

연구보고서(연차)

NIE-B-2025-46

동북아 멸종위기 조류 야생개체군 복원 및 위협요인 관리 연구('25)

Research on wild population recovery and threat management
for endangered birds in Northeast Asia('25)

NATIONAL
INSTITUTE OF ECOLOGY

참여연구진

- | | | |
|----------|---|--|
| · 연구책임자 | 복원연구실 조류복원팀
Avian Restoration Team
Division of Restoration Research | 윤 종 민
Jongmin Yoon |
| · 내부 연구원 | 복원연구실 조류복원팀
Avian Restoration Team
Division of Restoration Research | 강 승 구
Seunggu Kang
최 진
Jin Choi
김영건
Young-gun Kim
이 선 주
Seon-Ju Lee
김 진 용
Jin-Yong Kim
양 민 승
Min-Seung Yang |

본 연구진은 연구윤리를 준수하였음을 서약합니다.

요 약 문

기후에너지환경부 지정 멸종위기종 수는 1989년 92종에서 2019년 267종, 2022년 282종으로 지속 증가하였다. 그간 국가 차원의 전국분포조사, 실태조사, 관찰평가 및 관리, 철새 생태연구 등 장기 조사·연구가 수행되어 왔으나, 여전히 생물·생태학적 기초정보가 부족한 종이 다수 존재하며, 멸종위기종의 국내 서식 여부 확인과 장기 모니터링 자료 축적의 필요성이 커지고 있다. 국외 보전연구는 대상종 자체 연구뿐 아니라 군집 내 종간 상호작용, 환경변화에 따른 행동학적 변화, 서식지 보전 연구의 병행을 강조하며, 보전·복원 실패 요인으로는 포식, 번식 제한, 종내·종간 경쟁, 인간 간섭 등 환경적·생물학적 요인이 가장 큰 위협으로 제시된 바 있다. 이는 멸종위기종 보전·복원 사업에서 생물-생물, 생물-환경 관계를 포괄적으로 다루는 생태학적 접근의 중요성을 시사한다.

본 연구는 기본 생태 모니터링을 넘어 종별 특화 보전·복원 기반을 마련하기 위해 (1) 야생개체군-핵심서식지 변화 분석 및 현행화, (2) 증식·방사를 통한 야생개체군 보충·강화 효과 분석(자연적응훈련-방사-모니터링 기술 확립 및 증식개체군 관리), (3) 생태·진화학적 특성 규명(유전적 고유성·다양성 및 잡종화 과정), (4) 서식 위협요인 관리 기술개발(환경수용능력 개선, 등지포식자 저감, 잡종판별 기술)로 구성하여 추진하였다. 연구대상은 환경부 지정 우선복원대상 2종과 연구대상 1종을 포함한 저어새(*Platalea minor*), 낭비둘기(*Columba rupestris*), 먹황새(*Ciconia nigra*)로 선정하였다.

저어새는 전 세계 개체군의 대부분이 우리나라 번식지에 의존하는 핵심종으로, 2025년 국내 27개 번식지 조사 결과 번식쌍은 2,601쌍으로 전년 대비 7% 증가하였다. 유조 107개체에 유색가락지를 부착하고 재관찰 정보를 통합 분석한 결과, 전체 재관찰율은 17.7%, 금년도 부착 개체의 재관찰 비율은 29.9%로 확인되었다. 또한 각시암 등에서 인조암 설치와 등지터 조성·등지재료 공급을 적용하여 번식쌍 유입 및 번식공간 확장 가능성을 확인하였고, 무인센서카메라를 통해 너구리 등 포식자 침입과 피해 양상을 파악하여 물리적 차단 등 저감방안의 필요성을 제시하였다. 낭비둘기는 2025년 국내 개체군이 401개체로 확인되어(전년 대비 25% 증가) 신규 서식지(철원·강화) 확인이 개체군 증가에 기여한 것으로 평가되었다. 서식지 내 집비둘기 침입 및 잡종화 위협에 대응하여 포획·퇴치 활동을 수행하였고, 낭비둘기×집비둘기 혈연 판

별을 위한 SSR 기반 분자마커를 개발하여 11개 마커 세트의 친자 확인 정확도(부모쌍 기준 최대 99%) 등 실용성을 확인하였다. 멧황새는 국내 복원 개체군의 장기 안정성 확보를 위해 국내 사육 1개체와 일본 도입 6개체 총 7개체를 대상으로 mtDNA control region(1,149bp) 분석을 수행한 결과 3개 haplotype이 확인되었고, 국외 개체군과 비교한 계통 분석에서 뚜렷한 지역 분화는 나타나지 않았다. 핵 DNA 기반 microsatellite 마커는 2개 마커(Cc07, Cc37)에서 비교적 안정적인 다형성이 확인되어 향후 마커군 확대와 정밀 평가의 기초자료를 제공하였다.

종합적으로 본 연구는 멸종위기 조류의 야생개체군-서식지 동태, 증식·방사 및 위협요인 관리, 유전적 다양성·잡종화 관리 기반을 통합적으로 구축함으로써, ‘멸종위기 야생생물 보전 종합계획(’ 18~’ 27)’ 및 ‘제4차 야생생물 보호 기본계획(’ 21~’ 25)’ 의 체계적 이행에 기여할 수 있는 과학적·기술적 근거를 제시하였다. 향후 본 연구에서 축적된 장기 자료와 관리기술은 종별 보전계획 고도화, 멸종위험 등급 관리, 서식지 보전 활성화 및 지역협력 기반 확장 등 정책·학술·사회적 기여를 동시에 확대하는 기반으로 활용될 수 있다.

주요어: 멸종위기종 복원·복원, 야생개체군 핵심 서식지 변화, 위협요인 관리

목 차

요약문	i
목 차	iii
표목차	iv
그림목차	vi
ABSTRACT	ix
I. 서론	1
II. 본론	3
1. 저어새	3
가. 연구 내용 및 방법	3
나. 연구 결과 및 고찰	7
2. 낭비둘기	22
가. 연구 내용 및 방법	22
나. 연구 결과	27
다. 고찰	37
3. 딱황새	39
가. 연구 내용 및 방법	39
나. 연구 결과	44
다. 고찰	49
IV. 참고문헌	50

표 목 차

표 II-1-(1). '25년도 저어새 번식지 무인센서카메라 설치 현황	6
표 II-1-(2). '25년도 국내 저어새 번식개체군 현황	10
표 II-1-(3). '25년도 저어새 가락지 부착 결과	14
표 II-1-(4). '25년도 가락지 부착 개체 재관찰 결과	15
표 II-1-(5). '25년도 저어새 번식지 환경 개선작업 현황	16
표 II-2-(1). 구례군 지역 낭비둘기 서식지	22
표 II-2-(2). 분석에 사용된 <i>Columba livia</i> 표준 전장 유전체의 요약 정보	24
표 II-2-(3). SSR-GBS 분석에 사용된 낭비둘기, 집비둘기, 잡종 개체 정보	25
표 II-2-(4). Short-read de novo genome assembly 분석 결과	29
표 II-2-(5). 비둘기류 총 14개체의 SSR 추출 결과	30
표 II-2-(6). SSR size matrix 추출 결과	31
표 II-2-(7). 혈연관계가 명확한 비둘기류 총 22개체의 SSR-GBS sequencing 결과	31
표 II-2-(8). 최종 선별된 종간 및 종내 구분 마커 11개	33
표 II-2-(9). 최종 선별된 11개의 마커와 각 샘플의 product size	33
표 II-2-(10). 최종 선별된 11개의 마커의 primer 정보	34
표 II-2-(11). 마커 11개에 대한 대립 유전자 및 이형접합 평균 정보 ·	35
표 II-2-(12). 선별된 마커 11개의 다형성 분석 결과	35
표 II-2-(13). 혈통 관계에 대한 delta 분포 분석 결과	36
표 II-2-(14). 최종 11개의 마커를 활용한 친자 친부 할당률	36
표 II-3-(1). 혈액에서 추출한 DNA 농도	41

표 II-3-(2). 멧황새 mtDNA control region(1,149bp) PCR 및 Sequencing primer 염기서열	41
표 II-3-(3). 멧황새 mtDNA control region(1,149bp) PCR 조건	42
표 II-3-(4). 멧황새 유전다양성 분석을 분석을 위해 근연종에서 선발한 1차 microsatellite 마커 후보들	43
표 II-3-(5). 멧황새 microsatellite marker test를 위한 PCR 조건	44
표 II-3-(6). mtDNA control region(1,149bp) 분석을 통해 확인된 개체별 haplotype 및 polymorphic site(변이 위치)	45

그림 목 차

그림 I-1-(1). 멸종위기 야생생물(조류 69종) 지정 현황	1
그림 II-1-(1). 국내 주요 저어새 번식지	4
그림 II-1-(2). 년도별 저어새 번식쌍 증가 그래프 비율	12
그림 II-1-(3). '25년 기준 부착 년도별 저어새 재관찰 비율	15
그림 II-1-(4). 저어새 번식지 내 환경개선작업	17
그림 II-1-(5). 매도 등지터 구성에 따른 번식쌍 변화	18
그림 II-1-(6). 각시암 수몰위기 저감 환경개선(인조암 조성)	19
그림 II-1-(7) 저어새 번식지 내 생물학적 위협요인	20
그림 II-1-(8) 남동유수지 저어새섬 번식지 환경개선 후 모습	21
그림 II-2-(1). SSR 선별을 위한 WGS 분석 모식도	23
그림 II-2-(2). SSR-GBS 분석 모식도	25
그림 II-2-(3). 연간 낭비둘기 개체군(국내) 크기 변화 및 신규 번식지 현황 (철원, 강화)	27
그림 II-2-(4). 연간 낭비둘기 개체군(구례, 연천) 크기 변화(2021-2025)	27
그림 II-2-(5). 구례, 연천 집비둘기 및 잡종 개체수 변화(2021-2025) ..	28
그림 II-2-(6). 구례 집비둘기 포획, 잔존수 변화 및 신규 번식지 집비둘기 현황	28
그림 II-2-(7). Product size의 peak값을 육안으로 확인하여 마커 선별한 예시	32
그림 II-3-(1). 먹황새 혈액 샘플	41
그림 II-3-(2). DNA 추출 결과	41
그림 II-3-(3). 먹황새 mtDNA control region 분석을 위해 사용된 primer 결합 위치(참조서열: Accession no. KY767670.1)	42

그림 II-3-(4). mtDNA control region 1,149bp의 PCR 산물의 전기영동 결과	45
그림 II-3-(5). Maximum-likelihood tree (mtDNA control region 1,149 bp sequences)	46
그림 II-3-(6). Maximum-likelihood tree (mtDNA control region 232 bp sequences)	47
그림 II-3-(7). Microsatellite marker (A) Cc07 (B) Cc37 의 유전형 분석 결과	48

Abstract

The number of endangered wildlife species designated by the Korean Ministry of Climate, Energy and Environment (MoCEE) has increased nearly threefold over the past three decades, from 92 species in 1989 to 282 species in 2022. Although long-term national surveys and research programs have been implemented (e.g., nationwide distribution surveys, wildlife status assessments, observation-based evaluation and management, and migratory bird studies), substantial knowledge gaps remain for many taxa, and the list of endangered species continues to expand. International conservation studies emphasize that effective recovery requires not only species-specific research but also an understanding of (i) interactions within biological communities, (ii) behavioral responses to environmental change, and (iii) habitat-based conservation measures. Analyses of endangered bird conservation and restoration programs also identify environmental-biological threats—such as predation, breeding constraints, inter- and intraspecific competition, and human disturbance—as the most frequent direct causes of failure. These findings highlight the urgent need for comprehensive ecological approaches that integrate organism-organism and organism-environment relationships.

This project was designed to move beyond baseline monitoring toward species-tailored conservation and restoration by establishing an integrated research framework covering: (1) annual and regional updates of wild population and core-habitat dynamics, including identification of core habitats and movement routes; (2) evaluation of population supplementation and reinforcement via captive breeding and release, including development of pre-release conditioning, release protocols, post-release monitoring techniques, and captive population management; (3) characterization of ecological and evolutionary attributes through assessment of genetic uniqueness, genetic diversity, and hybridization processes in wild and captive populations; and (4) development and application of threat-management technologies, including improvements in habitat carrying capacity, reduction of nest predation, and tools for hybrid identification. Four focal species were

selected, including two MoCEE-designated priority restoration species and two additional research targets: the Black-faced Spoonbill (*Platalea minor*), Hill Pigeon (*Columba rupestris*), and Black Stork (*Ciconia nigra*).

For the Black-faced Spoonbill, breeding surveys at 27 Korean breeding sites in 2025 recorded 2,601 breeding pairs, representing a 7% increase from 2024. A total of 107 nestlings were banded, and band re-sighting data were integrated across breeding and non-breeding areas, including citizen-science records and international databases. Habitat enhancement actions (e.g., artificial rock structures, nest-site preparation, and nest-material supplementation) were implemented at selected colonies to evaluate effects on colony settlement and breeding capacity, and remote camera monitoring was used to identify predator incursions and guide site-specific mitigation measures. For the Hill Pigeon, nationwide population estimates increased to 401 individuals in 2025 (25% increase from 2024), largely driven by the confirmation of two new localities. To address hybridization risk with feral pigeons, targeted removal was conducted where feasible. In addition, a molecular toolset for Hill Pigeon × feral pigeon discrimination was developed: whole-genome and SSR-based screening led to the selection of 11 informative SSR markers, which demonstrated high performance in individual identification and parentage assignment (up to 99% assignment probability under standard confidence settings). For the Black Stork, genetic baseline data were established for one domestic captive individual and six individuals imported from Japan (n = 7). Mitochondrial control-region sequencing (1,149 bp) identified three haplotypes, and phylogenetic comparisons with available international sequences indicated weak geographic structuring, consistent with low differentiation reported for this species. Cross-amplification tests of microsatellite loci from related storks yielded two loci (Cc07, Cc37) with stable amplification and detectable polymorphism, providing an initial foundation for future expansion of nuclear marker panels.

Overall, this project provides an integrated set of ecological, behavioral, and genetic evidence to support species-specific conservation planning, long-term population viability assessment, and applied management of key threats (predation, habitat limitations, and hybridization). The outcomes

contribute to the systematic implementation of Korea' s national endangered wildlife conservation plans and offer scalable tools and datasets for policy support, scientific advancement, public communication, and local stakeholder cooperation for habitat-based recovery initiatives.

Keyword: Endangered species, conservation, restoration

I. 서론

환경부 지정 국내 멸종위기종의 수는 1989년 92종에서, 2019년 267종, 2022년 282종으로, 30여년간 약 3배에 달하는 수치로 증가했다. 멸종위기종 보전을 위하여, 멸종위기 야생생물 전국분포조사('01~현재), 야생생물 실태조사('03~현재), 보호야생생물 관찰평가 및 관리('18~현재), 서해5도 철새 생태 연구('18~현재) 등 오랜 기간 멸종위기종 관련 조사·연구를 국가에서 수행해왔지만, 생물·생태학적 기초정보가 없는 야생생물들이 다수 존재하며 멸종위기종 수는 지속적으로 증가하고 있어, 각 종의 국내 서식 여부 확인 및 꾸준한 모니터링과 행동·생태학적 장기 데이터 구축이 필요하다.



그림 1-1. 멸종위기 야생생물(조류 69종) 지정 현황

국의 멸종위기종 보전연구 사례를 살펴보면, 해당 보전대상종 자체에 대한 연구뿐만 아니라, 군집 내에서 해당종이 다른 종과 어떻게 상호작용하는 지 파악하는 것이 매우 중요하며(Soule et al., 2002), 환경변화에 따른 행동학적 변화, 그리고 해당 종이 서식하는 환경에 대한 보전연구가 반드시 병행되어야 함을 강조하고 있다(Schemske et al., 1994). 또한, 해외 멸종위기 조류 보전·복원 현황 분석자료에서, 종보전 연구사업의 실패요인으로 환경적-생물학적 원인(10), 인위적 요인(3), 미확인 요인(1) 등 13개의 직접적 요인을 도출하였으며, 포식, 번식제한, 중간 또는 종내 경쟁, 인간간섭 등 환경적-생물학적인 원인이 가장 큰 위협이 되는 것으로 나타났다(Destro et al., 2018). 이는, 생물과 생물 간, 그리고 생물과 환경 간 관계를 밝히는 것인 생태학 본연의 궁극적 의미의 중요성과 멸종위기 보전·복원사업에 포괄적인 생태학적 접근이 절실하다는 것을 시사한다.

따라서, 본 연구과제는 기본적인 생태 모니터링에 더하여, 종별 특화된 보전·복원을 위한, '종 내' 자체 개체군 변화 및 행동학적 생활사 연구, 군집 내 '종 간' 상호작용과 위협생물종(포식자, 교잡 가능종) 관리, '서식지' 이용 연구까지 나아갈 수 있도록 연구계획을 수립하였다. 첫째, 멸종위기 조류 야생개체군-핵심서식지 변화 분석 및 현행화를 위한 연차별·지역별 개체군-서식지 변화 분석, 핵심서식지-이동경로 규명을 포함한다. 둘째, 멸종위기 조류 증식·방사를 통한 야생개체군 보충·강화 효과 분석을 위해 자연적응훈련-방사-모니터링 기술 확립 및 증식개체군 관리 분석을 포함한다. 셋째, 멸종위기 조류 생태·진화학적 특성 규명을 위해 야생·증식 개체군 유전자 고유성·다양성 및 잡종화 과정 특성 규명을 포함한다. 마지막으로 멸종위기 조류 종복원 및 서식 위협요인 관리 기술개발을 위해 환경수용능력 개선, 동지 포식자 저감 및 잡종판별 기술개발 결과 및 활용을 포함하고 있다.

국내 보전연구가 가장 시급한 환경부 지정 우선복원대상 2종 및 연구대상 2종을 포함한 저어새(*Platalea minor*), 낭비둘기(*Columba rupestris*), 먹황새(*Ciconia nigra*)를 연구대상으로 선정하여 진행하는 연구로써, ① 저어새 번식개체군-서식지 동태 파악, 가락지 부착·재관찰 패턴, 자연적응훈련-방사-모니터링, 서식 위협요인 개선 효과검증, ② 낭비둘기 야생개체군-서식지 동태 파악, 위치추적기 부착 연구를 통한 행동권 분석, 낭비둘기×잡비둘기 잡종 판별 기술(InDels 마커 vs. GBS 분석) 고도화, 잡종화 생식 장벽 실험 및 증식개체군 동태 분석, ③ 먹황새 유전자 다양성·고유성 연구 결과를 도출하는데 그 목적을 두고 있다. '멸종위기 야생생물 보전 종합계획('18~'27년)' 및 '제4차 야생생물 보호 기본계획('21~'25년)'의 체계적 이행과 더불어 종별 특화된 보전계획 수립, 미래 생존개체군 예측을 통한 멸종위험 등급 관리 등 정책적 기여, 대상종의 행동생태학적 장기 연구로 학술적 데이터 구축은 물론, 대국민 홍보, 지역협력을 통한 서식지 보전 활성화 등 사회적 기여까지 이루고자 한다.

II. 본론

1. 저어새

가. 연구 내용 및 방법

(1) 야생개체군 건강성 평가

(가) 저어새 개체군 동태 파악

저어새의 국내 번식 개체군 변동현황을 파악하기 위하여 국내 저어새 번식지 27개소에서 저어새의 번식기 현장조사를 실시하였다(그림 II-1-(1)). 대상지는 인천광역시 강화군 요도, 비도, 석도, 각시암, 상여바위와 중구 수하암, 영종저어도(신수하암), 장고도와 서구 매도, 컴섬, 남동구 남동유수지, 옹진군 구지도, 황서도, 서만도, 백령도와 경기도 김포시 유도, 시흥시 옥귀도와 충남 서천군 노루섬, 명암여와 전라북도 군산시 검은여, 전남 영광군 칠산도(일산도, 이산도, 삼산도, 사산도, 육산도)와 납대기, 신안군 불무기도였다.

현장조사는 번식기에(5월~7월) 번식지를 방문하여 번식 쌍, 산란 여부와 새끼의 수를 기록하였다. 각 번식지는 여러 번 방문하여 최대한 많은 개체수를 확인하였을 때 그 개체수를 기록하였다. 2인 이상이 조사하였으며 직접 번식지에 입도하여 관찰되는 모든 둥지를 기록하였고 확인이 어려운 절벽 등은 선박으로 섬을 돌면서 기록하거나 소형드론을 이용하여 번식지를 촬영한 후 번식 쌍을 파악하였다. 드론 이용시에는 번식 중인 저어새가 영향을 받지 않는 충분한 고도에서 비행했다. 내륙에서 가까운 곳은 해안에서 망원경과 쌍안경을 이용하여 조사하였다.

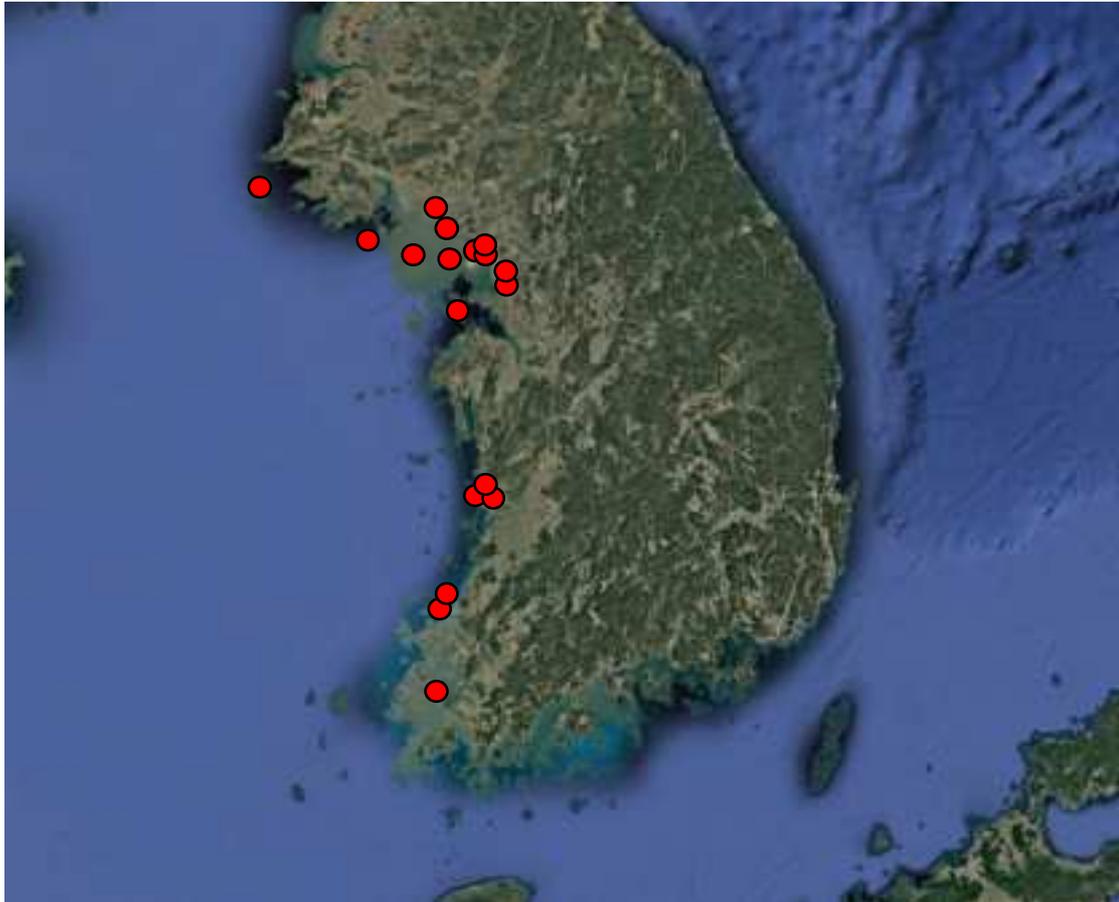


그림 11-1-(1). 국내 주요 저어새 번식지

(나) 가락지 부착·재관찰

올해 부화해서 자라 이소 직전인 유조(30~35일령)를 대상으로 6월과 7월에 번식지를 방문하여 안전하게 포획망 등을 이용하여 포획 후 유색가락지를 부착하였다. 포획된 개체는 가락지를 부착할 때까지 버드백(bird bag)에 안전하게 보관하였다. 저어새 유조의 한쪽 다리 경부(tibia)에는 적색 바탕에 흰색 3자리(알파벳+숫자2자리)가 적혀있는 주가락지를 부착하였고 다른 쪽 다리 경부(tibia)에는 바탕색만 있는 작은 가락지 1개와 바탕색에 알파벳 1자리가 적혀있는 가락지 1개 등 총 2개를 부착하였다.

가락지 재관찰은 번식지와 주변 등에서 가락지를 부착한 저어새를 모두 기록하였다. 가락지는 개체가 태어난 번식지와 번식지 외 지역으로 나누어 개체의 가락지

번호와 색깔을 기록하였다. 개체의 가락지 확인에는 망원경과 쌍안경이 사용되었으며 가능한 한 카메라로 사진을 찍어 기록하였다. 번식지 내에 설치한 원격카메라에 촬영된 이미지 내를 통해 확인한 가락지 부착 개체의 정보도 기록하였다. 현장 조사 외에도 저어새 가락지 부착 기록을 확인하고자 2025년 1월부터 9월까지 네이처링 등에 기록된 재관찰 정보(가락지 번호, 관찰지점, 관찰일)를 수집하였다. 가락지의 최초 부착 일자와 지역 등의 정보는 국제 저어새 관찰 정보 공유 사이트 (<https://bfsn.bfsa.org.tw/>)와의 자료를 이용하였다.

(2) 저어새 서식지 보전 및 위협요인 관리 기술개발

(가) 집단번식지 환경개선

저어새 번식지 중 일부 지역에서는 식생 부족으로 인해 번식 개체간 등지 재료를 확보하려는 경쟁이 발생하고 있다. 이러한 종내 자원 경쟁 심화를 완화하기 위해, 저어새의 주요 번식지 중 연안과 인접한 곳에 위치한 각시암, 옥귀도, 남동유수지, 매도를 대상으로 등지터 조성 및 등지재료 공급을 수행하였다. 등지터 조성은 저어새의 번식이 시작되기 전인 3월에 실시하였으며, 나뭇가지 및 초본류의 줄기(포도나무, 들깨단, 쭉, 고사리 등)를 사용하여 약 30cm 지름의 기초적인 등지터를 제작하였다. 등지터 간의 간격은 20cm에서 30cm 사이로 격차를 두었으며, 이는 번식 개체 간 등지 접촉을 최소화하여 종내 경쟁을 완화하기 위함이다. 이를 통해, 번식기 초반에 번식쌍의 유입을 유도하고, 안정적인 번식 환경을 제공하여 등지 안착률을 상승시키고자 하였다. 등지재료 공급의 경우 번식기간 동안 등지를 지속적으로 보수하는 저어새의 생태적 습성을 고려하여, 번식기 이전인 3월부터 번식이 진행 중인 6월까지 지속적으로 수행하였다. 또한, 번식쌍 유도 및 유입에 있어서 등지터 조성 및 등지재료 투입의 효과성을 파악하기 위해, 동일한 번식지를 대상으로 등지터 조성 및 미조성 기간 동안의 번식쌍 증감 효과 비교를 실험하였다.

(나) 집단번식지 위협요인 관리

저어새 번식지에서 발생하고 있는 생물학적 위협요인과 피해 실태를 파악하기 위해 번식지에 무인센서카메라(Reconyx HyperFire2)를 설치하여 천적에 의한 포식이 발생하는지 모니터링을 하였다. 무인센서카메라 설정은 주·야간에 관계없이 움직임이 감지

될 경우 2초 간격으로 2장의 사진을 촬영 후 5분간 작동을 중지했다가, 다시 움직임 감지되면 사진을 촬영하는 방식으로 설정하였다. 위협요인 조사는 저어새 번식지 중 연안과 인접한 곳에 위치해, 육상 포식자의 접근이 용이한 매도, 옥귀도, 남동유수지, 각시암 4개 지역에서 진행하였다(표 II-1-(1)). 이후, 무인센서카메라를 통해 수집된 사진 및 영상 자료의 분석을 토대로 침입한 포식자의 종을 식별하였다. 종 동정은 포식자의 외형적 특성과 행동패턴을 기준으로 이루어졌으며, 이를 통해 저어새 번식지에서 발생한 포식 피해의 원인으로 가능한 종들을 특정 지었다.

모니터링을 통해 포식자의 침입이 확인된 번식지의 경우, 현장조사를 통해 번식 피해 현황을 조사하였으며, 이후 침입종에 대한 종특이적인 저감방안을 통해 번식 피해를 감소시키고자 했다. 또한, 저감방안 실시 후 지속적인 모니터링을 통해 추가적인 포식자 침입 및 번식 피해 현황을 파악하였다.

표 II-1-(1). '25년도 저어새 번식지 무인센서카메라 설치 현황

설치지역	무인센서카메라
남동유수지	3
각시암	1
옥귀도	2
매도	3
총계	9

나. 연구 결과

(1) 야생개체군 건강성 평가

(가) 저어새 개체군 동태 파악

'25년도 저어새 번식지 27개소를 조사한 결과, 국내에서 번식하는 저어새의 번식쌍은 총 2,601쌍으로 '24년도에 확인된 2,422쌍보다 7% 증가한 것으로 확인되었다 (표 II-1-(2)). 가장 많은 저어새가 번식한 곳은 구지도(431쌍)와 칠산도(399쌍, 일산도, 이산도, 삼산도, 사산도, 육산도 합계), 남동유수지(355쌍), 비도(320쌍) 순이었다. 석도, 장고도, 컴섬, 납대기에서는 번식이 확인되지 않았다. 번식 개체수가 전년에 비해 10% 이상 증가한 섬은 유도, 요도, 비도, 각시암, 수하암, 매도, 백령도, 거문여, 칠산도의 이산도와 삼산도, 불무기도 등이었다. 옥귀도, 상여바위, 영종저어도, 남동유수지, 구지도, 서만도, 명암여, 납대기 등은 전년도 보다 번식 개체수가 10% 이상 감소하였다. 저어새 번식지 27개소 중 13개소는 24년도보다 번식쌍이 증가하였으며, 12개소는 번식쌍이 감소하였고 나머지 2개소는 전년도와 같은 것으로 확인되었다.

유도의 경우 2010년까지 저어새의 번식이 확인되었으나(Kwon 2017), 수리부엉이에 의한 지속적인 포식으로 번식개체수가 점차 감소하다가 2011년부터는 번식을 포기하였다 (Lee 2015). 21년에 일시적인 재번식이 확인되었으나, 이후 조사에서는 번식이 확인되지 않았으며, 금년도 조사에서 다시 번식이 관찰되었다. 유도는 수리부엉이에 의한 포식 위협으로 번식 안정성이 낮은 것으로 판단되나, 인근 번식지로의 이동 가능성도 있어 지속적인 추적·관찰이 수반되어야 할 것으로 판단된다.

각시암은 매년 약 50쌍 내외의 저어새 번식 개체군이 유지되던 번식지였으나, '24년 겨울 수몰 피해 저감을 목적으로 인조암을 설치한 이후 '25년에는 번식쌍이 76쌍으로 증가하여 약 52%의 증가율을 보였다. 이 중 15쌍은 조성된 인조암에서 직접 번식을 시도한 것으로 확인되었다. 이러한 결과는 인조암 조성이 수몰 위기 저감 효과에 그치지 않고, 물리적인 번식 공간을 확장함으로써 추가적인 번식 수용력을 제공했을 가능성을 시사한다. 다만, 금년도에 관찰된 번식쌍 증가가 일시적인 현상일 가능성도 배제할 수 없으므로, 인조암 이용률과 번식 성공 여부를 포

함한 중·장기적인 모니터링이 지속적으로 수행될 필요가 있는 것으로 판단된다.

인공섬인 영종저어도는 조성 이후 매년 40~120쌍의 저어새가 번식하던 주요 번식지였으나, 금년도 번식기 초반에는 16쌍만이 번식 시도를 하였고, 이들 모두 번식에 실패한 것으로 확인되었다. 이러한 번식 시도 감소는 수리부엉이, 너구리, 설치류 등 포식자에 의한 피해가 지속적으로 발생함에 따라 저어새들이 해당 번식지 이용을 회피한 결과로 판단된다. 영종저어도는 본래 인근 수하암에서 발생한 포식자 피해를 피해 이동한 개체들이 주로 이용하던 번식지였으나, '23년부터 영종저어도에서도 포식자 침입이 본격적으로 발생하기 시작하였다. 이후 포식자 접근을 차단하기 위한 침입 방지 시설을 설치하였으나, 그 효과는 단기간에 그친 것으로 분석된다.

한편, 인천 중구에 위치한 수하암은 '20년부터 지속적으로 포식자의 위협을 받아 온 번식지로, '22년에는 수리부엉이와 너구리에 의한 높은 포식압으로 인해 모든 저어새가 번식을 포기한 바 있다. 그 결과 '23년에는 수하암에서 저어새의 번식 시도가 전혀 확인되지 않았으며, 해당 지역에 도래하던 개체들은 인근 영종저어도로 이동하여 번식한 것으로 파악되었다. 그러나 금년도 조사 결과, 수하암에서는 번식쌍이 62쌍으로 크게 증가한 것이 확인되었으며, 이는 영종저어도에서 포식자 피해를 회피한 개체들이 다시 수하암을 이용한 결과로 판단된다. 이러한 번식지간 이동 양상은 포식자 위협 수준에 따라 저어새 번식 개체군의 공간적 분포가 유동적으로 변화하고 있음을 시사한다.

매도는 등지재료 공급에 따른 번식쌍 유도 효과를 평가하고 있는 번식지이다. 등지재료를 투입하지 않았던 '20년부터 '23년까지는 번식쌍 수가 지속적으로 감소하는 경향을 보인 반면, 등지재료 공급을 시작한 '24년 이후에는 번식쌍이 점진적으로 증가하는 양상이 확인되었다. 이러한 변화는 등지재료 공급이 번식 여건 개선 및 번식쌍 유도에 긍정적인 영향을 미쳤을 가능성을 시사한다. 다만, 인근에 위치한 수하암 및 영종저어도에서 발생한 포식자 피해로 인해 일부 개체가 매도로 이동했을 가능성도 배제할 수 없으므로, 등지재료 공급 효과를 명확히 판단하기 위해서는 동일한 관리 조치를 유지한 상태에서의 지속적인 모니터링이 병행되어야 할 것으로 판단된다.

칠산도는 만조시 물에 잠기는 오산도와 칠산도를 제외한 5개의 섬이 모두 2km 이내 인접한 번식지이며, 일산도와 이산도를 제외한 나머지 섬에서 전부 번식 개체수가 증가한 것으로 확인되었다. 칠산도에서 태어난 저어새 유조들이 번식 가능 연령인 3~4살에 칠산도로 회귀하면서 번식개체군이 증가한 것으로 판단되나 면밀한 검토가 필요할 것으로 판단된다.

전라남도 신안에 위치한 불무기도는 현재 확인된 저어새 번식지 중 최남단에 해당하는 번식지이다. 불무기도는 그간 매년 1~3쌍 내외의 소규모 번식만 확인되던 지역이었으나, 금년도 조사에서는 번식쌍 수가 52쌍으로 급격히 증가한 것이 관찰되었다. 이러한 번식쌍 증가가 일시적인 개체 유입에 따른 현상인지, 또는 저어새의 번식 범위가 점진적으로 남하하고 있음을 반영하는 장기적 변화인지를 판단하기 위해서는 향후 집중적인 현장 조사와 함께 연차별 번식 자료의 체계적인 축적이 필요할 것으로 판단된다.

표 11-1-(2). '25년도 국내 저어새 번식개체군 현황

번식지명	행정구역		번식개체군(쌍)		
			24년도	25년도	변동
유도	경기도	김포시	-	8	△8(800%)
옥귀도		시흥시	32	16	▽16(50%)
요도	인천광역시	강화군	80	131	△51(64%)
비도			280	320	△40(14%)
석도			-	-	-
각시암			50	76	△26(52%)
상여바위		32	23	▽9(28%)	
수하암		종구	5	67	△62(1240%)
영종저어도			70	16	▽54(77%)
장고도		서구	39	-	▽39(3900%)
매도			80	104	△24(30%)
컴섬			-	-	-
남동유수지			남동구	280	355
구지도		옹진군	502	431	▽71(14%)
황서도			191	183	▽8(4%)
서만도			150	175	▽25(17%)
백령도			28	32	△4(14%)
노루섬		충청남도	서천군	186	181
명암여	20			11	▽9(45%)
거문여	전라북도	군산시	5	21	△16(320%)
일산도(칠산도)	전라남도	영광군	71	68	▽3(4%)
이산도(칠산도)			82	73	▽9(11%)
삼산도(칠산도)			83	102	△19(23%)
사산도(칠산도)			86	90	△4(5%)
육산도(칠산도)			65	66	△1(2%)
납대기			3	-	▽3(300%)
불무기도		신안군	2	52	△50(2500%)
합계			2,422	2,601	△179(7%)

2016년부터 2025년까지 국내 저어새의 연간 번식쌍 변동을 살펴본 결과, 2017년 이후 번식쌍 수가 지속적으로 증가하여 현재는 두 배 이상으로 확대된 것으로 나타났다(그림 II-1-(2)). 2025년 1월 실시된 국제 겨울철 저어새 센서스 결과, 전 세계 저어새 개체수는 7,081개체로 집계되었으며(HKBWS, 2025), 이 중 약 73%에 해당하는 5,202개체가 우리나라에서 번식한 개체로 추정된다. 이는 우리나라에서의 번식 성과가 전 세계 저어새 개체군 증가에 직접적으로 기여하고 있음을 시사한다. 전체 개체군 중 성조(adult)의 비율을 약 60%로 추정한 선행연구(Kwon, 2017)를 2025년 전 세계 개체수에 적용할 경우, 성조 개체수는 약 4,248개체로 산정된다. 이미 국내에서 번식한 개체수가 5,000개체를 상회하고 있는 점을 고려하면, 사실상 전 세계 번식 개체군의 대부분이 우리나라에서 번식하고 있는 것으로 판단된다.

한편, 금년도 저어새 번식은 예년에 비해 전반적으로 늦어진 경향을 보였다. 예년과 유사한 조사 시점임에도 불구하고, 관찰된 유조의 체중과 체구가 현저히 작은 사례가 다수 확인되어, 산란 및 부화 시점 자체가 지연되었을 가능성이 높은 것으로 판단된다. 이러한 번식 시기 지연이 번식 성공률 및 생존에 미치는 영향에 대해서는 추가적인 검증이 필요하다. 실제로 가락지를 부착한 일부 유조가 이소 이후 서식지 인근을 배회하다가 사망한 사례가 확인되었으며, 이는 늦은 번식으로 인해 충분한 체력과 신체 발달을 갖추지 못한 상태에서 월동지 이동을 시작했을 가능성을 시사한다. 다만, 해당 사례가 번식 지연의 직접적인 결과인지는 추가 분석이 요구된다.



그림 II-1-(2). 년도별 저어새 번식쌍 증가 그래프 비율

(나) 가락지 부착·재관찰

‘25년 6월부터 7월까지 저어새 번식지 10개소에서 가락지 107개(R37~R00, F03~F51)를 부착하였다(표 II-1-(3)). 금년도 현장조사와 국제 저어새 가락지 관찰 정보 공유 사이트에서 확인된 가락지 부착개체 재관찰 기록을 분석한 결과, ‘02년 이후로 ‘25년도까지 가락지를 부착하여 방사한 전체 1,045개체들 중 185개체가 재관찰 되어 ‘25년도 저어새 가락지 전체 재관찰율은 17.7%로 확인되었다(그림 II-1-(3)). 매년 30개체 이상 부착하기 시작한 ‘10년도 이후로는 6.5%~41.9% 사이의 재관찰율이 나타났으며, 올해 저어새 번식지에서 가락지를 부착했던 유조 107개체들의 경우 총 32개체들이 이소 이후 국내 및 국외 서식지에서 관찰되어 재관찰 비율이 29.9%로 확인되었다. 노루섬, 황서도에서 가락지를 부착한 개체가 번식지 외 지역에서 5개체씩(50.0%)로 가장 많이 관찰된 반면에, 비도에서 가락지를 부착한 저어새는 올해 번식지 외에서 관찰되지 않았다(표 II-1-(4)). 저어새는 일반적으로 야생에서 10년 이상 생존할 수 있는 것으로 알려져 있다. 그러나 최근 저어새 유조가 이소 이후, 월동지로 이동해야 하지만, 국내에 머물러 폐사하는 사례와 번

식연령에 도달하지 못한 저어새들이 번식지로 돌아가지 않고 월동지에서 머무르는 경우가 보고되고 있다. 특히, 번식을 시작하는 연령인 '22년도, '23년도 출생 개체들과 '21년 이전 출생 개체들의 재관찰률의 차이가 발생하는데 월동지로 이동하지 못한 개체들의 폐사와 번식기에 번식지로 이동하지 못한 개체들의 영향에 의해 재관찰 비율이 감소한 것으로 추정된다. 다만 유조개체들의 이동시기, 기후 등 다양한 변수가 존재하기 때문에 이와 관련된 추가적인 연구가 필요할 것으로 판단된다.

표 II-1-(3). '25년도 저어새 가락지 부착 결과

장소	날짜	부착 개체수	주 가락지 번호(보조 가락지 색상)
비도	06.09	9	R44(rbT), R45(rbU), R46(rbV), R47(rbW), R48(rbX), R49(rbY), R50(rbZ), R51(rgA), R52(rgB)
각시암	06.26	11	F03(yrC), F04(yrD), F05(yrE), F06(yrF), F07(yrG), F08(yrH), F09(yrI), F10(yrJ), F11(yrK), F12(yrL), F13(yrM)
	07.15	3	F39(ybN), F40(ybP), F41(ybQ)
수하암	07.26	10	F42(ybR), F43(ybS), F44(ybT), F45(ybU), F46(ybV), F47(ybW), F48(ybX), F49(ybY), F50(ybZ), F51(ygA)
매도	06.27	10	F14(yrN), F15(yrP), F16(yrQ), F17(yrR), F18(yrS), F19(yrT), F20(yrU), F21(yrV), F22(yrW), F23(yrX)
남동유수지	07.05	15	F24(yrY), F25(yrZ), F26(ybA), F27(ybB), F28(ybC), F29(ybD), F30(ybE), F31(ybF), F32(ybG), F33(ybH), F34(ybI), F35(ybJ), F36(ybK), F37(ybL), F38(ybM)
구지도	06.17	14	R58(rgH), R59(rgI), R60(rgJ), R61(rgK), R62(rgL), R63(rgM), R64(rgN), R65(rgP), R66(rgQ), R67(rgR), R68(rgS), R69(rgT), R70(rgU), R71(rgV)
황서도	06.19	10	R72(rgW), R73(rgX), R74(rgY), R75(rgZ), R76(rwA), R77(rwB), R78(rwC), R79(rwD), R80(rwE), R81(rwF)
노루섬	06.23	10	R93(rwS), R94(rwT), R95(rwU), R96(rwV), R97(rwW), R98(rwX), R99(rwY), R00(rwZ), F01(yrA), F02(yrB)
일산도	06.23	9	R83(rwH), R84(rwI), R85(rwJ), R86(rwK), R87(rwL), R88(rwM), R89(rwN), R90(rwP), R91(rwQ)
육산도	06.11	6	R37(rbL), R38(rbM), R39(rbN), R40(rbP), R41(rbQ), R42(rbR)
합계		107	

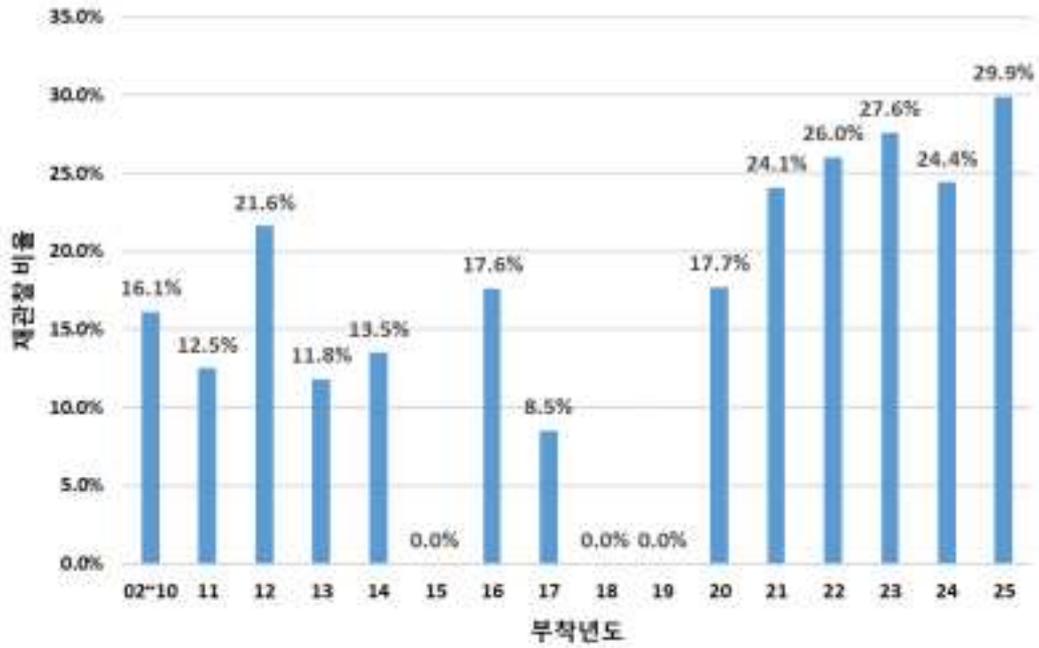


그림 II-1-(3). '25년 기준 부착 년도별 저어새 재관찰 비율

표 II-1-(4). '25년도 가락지 부착 개체 재관찰 결과

장소	부착 개체수	재관찰 빈도		재관찰 비율 (번식지 외/부착수)
		번식지	번식지 외 서식지	
비도	9	0	0	0.0%
각시암	14	0	4	28.5%
수하암	10	0	3	30.0%
매도	10	0	3	30.0%
남동유수지	15	12	5	33.3%
구지도	14	0	2	14.2%
황서도	10	0	5	50.0%
노루섬	10	0	5	50.0%
일산도	9	0	3	33.3%
육산도	6	0	1	16.6%
합계	107	12	32	29.9%

(2) 저어새 서식지 보전 및 위협요인 관리 기술개발

(가) 환경 개선을 통한 서식지 관리 연구

저어새 번식쌍 유입 유도 및 번식 성공률 제고를 위해 저어새 번식지 중 연안에 위치한 남동유수지, 옥귀도, 각시암, 매도에 총 214개의 둥지터를 조성하였으며 둥지재료를 공급하였다(표 II-1-(5), 그림 II-1-(4)). 둥지터 조성 결과, 옥귀도를 제외한 번식지에서 번식쌍이 증가하거나 유지하는 추세를 보였다. 또한, 남동유수지에는 외부로부터 유입된 식생 제거를 통해 저어새 번식 공간을 확보하였다.

표 II-1-(5). '25년도 저어새 번식지 환경 개선작업 현황

장소	날짜	내용
각시암	4.3	둥지재료 공급, 둥지터 50개 조성
옥귀도	4.19	둥지재료 공급, 둥지터 57개 조성
남동유수지	4.25	둥지재료 공급, 둥지터 약 50개 조성, 외부 유입 식생 제거
매도	5.2	둥지재료 공급, 둥지터 57개 조성

저어새의 번식 도래 이전인 4월 3일 각시암을 방문하여 둥지 재료를 공급하고, 돌과 둥지 재료를 활용해 약 50개의 둥지터를 조성하였다. 각시암은 2024년에 50개의 둥지가 확인된 바 있으나, 둥지터 조성 이후인 2025년에는 총 76개의 둥지가 확인되어 번식 둥지 수가 증가한 것으로 나타났다. 이는 번식 초기 단계에서의 둥지 재료 공급이 저어새의 둥지 구축에 긍정적인 영향을 미친 결과로 판단된다. 3월 13일과 4월 19일 총 2회에 걸쳐 번식지를 방문하여 암반 지역에 17개, 지면부에 40개의 둥지터를 조성하여 총 57개의 둥지터를 마련하였다. 그러나 둥지터 조성에도 불구하고 2025년 번식 둥지 수는 16개로, 2024년(32개)에 비해 약 절반 수준으로 감소한 것으로 확인되었다. 이는 둥지터 조성 외에도 포식자 영향, 인근 번식지와외의 개체 이동 등 복합적인 요인이 작용했을 가능성을 시사하며, 추가적인 원인 분석이 필요한 것으로 판단된다. 저어새의 번식 이전인 4월 25일 번식지를 방문하여 기존 둥지터를 정비하고 둥지 재료를 추가로 공급하였다. 그 결과, 2025년에는 2024년 대비 증가한 총 355개의 둥지가 확인되었다. 도심 인접 지역에 위

치한 해당 번식지는 자연적인 등지 재료 확보에 제약이 큰 지역으로, 인위적인 등지 재료 공급이 등지 형성 및 번식 성공에 기여했을 가능성이 높은 것으로 판단된다.



각시암 등지터 정비



옥귀도 등지터 조성



매도 번식지 환경개선



매도 등지터 조성

그림 II-1-(4). 저어새 번식지 내 환경개선작업

'25년 매도에 인위적으로 등지터를 조성하여 번식 환경을 개선한 결과, 등지터 조성을 시작한 '24년(80쌍) 이후 번식쌍 수가 104쌍으로 증가한 것이 확인되었다(그림 II-1-(5)). 매도는 '20년 이후 인위적인 등지터 조성이 이루어지지 않아 저어새가 이용할 수 있는 등지터가 부족한 상태가 지속되었으며, 이에 따라 번식 개체군은 '20년 114쌍에서 '23년 48쌍으로 점진적인 감소 추세를 보였다. 이러한 변화 양상을 종합할 때, 인위적인 등지터 조성은 저어새의 번식 유입 및 정착을 유도하는 주요 요인 중 하나일 가능성을 시사한다. 저어새는 자연적으로 형성된 등지터뿐만 아니라, 적절한 조건을 갖춘 인위적인 등지터를 번식 장소로 인식하고 이를 적극적으로 이용하는 경향을 보인다. 매도의 경우에도 인위적으로 제공된 등지터가 번식에 적합한 환경으로 인식되면서, 번식쌍 수 회복으로 이어진 것으로 판단된다. 다만, 금년도에 관찰된 번식쌍 증가는 일시적인 개체 유입에 따른 결과일

가능성도 배제할 수 없으므로, 향후에도 등지터 조성을 지속적으로 실시하고, 이에 따른 번식쌍 수 변화와 이용률을 장기적으로 모니터링함으로써 인위적 등지터 조성의 효과를 보다 정밀하게 검증할 필요가 있을 것으로 판단된다.

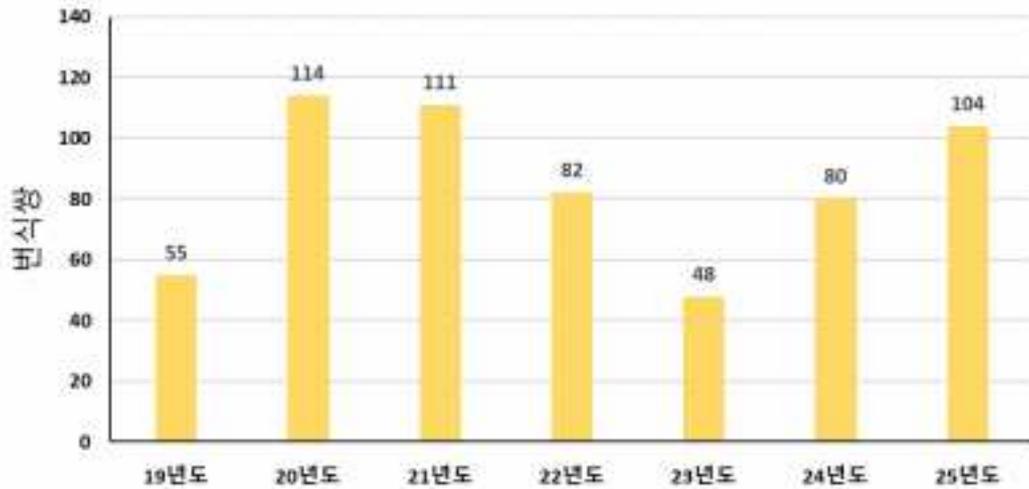


그림 II-1-(5). 매도 등지터 조성에 따른 번식쌍 변화

각시암은 서해안 특유의 큰 조수간만의 차와 계절적 조위 상승의 영향으로 매년 번식기마다 일부 등지가 수몰 위기에 노출되던 번식지이다. 특히 만조 수위가 높아지는 시기에는 저지대에 조성된 등지에서 반복적인 침수 피해가 발생하여 번식 실패로 이어지는 사례가 지속적으로 확인되어 왔다. 이에 '24년 겨울, 수몰 피해 저감을 목적으로 인조암을 조성하여 기존 번식지 중 일부 지대의 표고를 인위적으로 상향하는 환경개선 조치를 시행하였다(그림 II-1-(6)). 그 결과, 금년도 번식기 조사에서 기존에 반복적으로 수몰 피해가 발생하던 구역의 침수 피해가 감소한 것으로 확인되었으며, 조성된 인조암 상단에서는 총 15쌍의 저어새가 추가로 번식한 것이 관찰되었다. 이는 인조암 조성이 수몰 위기 저감이라는 1차적인 환경개선 목적을 달성했을 뿐만 아니라, 저어새가 이용 가능한 번식 공간을 물리적으로 확대함으로써 번식 수용력을 증대시키는 효과를 함께 가져왔을 가능성을 시사한다.



기존 각시암 내 수몰 지역



수몰지역 대상 인조암 조성



인조암 상단 추가 번식장



수몰시 피난처 역할

그림 II-1-(6). 각시암 수몰위기 저감 환경개선(인조암 조성)

(나) 번식지 위협요인 파악 및 관리

저어새 번식지에 설치한 무인센서카메라 자료를 확인한 결과, 조사 대상 4개 번식지 중 각시암에서 위협요인이 확인되었다. 야간 시간대에 너구리가 각시암 내부로 침입하여 저어새의 알을 포식하는 모습이 관찰되었으며, 이로 인해 번식 활동이 직접적으로 방해받는 것으로 나타났다(그림 II-1-(7)). 특히, 너구리 침입 시 알 포식이 주요 피해 유형으로 확인되어 번식 실패로 이어질 가능성이 높은 만큼, 향후 울타리 구조물 설치 등 물리적 차단을 통한 포식자 저감 방안을 시행할 필요가 있을 것으로 사료된다.



각시암에 침입한 너구리

너구리 침입 후 저어새 번식지

그림 II-1-(7) 저어새 번식지 내 생물학적 위협요인

'19년부터 너구리에 의해 번식 피해를 입은 인천 남동유수지 저어새섬 같은 경우, 너구리 포식 피해에 대응하기 위해 기 설치된 펜스에 오버행 및 철망을 보강하는 개선공사를 '22년 12월에 실시하였다(그림 III-2-(8)). 이후 '25년까지 저어새 섬에는 너구리의 침입이 관찰되지 않았으며, 번식쌍 또한 꾸준히 증가하여 설치한 구조물이 너구리 침입방지에 긍정적으로 영향을 미친 것으로 판단된다. 다만 '20년에 울타리 설치 이후 구조적인 문제로 인해 너구리가 침입했던 결과처럼, 보강 공사 이후에도 지속적으로 번식지 모니터링을 통한 포식자 저감 효과검증이 필요할 것으로 사료된다.

또한, '24년부터 지속적으로 확인된 민물가마우지의 번식지 침입을 저감하기 위해 남동유수지에 장애물 설치를 실시하였다. 비행 장애물과 보행 장애물을 병행 설치하여 민물가마우지의 접근을 차단하고자 하였으며, 그 결과 남동유수지 작은섬에서는 비행 장애물 설치 이후 민물가마우지의 이용 빈도가 감소하는 등 일부 퇴치 효과가 나타난 것으로 판단된다. 다만, 민물가마우지는 저어새와 유사한 시기에 번식을 시작하되, 실제 번식 개시는 저어새보다 이른 경향을 보이며, 지상부에도 둥지를 조성하는 특성을 가진다. 이로 인해 저어새와의 둥지터 경쟁이 발생하고 있으며, 특히 남동유수지 작은섬과 상여바위 등 주요 번식지에서 민물가마우지와 공간 경쟁이 확인되었다. 민물가마우지가 선점적으로 번식을 시작할 경우, 저어새가 이용 가능한 번식 공간이 감소할 가능성이 있어, 향후 민물가마우지의 번식 시기 및 이용

공간에 대한 지속적인 모니터링과 추가적인 관리 방안 검토가 필요할 것으로 사료된다.



저어새 번식지 내 민물가마우지



비행 장애물 설치



보행 장애물 설치



민물가마우지 저감용 장애물 설치 후

그림 II-1-(8) 남동유수지 저어새섬 번식지 환경개선 후 모습

2. 낭비돌기

가. 연구 내용 및 방법

(1) 야생 개체군 동태 분석

(가) 개체군 크기

지난 5개년간(2021~2025년) 국내 개체군 크기 변동을 파악하기 위해 문헌조사 및 현장 조사를 병행하였다(국립생태원 2021, 2022, 2023, 2024). 현장 조사는 기존 서식지인 구례군 10개소 및 연천군 4개소를 대상으로 각각 연간 최대 개체수를 조사하였고, 2025년 신규 서식지 2개 지역(강화군 1개소 및 철원군 1개소)을 추가하였다(표 III-2-(1)). 구례군 지역 전체 개체군 파악을 위하여 화엄사 등 서식지 10개소에 대하여 2025년 4월 2~3일, 6월 25~26일, 9월 11~12일 등 3회에 걸쳐 동시조사를 실시하였다. 조사 시간은 서식지별 일몰 전(16:00-18:00) 및 일출 후(07:00-11:00) 등 2회로 나누어 조사한 후 최대치를 파악하였다(표 II-2-(1)).

표 II-2-(1). 구례군 지역 낭비돌기 서식지

지역	마산면		광의면	산동면							
	화엄사	마산천	구만리	둔사리	이평1	이평2	삼성1	삼성2	원촌1	원촌2	
서식지	화엄사	마산천	구만리	둔사리	이평1	이평2	삼성1	삼성2	원촌1	원촌2	

연천군 전체 개체군 현황 파악을 위하여 민통선 지역 일대 서식지 4개소(필승교, 군남댐, 북삼교, 임진교)에 대해 1월 8~10일, 4월 28~30일, 6월 20~22일, 9월 24~26일 등 4회로 나누어 서식 개체수를 조사한 후 서식지별 최대치를 산정하였다. 또한 2025년 첫 확인(철원, 2월 20일, 강화, 7월 31일)된 2개 지역 신규 서식지에 대하여 7월 28~31일 및 9월 23~26일 조사된 개체수를 추가하였다.

(2) 위협요인 관리

(가) 위협요인 관리 효과 분석

낭비돌기 서식지 내 집비돌기 침입으로 인한 잡종화 방지를 위하여 집비돌기를 제거하였다. 집비돌기 포획은 주·야 간 보우넷 및 특수 제작된 그물망을 이용하여

포획하였다. 집비둘기의 퇴치 전후 비교를 위하여 월별 개체군 크기 변화도 함께 조사하였다. 또한, 지난 5개년간(2021~2025년) 서식지 내 침입한 집비둘기 관찰 개체수, 포획 수 및 잔존 수를 비교 분석하기 위해 문헌조사 및 현장 조사를 병행하였다(국립생태원 2021, 2022, 2023, 2024).

(3) 낭비둘기 x 집비둘기 혈연 판별 분자 마커 개발

(가) 전장 유전체 분석

낭비둘기와 집비둘기, 잡종 개체의 혈연 판별 분자 마커를 개발하기 위한 첫 번째 단계로 전장유전체(WGS; whole genome sequencing)를 활용하여 SSR(simple sequence repeat)을 선별하였다. WGS 분석을 위해 잡종 판별 마커 개발(국립생태원 2023)에 사용하였던 낭비둘기 7개체, 집비둘기 7개체의 WGS 데이터를 활용하였다. WGS pre-processing 과정으로 trimmomatic-0.39 프로그램을 이용하여 window size 4bp 만큼 sliding하고 mean quality control ≥ 15 , leading trimming ≥ 3 , minimum length of reads ≥ 36 bp의 조건으로 수행하였다. 이를 통해 정제된 NGS 서열 조각을 이용해 SOAPdenovo2 v.2.04) 프로그램의 k-mer 69로 De novo assembly를 수행하였다. 어셈블리 이후 얻은 genome 데이터에 대해 *coloumba livia* (GCF_036013475.1) genome을 기준으로 비교 샘플과 reference 샘플 간의 SSR 매트릭스를 작성하였다.

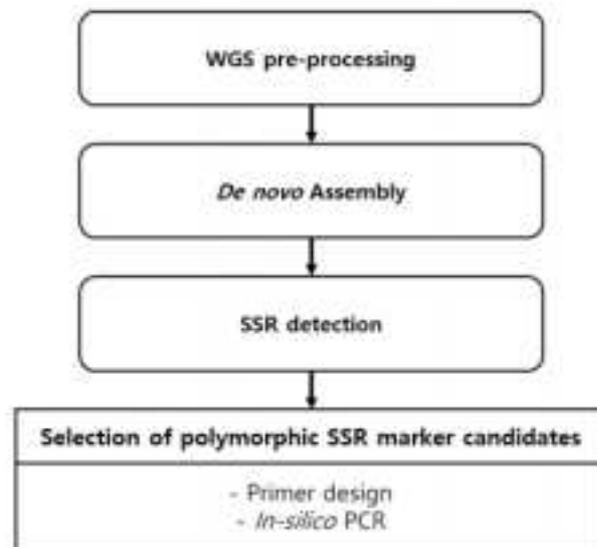


그림 II-2-(1). SSR 선별을 위한 WGS 분석 모식도

분석 샘플 간의 SSR 비교 분석을 수행하기 위해, *Columba livia* (GCA_036013475.2)를 기준으로 비교 샘플과 reference 간의 SSR size matrix를 작성하였다. *Columba livia* (GCA_036013475.2) 서열에서 찾은 SSR 영역을 기준으로 앞/뒤 20bp의 flanking sequence를 추출하고, flanking sequence를 비둘기류 14개체의 샘플의 draft genome 서열과 NCBI에 공개된 chromosome scale, *Columba livia* 서열에 in silico PCR을 수행하여 reference 별 예상 SSR size를 계산하였다. *Columba livia* (GCA_036013475.2) genome 서열에서 in silico PCR을 수행한 결과에서 다중으로 관찰되는 SSR 영역은 matrix 작성에 제외되었다.

표 II-2-(2). 분석에 사용된 *Columba livia* 표준 전장 유전체의 요약 정보

No. of chromosome	No. of scaffolds	Total length(bp)	Contig N50	Contig L50
41	858	1,325,566,026	14,042,120	28

이후 시퀀싱 플랫폼 제약에 따른 SSR 길이 필터링 과정으로, Miseq의 read 길이가 300bp로 제한되어 있어 forward read와 reverse read를 연결하더라도 약 580bp를 초과하는 시퀀스는 분석에서 제외하였다. 또한 product size 차이가 SSR motif 반복 수 변화에 기인하지 않는 경우 제외하였고, 단일 샘플에서 3개 이상의 product size가 검출 시 primer 특이성이 낮아 제외, 샘플 간 product size가 monomorphic하여 다형성이 부족한 경우 제외, Motif 반복 수 차이가 작은 SSR은 제외하였다.

(나) SSR-GBS 분석

WGS 분석을 통해 선별된 130개의 SSR을 혈연 관계가 명확한 낭비둘기 14개체, 집비둘기 4개체, 잡종 F1 4개체 총 22개체를 대상으로 SSR-GBS sequencing 및 filtering을 실시하였다. 국립생태원 및 서울대공원 종보전연구실에서 사육 및 증식한 개체를 사용하였으며 표 II-2-(3)에 표기하였다. 130개의 SSR로부터 디자인된 primer를 이용하여, 각 샘플을 대상으로 forward 및 reverse 프라이머의 5' 말단에 illumina 어댑터(p5 및 p7)서열을 부착한 SSR 마커의 1차 PCR을 진행하였다. 1차 PCR 산물을 이용해 어댑터 연결을 위한 2차 PCR을 진행하여 라이브러리를 제작하였다. 이후 Illumina Miseq 장비에서 paired-end 300bp로 시퀀싱을 수행하고 raw data를 획득하여 중 간 구분 마커 및 중 내 구분 마커를 선별하였다.

표 II-2-(3). SSR-GBS 분석에 사용된 낭비돌기, 집비돌기, 잡종 개체 정보

샘플명	성별	국명/학명	부 샘플	모 샘플	새끼 샘플
080-07108	수컷	집비돌기	-	-	080-07153
080-07123	암컷	집비돌기	-	-	080-07153
080-07153	-	집비돌기	080-07108	080-07123	-
080-03187	수컷	낭비돌기	-	-	080-07119
080-07101	암컷	낭비돌기	-	-	080-07119
080-07119	-	낭비돌기	080-03187	080-07101	-
080-05567	수컷	낭비돌기	-	-	070-02417
080-05562	암컷	낭비돌기	-	-	070-02417
070-02417	-	낭비돌기	080-05567	080-05562	-
B10-1-5-27	수컷	낭비돌기	-	-	B10-1-5-54, B10-1-5-59
B10-1-5-41	암컷	낭비돌기	-	-	B10-1-5-54, B10-1-5-59
B10-1-5-54	-	낭비돌기	B10-1-5-27	B10-1-5-41	-
B10-1-5-59	-	낭비돌기	B10-1-5-27	B10-1-5-41	-
B10-1-5-7	수컷	낭비돌기	-	-	B10-1-5-51
B10-1-5-23	암컷	낭비돌기	-	-	B10-1-5-51
B10-1-5-51	-	낭비돌기	B10-1-5-7	B10-1-5-23	-
080-07103	수컷	낭비돌기	-	-	070-02422, 070-02423, 070-02436, 070-02437
080-07154	암컷	집비돌기	080-07108	080-07123	070-02422, 070-02423, 070-02436, 070-02437
070-02422	-	F1(낭x집)	080-07103	080-07154	-
070-02423	-	F1(낭x집)	080-07103	080-07154	-
070-02436	-	F1(낭x집)	080-07103	080-07154	-
070-02437	-	F1(낭x집)	080-07103	080-07154	-

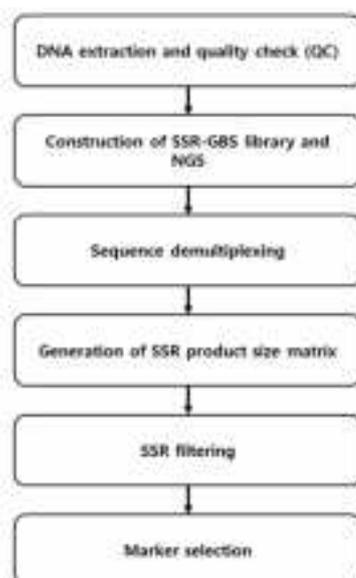


그림 II-2-(2). SSR-GBS 분석 모식도

(다) 선별된 SSR 마커의 정확도 분석

혈연 관계가 명확한 총 22개체를 대상으로 SSR matrix를 작성하여 각 SSR 마커 별로 30% 이상의 샘플 결측이 발생한 경우, 해당 마커는 제거하였다. 각 SSR 마커의 고유한 SSR motif 서열의 22개체 peak 값을 육안으로 동형접합(homozygous) 및 이형접합(heterozygous) 등을 확인하였다. 낭비둘기와 집비둘기의 고유한 SSR motif 서열을 가진 경우는 첫째, 동형접합 형태로서 두 종간 서로 다른 서열을 가졌을 경우 종 간 구분 마커로 활용 가능하며, 둘째 이형접합 형태로서 잡종 F1을 구분 가능하다. 또한 각 종 내에서 이형접합을 보이는 마커는 종 내 구분이 가능한 마커로서 선별을 하였다. 이 과정에서 총 11개의 마커가 최종으로 선정되었고 선정된 마커는 Cervus 3.0.7 프로그램을 활용하여 유전자 다형성 분석과 개체 식별 및 친자 추정 정확도를 평가하였으며, 마커 셋의 신뢰성과 활용 가능성을 종합적으로 검토하였다.

나. 연구 결과

(1) 야생 개체군 동태 분석

(가) 개체군 크기

국내 개체군 크기는 2020년까지 100개체 미만(국립생태원 2023)이 확인되었고, 이후 2021년부터 연천 지역 신규 서식지가 포함되면서 전체 142개체가 확인되었다. 이후에도 전년 대비 소폭 증가하여 2022년에는 167개체(전년 대비 17.6% 증가), 2023년에는 175개체(전년 대비 4.8% 증가), 2024년에는 320개체(전년 대비 83% 증가)가 확인되었고, 2025년에는 401개체(전년 대비 25% 증가)가 확인되었다(그림 II-2-(3)). 지역별로는 구례 개체군은 59개체로 전년 대비 4% 증가하였고, 연천 개체군은 263개체로 전년과 동일한 개체가 확인되었다(그림 II-2-(4)). 신규 번식지(철원 65개체, 강화 14개체)에서는 전체 79개체가 확인되었다(그림 II-2-(3)).

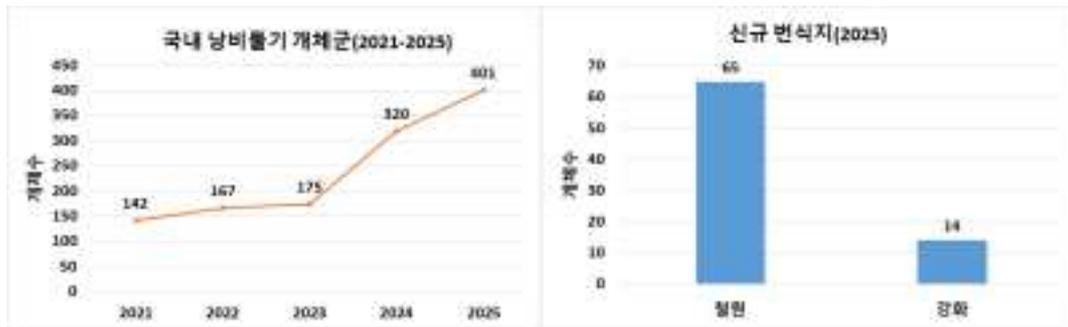


그림 II-2-(3). 연간 낭비둘기 개체군(국내) 크기 변화 및 신규 번식지 현황(철원, 강화)

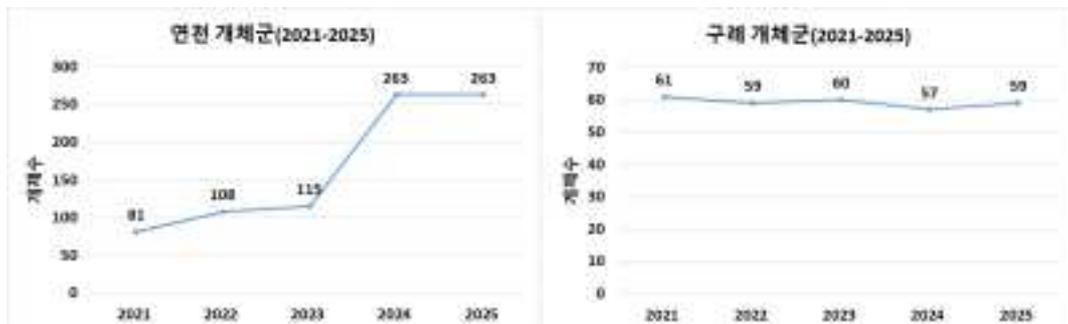


그림 II-2-(4). 연간 낭비둘기 개체군(구례, 연천) 크기 변화(2021-2025)

(2) 위협요인 관리

(가) 위협요인 관리 효과 분석

지난 5개년(2021~2025년) 간 낭비돌기 서식지 내 침입한 집비돌기는 구례와 연천 지역에서 수 개체 또는 수십 개체가 지속해서 관찰되었고, 잡종 개체는 2022년부터 1~2개체가 관찰되었다(그림 II-2-(5)). 구례군 화엄사 및 인접 서식지에 침입한 집비돌기는 3월까지 1개체가 확인되었으나, 조금씩 증가하여 최대 7개체가 확인되었다. 집비돌기 퇴치는 8월에 번식 등지 3개소 등 6개체를 퇴치한 후 미확인되었으나, 10월에 잡종 포함 6개체가 재침입하였다. 연천군 서식지에서는 집비돌기가 최대 5개체가 관찰되었으며, 잡종은 미확인되었다. 신규 번식지인 철원, 강화에서도 집비돌기 및 잡종이 각각 4개체, 1개체 및 1개체, 1개체가 확인되어 잡종화 방지를 위한 관리가 요구된다. 지난 5개년(2021~2025년) 간 구례 지역에서 포획된 개체는 2025년 현재까지 60개체가 포획되었다. 구례에서는 서식지 내 집비돌기 퇴치 활동으로 더 이상의 잡종 증가는 확인되지 않았다(그림 II-2-(6)).

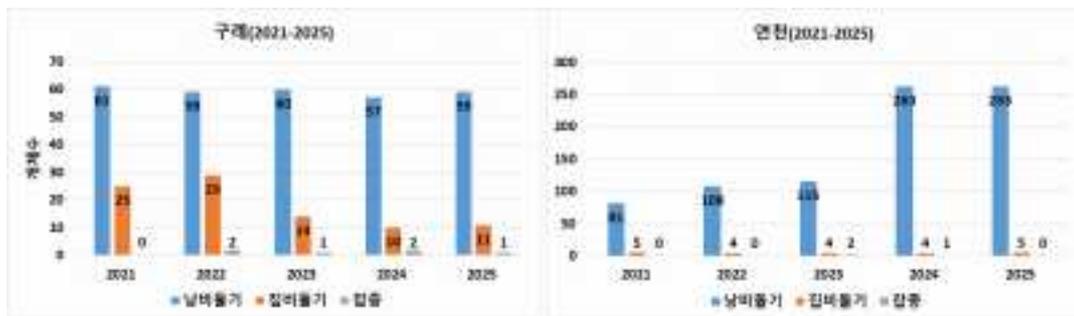


그림 II-2-(5). 구례, 연천 집비돌기 및 잡종 개체수 변화(2021-2025)

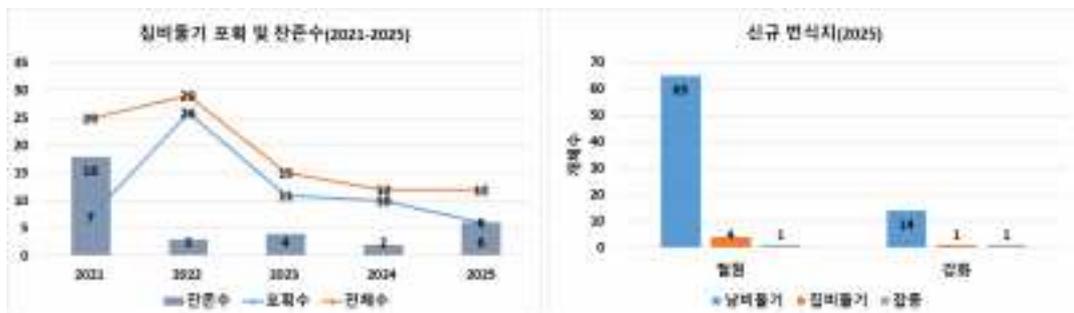


그림 II-2-(6). 구례 집비돌기 포획, 잔존수 변화 및 신규 번식지 집비돌기 현황

(3) 낭비들기 x 집비들기 혈연 판별 분자 마커 개발

(가) 전장 유전체 분석

낭비들기와 집비들기 각 7개체의 de novo genome assembly를 통해 확인한 짧은 길이의 DNA 조각 서열의 결과는 표 II-2-(4)와 같다.

표 II-2-(4). Short-read de novo genome assembly 분석 결과

Sample	K-mer	No. of contigs	Length(bp) of contigs				
			Total	Min.	Max.	Avg.	N50
IN3848	69	1,102,144	1,084,797,795	200	95,475	984	1,868
IN3897		797,240	1,115,572,111	200	63,057	1,399	3,284
IN3902		787,107	1,108,669,130	200	41,893	1,408	2,907
IN3903		840,652	1,107,426,667	200	59,916	1,317	2,480
IN3905		949,963	1,124,104,198	200	56,933	1,183	2,565
IN3907		974,124	1,123,325,102	200	43,796	1,153	2,526
SRS468666		1,703,732	988,999,436	200	11,009	580	735
Cliv_1_0		922,434	1,119,604,433	200	82,192	1,213	3,767
IN3788		1,238,983	1,138,828,848	200	63,374	919	1,743
SRS346865		1,104,924	1,093,982,523	200	33,175	990	1,791
SRS346873		961,062	259,262,362	200	6,278	269	261
SRS346877		608,601	156,117,406	200	3,896	256	248
SRS346884		1,567,881	454,524,335	200	3,927	289	282
SRS346899		543,079	138,387,173	200	13,251	254	246
Average		1,007,280	858,114,394	200	41,298	872	1,765

각 샘플의 assembled contig 서열과 마위비들기 reference genome 서열을 통해 추출한 SSR은 표 낭비들기 II-2-(5)와 같다. 표의 각 motif type인 P2는 di-nucleotide 예를 들어 (AC)⁶를 의미하며, p3는 tri-nucleotide, 이후 같은 형식으로 p10은 deca-nucleotide를 의미한다.

표 II-2-(5). 비둘기류 총 14개체의 SSR 추출 결과

Sample	p2	p3	p4	p5	p6	p7	p8	p9	p10	Total
GCA_03 601347 5.2	36,019	13,607	28,433	101,211	531,483	469,604	101,879	41,751	66,145	1,390,132
GCA_03 271937 5.1	35,992	14,567	26,481	41,801	564,291	159,704	102,276	41,505	28,667	1,015,284
GCA_03 601077 5.2	34,611	12,301	25,311	79,326	480,444	379,582	88,913	38,973	54,938	1,194,399
Hill-pigeon-IN 3848	30,528	11,810	25,147	32,782	457,719	140,837	79,511	26,598	14,721	819,653
Hill-pigeon-IN 3897	32,371	12,911	25,842	34,148	476,850	144,627	83,222	28,550	16,261	854,782
Hill-pigeon-IN 3902	31,775	12,715	25,012	33,468	474,259	141,464	82,702	28,307	15,828	845,530
Hill-pigeon-IN 3903	31,841	12,751	24,977	33,177	474,021	140,606	82,335	28,100	15,697	843,505
Hill-pigeon-IN 3905	32,191	12,863	25,122	33,697	480,580	144,433	83,959	28,813	16,510	858,168
Hill-pigeon-IN 3907	31,721	12,645	25,027	33,145	480,273	143,517	83,478	28,785	16,351	854,942
Hill-pigeon-SR S34686 6	25,041	9,007	22,420	28,241	400,549	125,074	69,339	22,154	12,357	714,182
Rock-pigeon-Cl iv_1_0	31,698	11,881	25,632	33,324	471,228	144,583	83,392	28,604	17,393	847,735
Rock-pigeon-IN N3788	32,285	12,936	24,664	31,786	487,110	139,765	83,519	28,682	16,024	856,771
Rock-pigeon-S RS3468 65	30,829	11,404	24,449	31,323	456,356	140,214	79,509	26,233	14,901	815,218
Rock-pigeon-S RS3468 73	4,512	1,554	4,490	7,877	99,414	30,680	16,353	5,207	2,904	172,991
Rock-pigeon-S RS3468 77	3,138	1,092	3,565	4,500	61,649	22,351	10,093	3,257	1,916	111,561
Rock-pigeon-S RS3468 84	7,823	2,982	7,843	11,531	176,983	52,789	28,821	9,156	5,259	303,187
Rock-pigeon-S RS3468 99	2,528	852	2,560	4,505	52,637	17,916	8,752	2,747	1,639	94,136

잡비둘기 reference genome(GCF_036013475.1)을 기준으로 앞/뒤 20bp의 flanking sequence를 추출하고 비둘기류 14개체의 draft genome 서열과 reference genome 서열을 in silico PCR 수행하여 다중으로 관찰된 SSR 영역은 총 1,390,132개로 확인되었다(II-2-(6)). 필터링 과정을 거쳐 최종적으로 polymorphic한 SSR로 선별된 SSR은 1,623개로 확인되었다.

표 II-2-(6). SSR size matrix 추출 결과

필터 단계	필터 항목	No. of SSRs
1	No. of SSR*1	1,390,132
2	SSR 주변서열 30bp 내에 repeat 서열 없는 좌 선별*2	64,554
3	No. of Recommended primer*3	53,291
4	No. of SSR size matrix*4	13,426
5	Polymorphic expected SSR size인 좌를 선별*5	1,623

*1) No. of Primer: Columba livia(GCF_036013475.1) SSR 좌를 target 으로 디자인된 SSR primer 개수
 *2) SSR 주변서열 30bp 내에 repeat 서열 없는 좌 선별: Columba livia(GCF_036013475.1)에서 찾은 SSR 영역의 앞/뒤 주변서열 30bp 내에 repeat 서열이 존재할 때, 해당 좌를 제거함
 *3) No. of Recommended primer: primer를 reference genome에 in silico PCR을 수행하여, 한번 관찰되는 primer 개수
 *4) No. of SSR size matrix: SSR영역 인근의 flanking sequence를 assembled contigs 서열에 in silico PCR을 수행하여 예측한 샘플 별 SSR size를 matrix 형태로 정리하였고, 해당하는 SSR 좌와 primer의 좌 개수
 *5) Polymorphic expected SSR size인 좌를 선별: In silico PCR을 통해 예측한 SSR 크기가 polymorphic한 좌를 선별함.

(나) SSR-GBS 분석

혈연 관계가 명확한 총 22개체의 SSR-GBS를 활용한 sequencing 결과, 약 20MB 이상의 데이터를 생산하였고, sequence quality Q30값은 평균 74정도로 양질의 데이터를 확보하였다(표 II-2-(7)).

표 II-2-(7). 혈연관계가 명확한 비둘기류 총 22개체의 SSR-GBS sequencing 결과

Sequencing file	Num. of reads	Avg. length (bp)	Total length (bp)	GC	Q30
080-07108	683,160	301	205,631,160	43.10	73.30
080-07123	617,696	301	185,926,496	43.00	73.30
080-07153	692,982	301	208,587,582	42.60	73.30
080-03187	675,642	301	203,368,242	43.20	73.90
080-07101	665,330	301	200,264,330	43.10	73.90
080-07119	650,740	301	195,872,740	43.00	73.50

080-05567	691,180	301	208,045,180	42.70	72.70
080-05562	782,126	301	235,419,926	42.70	73.80
070-02417	735,798	301	221,475,198	42.50	74.60
B10-1-5-27	806,074	301	242,628,274	42.10	73.00
B10-1-5-41	817,404	301	246,038,604	42.60	74.10
B10-1-5-54	764,368	301	230,074,768	42.60	73.70
B10-1-5-59	745,212	301	224,308,812	42.60	74.10
B10-1-5-7	735,016	301	221,239,816	42.80	74.20
B10-1-5-23	806,960	301	242,894,960	42.80	74.20
B10-1-5-51	729,370	301	219,540,370	43.00	74.80
080-07103	751,586	301	226,227,386	43.00	75.20
080-07154	685,482	301	206,330,082	42.80	75.20
070-02422	816,884	301	245,882,084	42.50	74.90
070-02423	854,990	301	257,351,990	42.80	74.10
070-02436	799,442	301	240,632,042	42.90	74.70
070-02437	782,520	301	235,538,520	42.90	74.30
Average	734,687	301	221,140,667	42.78	74.00
Sum	22,040,598	-	6,634,219,998	-	-

이후 WGS를 통해 선별한 1,623개의 polymorphic한 SSR의 primer를 이용하여 22개체를 대상으로 1,623개의 SSR을 추출하였다. 추출한 SSR은 총 5단계를 거쳐 필터링을 실시하였다. 1) 580bp 이상의 긴 SSR은 분석에서 제외하였고, 2) 샘플간 product size 차이가 SSR motif 반복수 변화에 기인하지 않는 경우 다형성 분석에 의미가 없으므로 제외, 3) 단일 샘플에서 3개 이상의 product size가 검출되는 경우 제외, 4) monomorphic하여 다형성이 부족한 경우 제외, 5) motif 반복 수가 작은 경우 제외하였다. 이 결과 총 130개의 SSR을 선별하였으며, 이를 22개체에 적용하여 product size의 peak 값을 육안으로 확인하여(그림 II-2-(7)) 중간 구분이 가능한 마커와 중 내 구분이 가능한 마커로 선별하였다(표 II-2-(8)).

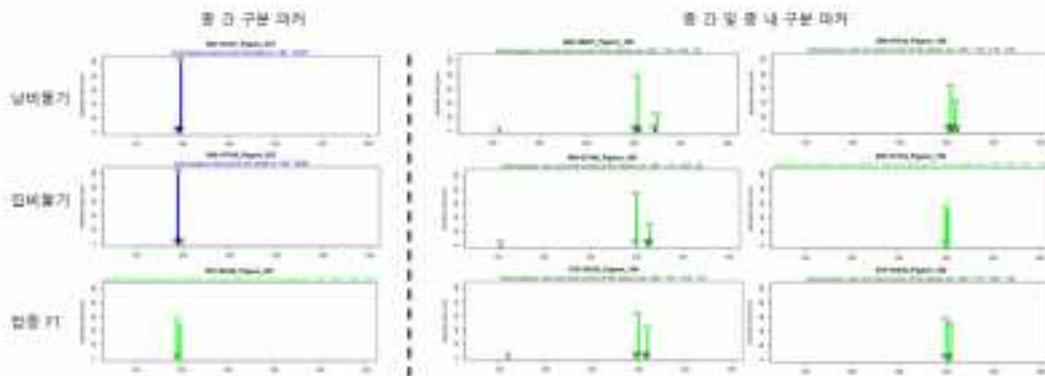


그림 II-2-(7). Product size의 peak 값을 육안으로 확인하여 마커 선별한 예시

표 II-2-(8). 최종 선별된 종간 및 종내 구분 마커 11개

마커 명	순종-잡종 구분			개체 구분		
	낭비돌기	집비돌기	잡종	낭비돌기	집비돌기	잡종
Pigeon_027	■	■	■			
Pigeon_034	■	■	■			
Pigeon_036	■	■	■	■		
Pigeon_038	■	■	■			
Pigeon_047				■		
Pigeon_066	■	■		■	■	
Pigeon_079	■	■	■			
Pigeon_100	■	■	■	■	■	■
Pigeon_109	■	■	■	■	■	■
Pigeon_125	■	■		■	■	
Pigeon_130				■	■	■

최종적으로 선별된 총 11개 마커의 각 개체 별 product size는 표 II-2-(9)를 통해 확인할 수 있다.

표 II-2-(9). 최종 선별된 11개의 마커와 각 샘플의 product size

샘플명	027	034	036	038	047	066	079	100	109	125	130
080-07108	189,	271,	271,	101,	197,	342,	311,	399,	338,	161,	380,
	189	271	271	113	197	346	311	429	423	177	385
080-07123	189,	271,	271,	101,	197,	342,	311,	399,	313,	145,	365,
	189	271	271	113	197	342	311	404	348	169	385
080-07153	189,	271,	271,	113,	197,	342,	311,	399,	338,	161,	365,
	189	271	271	113	197	342	311	399	348	169	385
080-03187	196,	262,	279,	95,	197,	346,	306,	414,	308,	161,	385
	196	262	279	95	197	346	306	419	308	161	390
080-07101	196,	262,	275,	95,	197,	346,	306,	419,	308,	161,	350,
	196	262	275	95	197	346	306	449	308	161	390
080-07119	196,	262,	275,	95,	197,	346,	306,	419,	308,	161,	350,
	196	262	279	95	197	346	306	449	308	161	390
080-05567	196,	262,	275,	95,	197,	346,	306,	409,	308,	153,	395,
	196	262	275	95	197	350	306	449	308	153	400
080-05562	196,	262,	275,	95,	197,	346,	306,	409,	308,	153,	400,
	196	262	275	95	197	346	306	449	308	153	405
070-02417	196,	262,	275,	95,	197,	346,	306,	409,	308,	153,	400,
	196	262	275	95	197	346	306	409	308	153	405
B10-1-5-27	196,	262,	275,	95,	197,	346,	306,	409,	308,	153,	395,
	196	262	275	95	197	350	306	449	308	153	400
B10-1-5-41	196,	262,	275,	95,	197,	346,	306,	424,	308,	153,	350,
	196	262	275	95	205	346	306	444	308	161	365
B10-1-5-54	196,	262,	275,	95,	197,	346,	306,	424,	308,	153,	365,
	196	262	275	95	205	350	306	449	308	161	400
B10-1-5-59	196,	262,	275,	95,	197,	346,	306,	409,	308,	153,	350,
	196	262	275	95	205	350	306	424	308	161	400
B10-1-5-7	196,	262,	275,	95,	197,	346,	306,	409,	308,	161,	385,
	196	262	275	95	197	346	306	419	308	161	390
B10-1-5-23	196,	262,	275,	95,	197,	346,	306,	409,	308,	161,	350,
	196	262	279	95	197	346	306	439	313	161	385

B10-1-5-51	196, 196	262, 262	275, 279	95, 95	197, 197	346, 346	306, 306	409, 439	308, 313	161, 161	350, 390
080-07103	196, 196	262, 262	275, 275	95, 95	197, 197	346, 346	306, 306	409, 419	308, 308	161, 161	350, 390
080-07154	189, 189	271, 271	271, 271	101, 101	197, 197	342, 342	311, 311	399, 404	338, 348	145, 161	365, 380
070-02422	189, 196	262, 271	271, 275	95, 101	197, 197	342, 346	306, 311	399, 409	308, 338	145, 161	365, 390
070-02423	189, 196	262, 271	271, 275	95, 101	197, 197	342, 346	306, 311	399, 419	308, 348	161, 161	365, 390
070-02436	189, 196	262, 271	271, 275	95, 101	197, 197	342, 346	306, 311	399, 409	308, 338	161, 161	380, 390
070-02437	189, 196	262, 271	271, 275	95, 101	197, 197	342, 346	306, 311	404, 409	308, 348	161, 161	380, 390

최종적으로 선별된 마커 11개의 primer 정보는 표 II-2-(10)을 통해 확인할 수 있다.

표 II-2-(10). 최종 선별된 11개의 마커의 primer 정보

마커명_For/Rev	서열(5'→3')	서열번호
Pigeon_027_For	ACTGGCCTGAATCCTGCATG	1
Pigeon_027_Rev	CCCCTGCACCACTTATCCA	2
Pigeon_034_For	GGATTCTGCACGCCAAGTTG	3
Pigeon_034_Rev	AAAGGTGAGTTGCTGCAGCT	4
Pigeon_036_For	AGAGTCAGCCAGCAACCAGA	5
Pigeon_036_Rev	AGTCCCGATCCTTGTCCAGT	6
Pigeon_038_For	AGGTGGTGTGCAGAGATTCA	7
Pigeon_038_Rev	TCTGGGAAAGTGAATCGAGGT	8
Pigeon_047_For	TGGCTCAGTCTGAATCCTGC	9
Pigeon_047_Rev	GCAACCTGAGCTGGTGAAGA	10
Pigeon_066_For	TCGACACGTGGACTCAAACA	11
Pigeon_066_Rev	TGCTTGTGCTCTGTCTCTGTT	12
Pigeon_079_For	CAGTTCAGAGACATCCAACCT	13
Pigeon_079_Rev	CACCGCAGCTCAGACATGAT	14
Pigeon_100_For	CATGGAGGTGCTGAGCTCTT	15
Pigeon_100_Rev	ACACCTCATTGGCTGCAGAA	16
Pigeon_109_For	AAATCAGTGGTGGCCAGGTC	17
Pigeon_109_Rev	GTGTCAAATCCCTCTCCTCTGA	18
Pigeon_125_For	GCTTTCAGGTCCCTTCCAA	19
Pigeon_125_Rev	AGTCCCATTTGCCTGAGTGG	20
Pigeon_130_For	TGTGCCTCCGTTCTTTGTT	21
Pigeon_130_Rev	GTGCTCCTGTGGCAAGAGAT	22

(다) 선별된 SSR 마커의 정확도 분석

선별된 11개의 SSR 마커에 대해 개체식별 및 친자 추정 정확도를 평가하기 위해 Cervus 3.0.7 프로그램을 활용하여 마커 기반 유전자 다형성 분석 및 친자 시뮬레이션을 수행하였다. 전체적으로 11개의 마커는 적당한 수준의 다형성을 보이며, 평균 기대 이형접합도가 0.525를 보여 유전적 다양성이 비교적 양호함을 보였다 (표 II-2-(11)).

표 II-2-(11). 마커 11개에 대한 대립유전자 및 이형접합 평균 요약

항목	값
평균 대립유전자 수	4.09
평균 기대 이형접합도 (HExp)	0.525
평균 관찰 이형접합도 (HObs)	0.454
평균 PIC	0.463
전체 loci 타이핑 비율	1.000

선별된 마커 중 Pigeon_036과 100, 109, 125, 130은 PIC(polymorphic information content) 값이 0.5이상으로 개체 식별 및 친자 분석에 특히 유용함이 확인되었다 (표 II-2-(12)). 부모쌍 비배제확률이 가장 낮은 Pigeon_100과 130은 개체식별 및 친자 확인 분석에 매우 적합한 것으로 확인되었다. Pigeon_027과 034, 079, 047은 기대 이형접합도가 0.5이하로 낮은 편이지만 중 간 구분이 가능하여 보조적 마커로서 활용이 가능할 것으로 사료된다.

표 II-2-(12). 선별된 마커 11개의 다형성 분석 결과

마커명	Allele 수	HObs	HExp	PIC	Null allele 빈도	비배제확률(부모쌍)
Pigeon_027	2	0.18	0.41	0.318	0.3714	0.753
Pigeon_034	2	0.18	0.41	0.318	0.3714	0.753
Pigeon_036	3	0.32	0.59	0.509	0.2772	0.544
Pigeon_038	3	0.27	0.44	0.385	0.2597	0.644
Pigeon_047	2	0.14	0.13	0.119	-0.0267	0.892
Pigeon_066	3	0.41	0.51	0.432	0.0814	0.612
Pigeon_079	2	0.18	0.41	0.318	0.3714	0.753
Pigeon_100	10	0.91	0.85	0.81	-0.0486	0.153
Pigeon_109	5	0.45	0.61	0.554	0.2012	0.448
Pigeon_125	5	0.36	0.57	0.5	0.2129	0.519
Pigeon_130	8	1	0.87	0.83	-0.0843	0.137

Delta 분포 분석 결과, 부모쌍의 평균 delta 값이 5.34로 개체 구분력 및 친자 확인력이 우수한 것으로 확인되었다. Delta 값은 가장 유력한 후보와 그 다음 후보 간 LOD 점수의 차이로 값이 클수록 신뢰도가 높음을 의미한다(표 II-2-(13)).

표 II-2-(13). 혈통 관계에 대한 delta 분포 분석 결과

분석 대상	Mean Delta	표준편차
모체 (진짜)	2.90	1.68
모체 (오모체)	0.97	0.83
부체 (진짜)	2.94	1.72
부체 (오부체)	1.00	0.90
부모쌍 (진짜)	5.34	3.10
부모쌍 (오부모쌍)	1.09	1.15

친자 추정 시뮬레이션 결과, 95% 신뢰조건에서 부모쌍을 할당할 확률은 87%이고 80% 신뢰조건에서는 부모쌍을 할당할 확률이 99%로 확인되었다. 본 시뮬레이션 결과에서 부모쌍 기준 99% 할당률 및 높은 delta 분포를 통해 실제 분석에 매우 적합한 수준임이 확인되었다. 분석 결과 제공한 친자·친부에 대한 정보는 실제 친자·친부의 정보와 100% 일치하는 결과를 보였다.

표 II-2-(14). 최종 11개의 마커를 활용한 친자 친부 할당률

분석 구분	Strict 할당률 (95%)	Relaxed 할당률 (80%)	미할당 비율
모체 단독	75%	98%	2.4%
부체 단독	77%	97%	2.5%
부모쌍	87%	99%	0.5%

다. 고찰

(1) 야생 개체군 동태 분석

국내 개체군이 2024년에 비해 2025년 급증한 것은 신규 서식지 2개소(철원, 강화) 확인으로 개체군이 2024년 320개체에서 2025년 401개체로 약 25%가 증가한 것이 주요 요인이다. 구례 서식지를 제외한 연천, 철원, 강화 지역은 모두 북한과 인접한 지역(민통선)으로 북한 개체군과의 교류 등 영향이 있을 것으로 추정된다. 반면에 구례 개체군은 지난 5개년간 60개체 내외로 큰 변화는 확인되지 않았으며, 개체군 보전을 위해서는 자연적 또는 인위적으로 새로운 개체군 유입이 요구된다. 서식지 내 집비둘기 번식 및 외부에서의 유입을 차단하기 위해 포획작업 및 퇴치가 필요하나 연천, 철원, 강화에서는 접근이 제한되는 지역(군사지역, 댐 등)으로 인해 퇴치 활동에 어려움이 있다. 본 연구에서 확보된 낭비둘기의 개체군 변동 및 서식지 위협요인 관리 등 생태연구 정보는 멸종위기종 보전 정책 수립 및 관리에 중요한 기초자료가 될 것으로 사료된다.

낭비둘기 야생개체군 현황(2020~2024) ■ 증가 □ 유지 □ 감소 □ 정보부족

- 2020년 이전 개체수 현황(구례, 고흥) 100개체 미만
 - 2021년 국내 개체수 현황(구례, 연천): 최대 142개체
 - 2022년 국내 개체수 현황(구례, 연천): 최대 167개체
 - 2023년 국내 개체수 현황(구례, 연천): 최대 175개체
 - 2024년 국내 개체수 현황(구례, 연천): 최대 320개체
 - 2025년 국내 개체수 현황(구례, 연천, 철원, 강화): 최대 401개체
- * 신규 번식지(철원, 강화) 발굴로 국내 전체 개체수가 증가한 것으로 나타났으나 전반적으로 과거 개체수를 유지하고 있으며, 정확한 개체수 변동 파악을 위해서는 장기적인 모니터링 필요함

(2) 낭비둘기 x 집비둘기 혈연 판별 분자 마커 개발

최종 선별된 11개의 SSR 분자 마커는 혈연 관계와 개체 구분에 매우 우수한 성능을 보였다. 부모쌍 기반 친자 확인 시 정확도 99%를 보였고, 엄격한 기준에서도 87%로 높은 수준의 정확도를 보여, 마커의 판별력 및 데이터 품질이 매우 양호한 것으로 확인되었다. 개발된 마커는 향후, 서식지 내 보전 기관에서 개체 생산 시 혈연 관계가 명확하지 않은 개체들에게 적용이 가능하며 유전 다양성 증진 목적으로 개체를 생산할 경우에도 적용이 가능할 것이다. 또한 유전적 다양성 증진을 위한 서식지 외 보전 과정에서도 유용하게 활용될 것으로 기대된다.

3. 먹황새

가. 연구 내용 및 방법

(1) 연구 내용

먹황새(*Ciconia nigra*)는 주로 구북구에 분포하며, 일부 개체군은 남아프리카에 별도로 분포한다. 국제적으로 취약종(VU), 국내 멸종위기 I 급으로 지정된 보호종이며, 황새속 8종 중 가장 원시적인 단형종(monotypic species)으로 알려져 있어, 유전적 변이가 크지 않을 것으로 예상된다. 구북구 지역 먹황새 개체군의 mtDNA를 이용하여 지역 간 유전적 차이를 검증한 기존 연구에서도 대부분의 지역 개체군에서 유의한 유전적 차이는 확인되지 않았다(Kim et al. 2024b). 따라서 국내 먹황새의 보전과 복원을 위하여 타 개체군에서의 종 도입이 유전적으로 의미있는 문제가 없을 것으로 판단되어, 일본 사육 개체군에서 6개체를 도입하였다(2024년). 도입 개체군의 초기 유전적 다양성은 복원 개체군의 생존력과 번식 성공에 중요한 요소가 된다. 본 연구는 복원 개체군의 장기적 안정성을 확보하기 위해 mtDNA와 microsatellite 마커를 활용하여 사육 개체(기존 사육 1개체 포함 총 7개체)의 유전적 다양성을 평가하고자 수행되었다. Microsatellite 마커 개발은 초기 단계가 진행되었으며, 향후 추가적인 마커 확보를 통해 도입 개체군의 유전적 변이를 보다 정확히 이해하는 데 기초자료로 활용될 수 있을 것으로 판단된다.

(2) 연구 방법

유전적 다양성 분석에 유전적 다양성 분석에 필요한 샘플은 국내에서 사육 중인 먹황새 1개체(A01)와 일본에서 도입된 6개체(A02, A03, A04, A07, A09, A11)에서 혈액을 채취하여 확보하였다(그림 II-3-(1)). 채취한 혈액 5 μ l은 HiGene™ Genomic DNA Prep Kit for Blood을 이용하여 DNA를 추출하였으며, 추출된 DNA는 -70 $^{\circ}$ C에서 냉동 보관하였다(그림 II-3-(2), 표 II-3-(1)). 도입된 개체들의 개체별 혈연관계 정보는 도입 당시 제공 받은 사육 기록을 기반으로 확인하였다.

mitochondria DNA (mtDNA) control region 염기서열 분석을 위하여 mtDNA full sequence (Accession no. KY767670.1)를 참조하여 PCR 및 sequencing에 필요한 primer 6종을 새롭게 디자인하였다(그림 II-3-(3), 표 II-3-(2)). 각 혈액 샘플에서 추출한 DNA 1 μ l를 사용하여 primer F-1/R-1/SEQ-1 조합으로 표 II-3-(3)의 조건에 따라 PCR을 실시하였다. 이후, 3개 primer (F-1-1/R-1-1/F1-1-2)를 추가하여

총 6개 primer로 sequencing을 진행하여, 1,149 bp염기서열을 확보하였다.

MEGA 11을 이용하여 멧황새 7개체의 mtDNA control region 염기서열 1,149 bp를 정렬(alignment)하고, 개체간 염기서열 변이를 비교하였다. 이를 바탕으로 각 개체의 haplotype을 결정하였으며, 동일한 서열 정보를 이용하여 계통수를 분석하였다. 또한 국내 사육 개체군과 국외 개체군 간의 유연관계를 추론하기 위하여, 기존에 밝혀진 국외(중국(3); 벨라루스(7); 포르투갈(3); 폴란드(1); 스페인(1)) 멧황새 15개체의 mtDNA control region 염기서열 중 활용 가능한 232 bp 구간을 NCBI GenBank에서 확보하여 비교분석에 포함하였다(그림 II-3-(5)). 계통수는 MEGA 11의 maximum-likelihood method (Tamura-Nei model)에 기반하여 작성하였고, 근연종인 황새(*C. boyciana*)와 유럽황새(*C. ciconia*)를 outgroup으로 포함하였다.

mtDNA 분석 결과를 보완하고 핵 유전자의 수준에서 개체군의 유전적 특성을 평가하기 위해 microsatellite 마커 개발 및 적용 가능성도 검토하였다. 근연종(황새 *C. boyciana*; 유럽황새 *C. ciconia*; 양털목황새 *C. episcopus*)에서 개발된 39개의 microsatellite 마커 중, 선행연구(Shephard et al., 2009; Wang et al., 2011; Huang & Zhou, 2011; Naito et al., 2012; Feldman et al., 2016; Yoon et al., 2023) 결과 두 종 이상에서 교차 증폭 여부와 allele 수를 참고하여 17개 마커를 1차 후보로 선정하였다(표 II-3-(4)). 선정된 마커들은 기존 연구에서 알려진 $T_m(^{\circ}C)$ 값을 참고하여 두개의 샘플을 대상으로 touch down 방식의 PCR을 수행하였고, 각 마커별 증폭 가능성을 확인하였다(표 II-3-(5)). 그 결과 안정적으로 증폭이 확인된 마커를 최종적으로 선별하여, 형광표지 프라이머(6-FAM 또는 HEX)를 적용하여 전체 시료(n=7)에서 genotyping PCR을 실시하였다. 본 연구에서는 확보된 유효 마커 수가 제한적이었기 때문에, 사육개체군의 유전적 다양성 분석은 향후 추가 연구를 통해 마커 수를 보완한 후 진행할 예정이다.

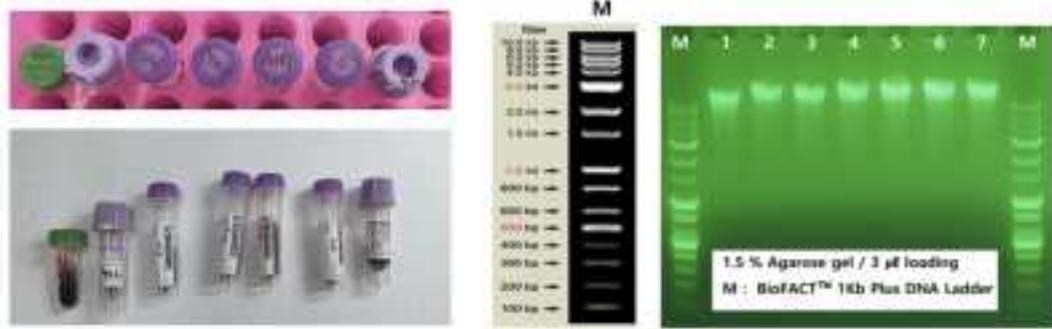


그림 II-3-(1). 먹황새 혈액 샘플 그림 II-3-(2). DNA 추출 결과

표 II-3-(1). 혈액에서 추출한 DNA 농도

No.	Sample	Conc. (ng/ μ l)	Total Conc. (ug)	OD260/280
1	A01	82.0	3.28	1.87
2	A02	74.4	2.97	1.90
3	A03	85.2	3.40	1.90
4	A04	85.6	3.42	1.90
5	A07	104.6	4.18	1.87
6	A09	109.0	4.36	1.88
7	A11	88.3	3.53	1.88

표 II-3-(2). 먹황새 mtDNA control region(1,149bp) PCR 및 Sequencing primer 염기서열

Primer	Sequence (5' -3')
F-1	ATTAGATGCAACCGCCAATG
R-1	CGAACGATGAAAGAACGAATG
SEQ-1	GCTTGGGTCTGTACAGAAGT
F-1-1	TAGTCAAGTGGACATGATATTGT
R-1-1	CAGCTTTAAATCCCTGATTAAG
F1-1-2	ATTGGTTTAGGGCATATTATTGT

```

11811 5'-----3'
11812 ATTAATGCGC AGGCGCATG CCGCCAAAC AAGGCGGAGC CCCCCAAA GCGAAGATA AGCCTGCAZT TGTCCGACT TGGCCTCTC CAAAGCTCG
11813 TAACTGCTT TGGCTTAC GAGCTTTG TTGGCTTC GGGGGTTTT GCTGTTGAT TCGTAGATAT ACAGGTTTA ACCAGAGAA GHTTTCAGT
11814 CCGCTTAAA AGGCGCGTT AAAAGTACT CTGACTAGA GAGACAGCC AAGACATG CCGCGGTG CCGCCGACG CCGCCAGAA GACTTCGAG
11815 GCGAACTTT TGGGAGCAA TTTTACTGA GATTTGATG CTTGTCGGG TCCGTGACT GAGAGCATG GGGGGATG GGGGTTCTC CTGAGCTG
11816 GGAATGACT ATGATATGT GCATGATCT GCTTCCGCG TTAGCATAC ACTGATCTT GAGATACA TTAATTTGG TTAGGCAAT TACTTTAA
11817 CCGTACTGA TCGATTACA COTATCGAG CAGACAGCG GATGATATG TGCATGAG CCGTATATA GAAATGACA ATGCTGCTT GATGACTTA
11818 GTCCTTAAA ATAACTATA TGTATCGAG TCGACTGAT ATTATAGT CTAGAGATA GTATGAAA GCGCAGCGA TAAAGTTT CTTATACG
11819 CAGAACTCT TATTACAT ATATGATTT ACCCTACTA TTAGATTAC GATCTGAT GATGAAA GCGCAGCGA TAAAGTTT CTTATACG
11820 GAAATTAAG CTGAAATAG ATAGATATG GATATGAT GATATAGCC TAGGATCTA GGGATGCTT AAGATGATT TCTTAGAGG GAGGATATT
11821 CCAAAITCG GACTGATTC CATGCTTAC CAGATACATA CAGATACCG ATGCTAGAT CCGTACCA TGTAGTAAA GAAATGCTT GTGCATAAA
11822 AAGATCTTG TAACTGATA TCCAGAGAA TTGGATAT CAGAGAGAG GATATAGCC GAAATGCTT GACTGATTC ATAAAGCTT TGGCTTCTA
11823 TTGAGAGCC ATGCGCAAT AGGCTGCTT ACGCTTACA GATCTGCTC GATAGCTG GAAATGCTT GACTGATTC ATAAAGCTT TGGCTTCTA
11824 GAGATCTTG TAACTGATA CCGCTTCTT TGGGGGTTT AATTGATG GTACTGAT ATAAAGCTT GATCTGCTT CCGAGGCTT GATCTGAT
11825 GTCCTAAA ATATGATAT GCGAGAGAA ATGCGCTTC TTAGCTTTC CAGAGACTA CAGAGACTA TACTTAGG TCGAGAGCA GCGCGCGCG CATGACTTC
11826 GAGCTGATA TCTATGTC GAGTCTCA CTGAAATA GCGAGGCTT GCTGAGAA TCGATGTA TTAGCTTC GATCTTCTT TCGCTTAA
11827 CTGCTGAT GATATGAT CCGAGAGAT GACTTGTG TGTGCGCA GAGCTTCT AAGTACTG GATCTGCTT CTAGAGAA AAGGATTT
11828 CCGCTGCTT TAACTGATA TTTGCTTC TGTCTCTC GTCAGGCTA TGTCTTCA TACTCGCA TACTTTCG TTTGAGAT GATTTCTT
11829 GGGATCTTG TTAGCTTAA AAGCGGAG ACCAGAGAG CAGTCCGCTT ACGAGATG ATTAGGCTT ATTAGGCTT AATTTCTG ATAAAGCTT
11830 ATGCTGATA TCACTGAG CAGCTGCTT GCTTCTTTC CCGTCTGAT TTTCTTCT TGGCTTCT TCGAGCTT GCGCTTCTT
11831 TACCGCAAT ATAGGCTT GACTGCTT CTAGAGATA CAGAGACTA GAGAGACT AAGGAGAAA ACCGAGAA ATGCTTCTC GGGATCTTG
11832 GCGAGAGAG GCGTCTTGA TTAGAGAT TTAGAGATA TGTGCGCG TCGGGCTG GTCCTGAG ATAGCTTAT GAGGCTTCT GCGATATG
11833 CCGCTTCTC TCGAGACT GATCTTCTA CTGATATG ACCAGCGCC AAGCGCGAC CAGAGCTT TACTGATA CCGCTGCTC CCGATCTC
11834 GAAATGCTT TAACTGAT GACTTGTG TCGAATTAG TTAGAGATA TCGAGACT CTAGAGCT TACTTATA GCGAATCTT GTTATGAT
11835 CCGCTGATA ATGCTGATA CCGAGAGCA AAGTAACT ATAGCGCTT GCTGCTTCA GAAATCTC GATGATAAT CAGTCTGAA CAGCTTCT
11836 CTATGACT TTAGCTTC CTGAACTT CTAGAGATA CTAGAGCTT TACTGATAT CCGTCTTAT GGTGAGCA TACTTCAAT GCTTCTTC
11837 GATGATTA AATGCTTAT GATGCTTAA GATCTTCTT GCTCTTGA AATGATTA CCGAGATA CCGATCTT ATAAAGCTT CAGAGACT
11838 AAGCTTCTT
11839 TCGCTC
11840 AAGCTT

```

그림 II-3-(3). 멍황새 mtDNA control region 분석을 위해 사용된 primer 결합 위치(참조서열: Accession no. KY767670.1)

표 II-3-(3). 멍황새 mtDNA control region(1,149bp) PCR 조건

Step	온도(° C)	Time	Cycle
Initial denaturation	95	2 min	1
Denaturation	95	20 sec	
Annealing	60	40 sec	30
Extension	72	1 min 30 sec	
Final extension	72	5 min	1

표 II-3-(4). 멧항새 유전다양성 분석을 위해 근연종에서 선발한 1 차 microsatellite 마커 후보들

Locus	Primer Sequence (5' -3')	Number of alleles	Ta(°C)	Previously analyzed species*	Reference
Cc01	F-CACAAACATCAGCAAGGACAG R-TTCTTGCAATTTGCTCCAGTG	2	54	CC, CB	Shephard et al., 2009
Cc02	F-CGCTCGCTGTCTTTATCTCC R-CTGCTGCATGCCAGTTGAT	2	54	CC, CB, CE	Shephard et al., 2009
Cc04	F-GCTGAAATGTCTGTCCCTGA R-AATTCCCCTATTGCGTCACA	10	54	CC, CB, CE	Shephard et al., 2009
Cc06	F-CTCGCTGTCTCCTCTGCTCT R-GAACAGCAATATCGCATCTACA	4	54	CC, CB, CE	Shephard et al., 2009
Cc07	F-GCATGAAAATGCATAGAGCAGA R-CCACCGTTATGATCCTTTGG	10	54	CC, CB, CE	Shephard et al., 2009
Cbo108	F-CCCAGGTCACAAATTATACG R-GAGCCTCACAAAGTTCCCTG	6	55	CB, CE	Wang et al., 2011
Cbo109	F-GTGGTGTAGTCCAGTTTATG R-ATAACACATGAATGACCTGG	6	55	CB, CE	Wang et al., 2011
Cbo121	F-CCACAATGGCAATTTTTTAC R-GTTCTCCCAGAGGCTTGCTC	8	55	CB, CE	Wang et al., 2011
Cbo151	F-AATCTGGTCTTGGTCCTTTC R-GGTTTTACCCTCTGACACTG	6	55	CB, CE	Wang et al., 2011
Ah211	F-GCTCATCAGGAGTTGAATCTGGC R-TCTGTCATTAGCAATGGACC	2	56	CB, CE	Huang & Zhou, 2011
WSu13	F-AGGGCTCATCAATAGTGT R-GTTTGCCCACTGTGTCAACT	5	55	CB, CE	Wang et al., 2011
WSu14	F-AAATGAGCACGGTATT R-GTTTCTGTGTTAGTGGCTAAG	2	54	CC, CB	Shephard et al., 2009
WSu17	F-GGCAAGCTGTTATACTAAT R-GTTTTTCATATACTAACTGG	2	54	CC, CB	Shephard et al., 2009
WSu18	F-CATATACTAACTGGGTTTAATC R-GTTGTTCTGCGTTATTC	3	54	CC, CB	Shephard et al., 2009
Cc10	F-TGTGACAGATGCAAAGCTCC R-GTGTTTACTAGTTGGCTGTTCC	7	60-45	CC, CE	Feldman et al., 2016
Cc37	F-CCTGCCTGACAAGAGAATGC R-GCAAGTGTATCAGTCCAAATGG	5	60-45	CC, CE	Feldman et al., 2016
Cc42	F-GCAGGAAAGGAGGAAAGGTG R-GCATCACAGTATGCAAACGC	7	60-45	CC, CE	Feldman et al., 2016

* CC; *Ciconia Ciconia*, CB; *C. boyciana*, CE; *C. episcopus*

표 II-3-(5). 멧황새 microsatellite marker test 를 위한 PCR 조건

Step	온도(° C)	Time	Cycle
Initial denaturation	95	1 min	1
Denaturation	95	30 sec	x10/16 (-1°C)
Annealing	58/60	30 sec	
Extension	72	30 sec	
Denaturation	95	30 sec	25/30
Annealing	53/45	30 sec	
Extension	72	30 sec	
Final extension	72	30 min	1

나. 연구 결과

mtDNA control region 염기서열 1,149 bp 분석 결과, 총 11개 위치에서 염기 변이가 확인되었으며, 분석 대상 7개체에서는 3개의 서로 다른 haplotype이 식별되었다(그림 II-3-(4), 표 II-3-(6)). 개체별 혈연관계 정보와 비교하였을 때, 형제 관계에 있는 개체들은 모두 동일한 haplotype을 공유하는 것으로 나타났다.

확보된 염기서열 자료를 기반으로 계통수 분석을 실시한 결과, 기존에 국내에서 사육 중인 개체(A01)와 일본에서 도입된 6개체(A02, A03, A04, A07, A09, A11)는 세 그룹으로 구분되었으며, 이는 haplotype 분석을 통해 확인된 그룹 결과와 일치하였다. 계통수 상에서 근소한 차이로 haplotype 1은 haplotype 2보다 haplotype 3 그룹의 개체들과 상대적으로 가까운 유연관계가 있는 것으로 나타났다(그림 II-3-(5)).

또한 NCBI GenBank에서 확보한 국외 멧황새 15개체의 mtDNA control region 중 232 bp 서열을 본 연구 자료와 함께 계통수를 분석을 실시하였을 때, 국내 사육 7개체는 국외 개체 중 특정 집단과 근접하거나 분리되는 뚜렷한 군집 패턴을 보이지 않았다. 전체적으로 계통수 상에서 국내 개체와 국외 개체 간의 구분은 명확하게 형성되지 않는 양상을 보였다(그림 II-3-(6)).

멧황새 특이적인 Microsatellite 마커 개발을 위해 1차로 선정된 17개 마커(표 II-3-(4)) 중 PCR 증폭이 확인된 마커는 총 12개였다(Cc01, Cc02, Cc06, Cc07,

Cbo109, Cbo121, Cbo151, Ah211, Wsu13, Wsu14, Cc37, Cc42). 이들 12개 마커를 대상으로 형광표지 프라이머를 이용한 PCR을 수행한 결과에서는 모두 증폭이 확인되었다. 그러나 genotyping 결과, 8개의 마커(Cc01, Cc06, Cbo109, Cbo121, Cbo151, Wsu13, Wsu14, Cc42)에서는 대립유전자 변이가 관찰되지 않아 다형성이 확인되지 않았다. Ah211는 hetero 형태(2개 allele)가 나타났지만 개체간 차이가 없어 변별력은 낮았다. 3개 마커(Cc02, Cc07, Cc37)에서는 일부 개체에서 서로 다른 유전형이 관찰되어 polymorphic한 양상을 보였으나, Cc02 마커는 allele 차이가 불안정하게 나타나 실질적 마커로 활용하기에는 적합하지 않은 것으로 판단되었다. 최종적으로 Cc07, Cc37 두개의 마커가 비교적 안정적인 PCR 증폭과 뚜렷한 다형성을 보여, 향후 개체식별 및 유전적 다양성 평가에 활용 가능한 마커로 선정되었다(그림 II-3-(7)).



그림 II-3-(4). mtDNA control region 1,149bp 의 PCR 산물의 전기영동 결과

표 II-3-(6). mtDNA control region(1,149bp) 분석을 통해 확인된 개체별 haplotype 및 polymorphic site(변이 위치)

Type	samples	Polymorphic site										
		205	228	232	260	266	342	384	407	438	476	793
1	A01	T	G	C	T	C	A	G	G	A	C	A
	A02	C	A	T	C	T	G	G	G	G	T	A
2	A03	C	A	T	C	T	G	G	G	G	T	A
	A11	C	A	T	C	T	G	G	G	G	T	A
3	A04	T	G	T	T	C	G	A	A	G	C	G
	A07	T	G	T	T	C	G	A	A	G	C	G
	A09	T	G	T	T	C	G	A	A	G	C	G

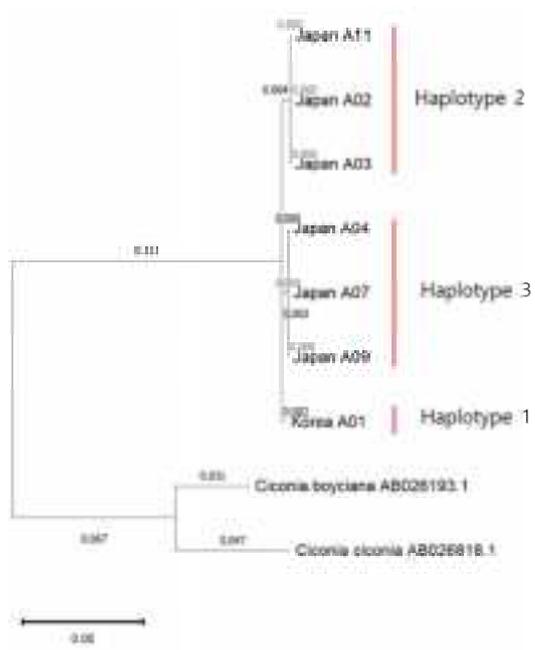


그림 II-3-(5). Maximum-likelihood tree (mtDNA control region 1,149 bp sequences)



그림 II-3-(6). Maximum-likelihood tree (mtDNA control region 232 bp sequences)

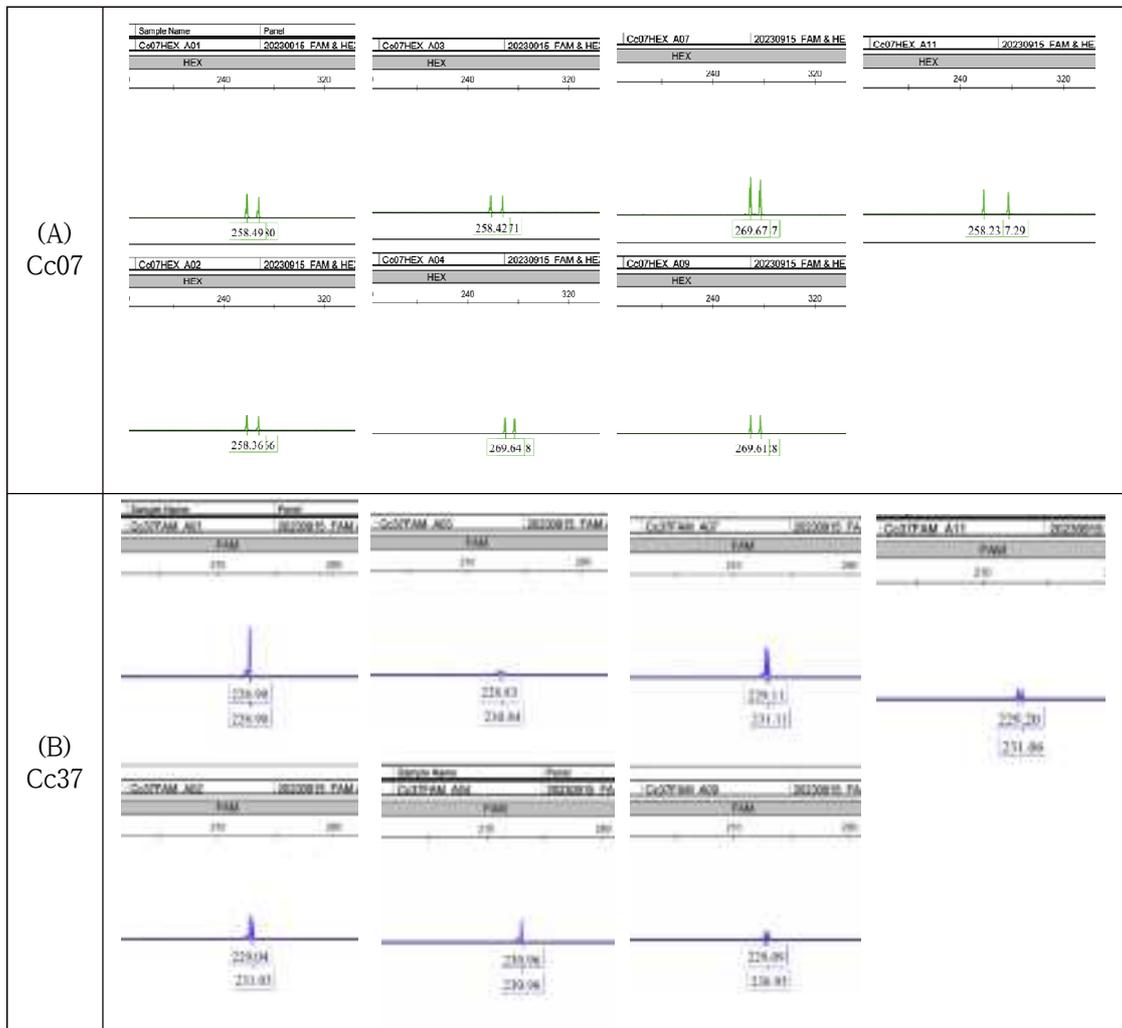


그림 II-3-(7). Microsatellite marker (A) Cc07 (B) Cc37 의 유전형 분석 결과

다. 고찰

본 연구는 멧황새 개체군의 유전적 구조를 파악하고 보전적 활용 가능성을 평가하기 위하여 mtDNA 분석과 핵 DNA 기반 microsatellite marker의 유효성을 검증하였다. 혈연관계가 가까운 개체들이 동일한 haplotype으로 분류된 결과는 mtDNA가 모계 계통을 일정 부분 반영할 수 있음을 보여주며, 모계 혈연구조를 추정하는 데 참고자료로 활용될 가능성을 시사한다.

또한 mtDNA control region의 232 bp 단편과 약 1,100 bp 확장 구간을 기반으로 한 계통수 분석에서는 분석 구간의 차이에 따라 일부 개체 배치의 변동이 나타났으나, 전반적으로 멧황새 개체군 간 유전적 분화는 미미한 것으로 확인되었다. 이는 기존 연구에서 보고된 낮은 유전적 변이 수준과 일관된 결과이며(Kim et al., 2024; 국립생태원, 2024), 향후 보다 확장된 염기서열 자료가 확보된다면 이러한 경향을 보다 정밀하게 검증하는 데 추가적인 도움이 될 것으로 기대된다.

본 연구에서 평가된 microsatellite 마커들은 제한된 수(2개: Cc07, Cc37)만이 명확한 다형성을 보였으며, 이는 종 특성 또는 중간 마커 전이 과정에서의 제약 등이 복합적으로 작용한 결과로 해석된다. 그럼에도 본 연구에서 확보된 정보는 PCR 조건의 조정 및 신규 마커 선정을 위한 기초자료로 활용될 수 있으며, 종 특이적 핵 DNA 마커군 구축을 위한 초기 단계로서 의미를 가진다. 최근 보전유전학 분야에서는 NGS 기반 분석이 확대되고 있으나, 멸종위기종의 개체식별, 혈연관리, 장기 모니터링과 같이 비용 효율성과 지속성이 요구되는 연구에서는 microsatellite의 활용 가치가 여전히 높다.

이에 따라 본 연구에서 시도된 microsatellite 마커 개발은 멧황새 개체군의 유전적 다양성 평가 체계를 마련하는 데 필수적인 과정으로 판단되며, 향후 1차 선정 마커의 PCR 조건 최적화 및 근연종에서 개발된 마커의 재선정을 통해 마커군을 확대할 예정이다. 이러한 후속 연구는 종 특이적 마커 확보 가능성을 높이고, 향후 유전적 다양성 분석의 정밀도를 향상시키는 데 기여할 것으로 기대된다.

종합적으로, 본 연구에서 확보된 mtDNA 및 microsatellite 기반 정보는 멧황새 개체군의 기초 유전구조를 해석하는 데 의미 있는 자료를 제공하며, 개체군 복원 및 보전 전략 수립에 기초자료로 활용될 수 있다. 향후 보다 다양한 핵 DNA 마커의 추가 도입과 표본 확충을 통해 개체군의 유전적 안정성을 정밀하게 평가할 필요가 있으며, 이러한 연구의 축적은 개체군의 확대 및 보전 프로그램의 실효성 제고에 중요한 역할을 할 것으로 판단된다.

IV. 참고문헌

- 국립생태원. (2021). 멸종위기종 유전다양성 및 고유성 연구(21년). 영양: 국립생태원 멸종위기종복원센터
- 국립생태원. (2021). 멸종위기종 야생개체군 동태 및 원인 분석 연구. 영양: 국립생태원 멸종위기종복원센터
- 국립생태원. (2022). 멸종위기종 야생개체군 동태 및 원인 분석 연구. 영양: 국립생태원 멸종위기종복원센터
- 국립생태원. (2023). 멸종위기종 야생개체군 동태 및 원인 분석 연구. 영양: 국립생태원 멸종위기종복원센터
- 국립생태원. (2024). 멸종위기종 야생개체군 동태 및 원인 분석 연구. 영양: 국립생태원 멸종위기종복원센터
- Feldman, S., Centeno-Cuadros, A., & Nathan, R. (2016). Isolation and characterization of novel polymorphic microsatellite markers for the white stork, "Ciconia ciconia": applications in individual-based and population genetics. *Animal Biodiversity and Conservation*, 39(1): 11-16.
- Huang, Y., & Zhou, L., (2023). Screening and application of microsatellite markers for genetic diversity analysis of oriental white stork (*Ciconia boyciana*). *Avian Research*, 2(1), 33-38.
- Lee, K.S. 2015. Breeding situation of Black-faced Spoonbill in Korea. Pages 11-45 in Proceedings of International Black-faced Spoonbill Workshop for the International Cooperation and Conservation, Incheon. Waterbird Network Korea, Seoul, Korea.
- Kennerley, P.R. (1990) A review of the status and distribution of the Black-faced spoonbill. *Hong Kong Bird Report* 1989: 116-225.
- Kim, J. Y., S. H Eo, C. Y. Choi, H. C. Sung, B. Y. Hwang, D. W. Kim, S. C. Moon, and J. Yoon. (2024). Mitochondrial DNA variation in Black Storks (*Ciconia nigra*) of the Palearctic Region. *Korean Journal of Ornithology*, 31(2): 93-99.
- Kwon, I.K. (2017) Breeding and Conservation Biology of the Black-faced spoonbill *Platalea minor* in Korea. Ph.D. Dissertation. Kyung Hee University, Seoul, Korea.

- Naito, K., Nishiumi, I., & Osako, Y. (2012). Genetic diversity of the Oriental White Stork, *Ciconia boyciana*, kept in Toyooka and its implication to the breeding program. *野生復帰*, 2(1), 57-62.
- Shephard, J. M., Galbusera, P., Hellemans, B., Jusic, A., & Akhandaf, Y. (2009). Isolation and characterization of a new suite of microsatellite markers in the European White Stork, *Ciconia ciconia*. *Conservation Genetics*, 10(5), 1525-1528.
- Wang, H., Lou, X., Zhu, Q., Huang, Y., Zhou, L., & Zhang, B. (2011). Isolation and characterization of microsatellite DNA markers for the oriental white stork, *Ciconia boyciana*. *Zoological science*, 28(8), 606-608.
- Yeung, C.K.L., Yao, C.T., Hsu, Y.C., Wang, J.P., Li, S.H. (2006) Assessment of the historical population size of an endangered bird, the black-faced spoonbill (*Platalea minor*) by analysis of mitochondrial DNA diversity. *Animal Conservation* 9: 1-10
- Yoon, H. J., Lee, M. Y., Jeon, H. S., An, J., & Yoon, J. (2023). Temporal changes in demography and genetic diversity of oriental storks at the stage of long-term captive propagation and reintroduction initiation. *Zoological science*, 40(4), 284-291.
- Yu, Y.T., Kong, P. Y., Li, C.H., Tse, Y.L.A. and A.L. Moulin. 2025. 2025 International Black-faced Spoonbill Census. 218 The Hong Kong Bird Watching Society. Hong Kong.

동북아 멸종위기 조류 야생개체군 복원 및 위협요인 관리 연구 (25)

Research on wild population recovery and threat management for endangered birds Northeast Asia (25)

발행일 2026년 1월 19일

발행인 이창석

발행처 국립생태원

충청남도 서천군 마서면 금강로 1210

참여연구자 윤종민, 강승구, 최진, 김영건, 이선주, 양민승, 김진용

문의 054-680-7422

홈페이지 www.nie.re.kr

제작 (주)전우용사촌

ISBN 979-11-6698-802-8 (93490)

© 국립생태원

이 책은 저작권법에 의해 보호를 받는 저작물이므로 무단 전재와 무단 복제를 할 수 없습니다.

