0.34	0.53	-1.41	-0.34	0.68
Canopy height	0.005	0.1	-0.19	0.002	0.21
NDVI	-14.60	8.97	-32.66	-14.39	2.61
NPP	2.21	1.87	-1.40	2.17	6.10
Detection					
Intercept	-3.96	0.84	-5.71	-3.91	-2.43
cam effort	2.04	0.87	0.43	2.01	3.83
cam effort^2	0.02	0.70	-1.55	0.09	1.17

마지막으로 점유 및 풍부도 예측지도를 구축하여 공간적 패턴을 해석하였다. 점유확률 분포(Occupancy probability distribution)에서는 사향노루 출현지점을 표시한 결과, 조사격자 기준 중앙 능선부에서 점유확률이 높고, 좌측 사면은 상대적으로 낮게 나타났다. 전체 예측지도에서도 점유확률이 높은 지역은 주로 정상부 능선대로 도출되었다. 상대 풍부도 및 밀도 맵에서도 가장 빈번하게 출현한 지점 주변에서 값이 높았고 전반적으로 능선을 따라 높게 계곡부에서 낮게 평가되는 경향이 확인되었다. 점유확률 결과와 함께 해석하면 춘천권역 내 사향노루의 핵심 이용공간은 산림 능선축을 따라 정상부로 연결되는 구조를 보이는 것으로 추정된다. 조사격자 기반 상대밀도 산정에서는 대상지 내 최대 상대밀도가 우측 하단 가장자리 지점에서 1.5로 평가되어 향후 집중 모니터링 및 보전·관리 우선구역 설정의 근거로 활용될 수 있다.

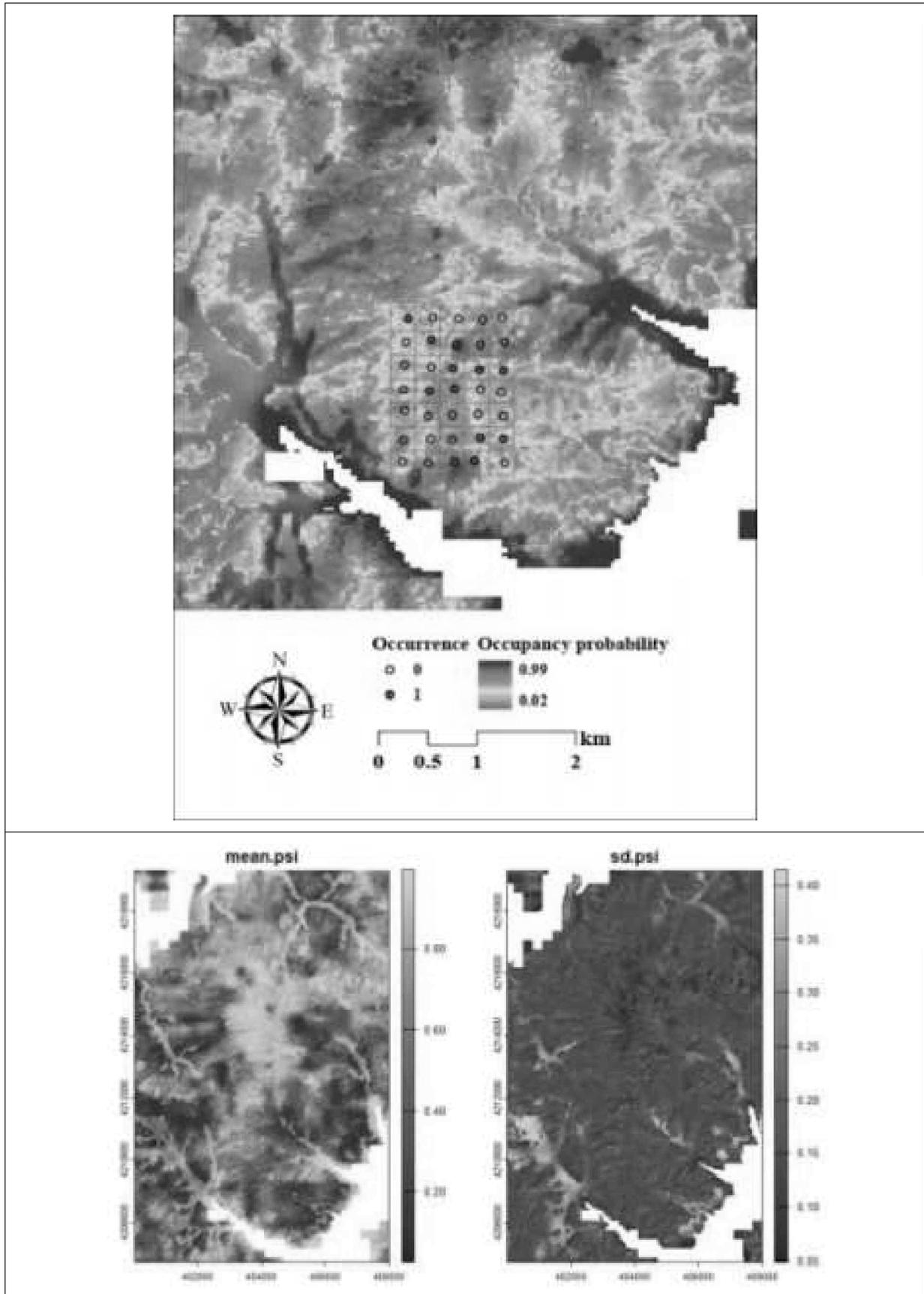


그림 24. Occupancy probability distribution

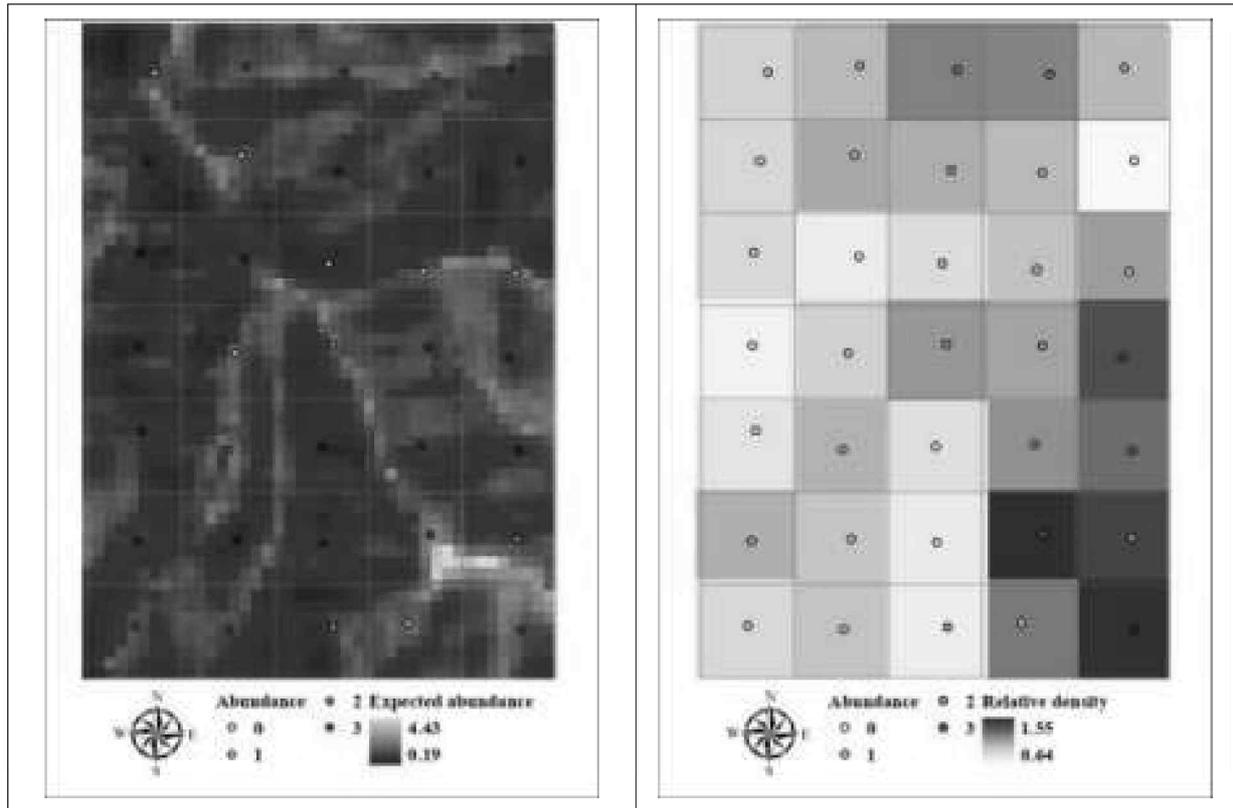


그림 25. 상대 풍부도 및 밀도 맵

3. 사향노루 신규서식지 발굴

본 연구의 신규서식지 조사는 잠재서식지(적합도) 분석과 서식지 연결성 분석 결과를 기반으로 우선순위 지역을 도출한 뒤, 해당 지역에서 카메라트랩 및 흔적(분변) 조사를 통해 실제 서식 여부를 검증하는 방식으로 수행하였다.

먼저 잠재서식지 분석 결과, 사향노루의 잠재 서식 가능지역은 백두대간 축을 따라 광범위하게 분포하는 경향을 보였으며 그중에서도 강원도 인제군 및 홍천군 일대가 핵심 후보지로 도출되었다. 이들 지역은 공통적으로 산림이 울창하고 인위적 간섭이 상대적으로 적은 고지대 중심의 환경 특성을 보여 사향노루 서식에 적합한 조건을 갖춘 것으로 평가되었다.

이후 연결성 분석을 통해 기존 서식권과의 연결성이 높은 확산 가능 지역을 선별하였고 이를 바탕으로 인제군 산림과 경기 북부(포천 외곽)를 우선 현장조사 대상으로 선정하였다. 선정 지역에서는 사향노루의 실제 출현을 확인하기 위해 카메라트랩 설치와 함께 이동흔·섭식흔·배설물 등 현장 흔적조사를 병행하였다.

현장 조사 결과, 조사기간 동안 카메라트랩 영상 및 흔적(분변 등)에서 사향노루를 확증할 수 있는 증거는 확인되지 않았다. 즉, 모델 기반으로 도출된 잠재서식지임에도 불구하고 이번 조사 범위와 노력도 내에서는 실제 서식(출현) 여부가 확인되지 않는 상태로 정리된다. 이는 대상지에서의 개체 밀도가 매우 낮거나 계절적 이용(일시적 이동·확산) 탐지확률 저하(은밀성·활동패턴·설치 위치/기간 등)로 인해 미탐지되었을 가능성을 배제할 수 없다.

종합적으로, 이번 신규서식지 조사 결과는 (1) 잠재서식지 후보군(인제·홍천 축)과 연결성 기반 우선지역을 도출했다는 점에서 의미가 크나, (2) 현장 검증 단계에서는 사향노루 서식을 확정하지 못했으므로 잠재서식지에 대한 집중 현장조사 확대와 장기 모니터링 체계 구축이 필요하다. 향후에는 카메라트랩 설치 지점의 미세서식지 최적화, 조사기간·계절 반복, 흔적조사 강화를 통해 탐지확률을 높이고, 분석결과(SDM·연결성)를 현장자료로 재보정하는 단계적 검증이 요구된다.

참고문헌

- 국립생물자원관. (2015). 자생 생물자원의 유전자 다양성 연구-동물분야
- 국립생물자원관. (2017). 주요동물자원의 유전자 다양성 연구
- 국립생태원.(2021). 멸종위기종 야생개체군 동태 및 원인분석연구
- 김중택, 김건중, & 김현철. (2007). 멸종위기종 한국 사향노루의 서식지 조사. 한
국가축위생학회지, 30(3), 459-466.
- 노백호. (2019). 멸종위기 포유류 3종(사향노루, 산양, 수달)의 종분포모델 및 서식
지적합성지수 모델의 비교연구. 계명대학교
- 문화재청. (1999). 천연기념물 산양과 사향노루의 분포와 생태 연구보고서
- 화천군. (2014). 멸종위기 사향노루 보호를 위한 서식실태 조사연구(최종보고서)
- 환경부, 국립생태원. (2016). 2016 DMZ 일원 생태계 조사 보고서; 민통선 이북지
역 생태계 조사. 국립생태원.
- 환경부. (2008). 멸종위기종인 사향노루의 서식지 관리 및 인공증식기술 개발. 생
태환경 이용·관리 기술. 서울대학교
- 환경부. (2018). 멸종위기 야생생물 보전 종합계획 2018~2027
- 환경부. (2018). 멸종위기 야생생물 보전 종합계획 2018~2027
- Corbet G.B(1978) The mammals of the Palaearctic Region: a taxonomic review.
Cornell University Press and British Museum of Natural History, London,
314pp.
- D. Michael Stoddart(1976). Effect of the odour of weasels (*Mustela nivalis* L.) on
trapped samples of their prey
- David A. Easterla(1970). First Records of the Least Weasel, *Mustela Nivalis*, From
Missouri and Southwestern Iowa
- David S. Jachowski(2009). Reintroducing the black-footed ferret *Mustela nigripes*
to the Great Plains of North America.
- Federal Service for Supervision of Natural Resources. (2012). Summary on the
activities of public authorities of subjects of the Russian Federation in the

- Siberian Federal District, exercising the powers transferred to the Russian Federation in the field of wildlife conservation. Department of the Federal Service for Supervision of Natural Resources of the Siberian Federal District, Novosibirsk.
- Flerov, K. K., & Biron, A. (1960). Fauna of USSR: mammals. Israel program for scientific translations.
- Groves CP, Wang YX, Grubb P (1995) Taxonomy of musk deer, genus *Moschus* (Moschidae, Mammalia). ACTA Theriologica Sinica, 15:181-197.
- Groves, C. P. (1987). Relationships of living deer. Biology and Management of the Cervidae, 21-59.
- Gueptner, V. G., Nasimovitch, A. A., Bannikov, A. G. (1961). The Mammals of the Soviet Union, 1. Vysshaya Shkola, Moscow, Russian Federation. Pp. 81-97.
- Janis, C. M. (1987). The interrelationship of higher ruminant families: with special emphasis on the member of the Cervoidea. American Museum Novitates, 2893, 1-85.
- Miller G.S.(1912) Catalogue of the mammals of western Europe. British Museum of natural History, Longdon, 1019 pp.
- Pan T, Wang H, Hu C, Sun Z, Zhu X, Meng T, Meng X, Zhang B (2015) Species delimitation in the Genus *Moschus* (Ruminantia: Moschidae) and its high-plateau origin. PLoS ONE, 10:e0134183
- Silvy, N.J. 2012. The Wildlife Techniques Manual: Volume 1: Research. Johns Hopkins University Press, Baltimore, MD, 686pp.
- Sokolov, V. E., & Prihod'ko, V. I. (1997). The taxonomy of the musk deer (Artiodactyla, Mammalia). Izvestiia Akademii nauk. Seriya Biologicheskaya, (6), 677-687.
- Su B, Wang YX, Lan H, Wang W, Zhang Y (1999) Phylogenetic study of complete cytochrome b genes in musk deer (Genus *Moschus*) using Museum samples. Molecular Phylogenetics and Evolution, 12:241-249
- Togtokhbayar, D., Buyantsog, B., & Monkhtsog, B. (2000). Information on Musk Deer Distribution. Proceedings of the Institute of General and Experimental

- Biology of the Mongolian Academy of Sciences, 22, 245-246.
- Tsendjav, D. (2002). Mongolian Musk deer (*Moschus moschiferus* Linnaeus, 1758). Jinst Cargana Co. Ltd, Ulaanbaatar, Mongolia.
- Tsendjav, D. and Bujinkhand, Ch. (2000). Present and Future of Musk Deer (*Moschus moschiferus* L., 1758). Proceedings of the Institute of General and Experimental Biology of the Mongolian Academy of Sciences 22: 91-94.
- Worton, B.J. 1989. Kernel methods for estimating the utilization distribution in home range studies. Ecology 70(1): 164-168.
- Zhou, Y., Meng, X., Feng, J., Yang, Q., Feng, Z., Xia, L., & Bartos, L. (2004). Review of the distribution, status and conservation of musk deer in China. FOLIA ZOOLOGICA-PRAHA-, 53(2), 129-140.

