

테라노바만의 해빙 및 빙하 영향에 의한
해양저서생물의 군집 구조와 주요 우점종 개체군
변동 양상 추적

Population dynamics and marine community structure on the
effects of Sea ice melting in Terra Nova Bay



제주대학교 산학협력단

제 출 문

극지연구소장 귀하

본 보고서를 “ 온난화로 인한 극지 서식환경 변화와 생물 적응진화 연구 ” 과제의 위탁 연구 “테라노바만의 해빙 및 빙하 영향에 의한 해양저서생물의 군집 구조와 주요 우점종 개체군 변동 양상 추적” 과제의 최종보고서로 제출합니다.

2026. 01.

(본과제) 총괄연구책임자 : 김 상 희

위탁연구기관명 : 제주대학교 산학협력단

위탁연구책임자 : 박 상 울

위탁참여연구원 : 이 혁 제

“ : 강 윤 희

“ : 최 희 규

“ : 박 혜 진

“ : 함 성 빈

“ : 박 하 늘

“ : 황 순 영

“ : 김 유 림

“ : 서 진 규

보고서 초록

위탁연구과제명	테라노바만의 해빙 및 빙하 영향에 의한 해양저서생물의 군집 구조와 주요 우점종 개체군 변동 양상 추적				
위탁연구책임자	박 상 울	해당단계 참여연구원수	10	해당단계 연구비	170,000,000
연구기관명 및 소속부서명	제주대학교 산학협력단		참여기업명	-	
국제공동연구	상대국명 : - 상대국연구기관명 : -				
요약(연구결과를 중심으로 개조식 500자이내)				보고서 면수	53
- 본 연구는 해빙 영향에 의한 테라노바만 내 해양저서생물 변동 양상 추적을 위하여, 장보고기지 주변 해빙 해역 연안생태계 및 남극가리비 개체군의 장기 연속 관측자료를 구축하고, 생태계 변동성을 파악하고자 함 - 곤드와나 정점은 장보고 정점 대비 수온 변동폭은 낮으나 평균 수온은 높았으며, 홍조류 및 불가사리류가 우점함. 특히 2019년 군집 구조의 변화를 통해 환경 교란 발생 가능성을 확인하였으며, 이를 바탕으로 환경 변동에 따른 군집 변동 설명용 개념모델을 개발중에 있음 - 남극가리비 mtDNA 전장 유전체를 최초로 해독하고, 핵 전장 유전체 분석을 통해 7개의 유효 microsatellite 마커를 최종 발굴함 - 유전적 다양성 분석 결과, 과거 개체군 급감 후 최근 팽창 양상을 확인하였으며, 연도별 개체군 간 유의미한 유전적 분화($F_{ST} = 0.0097$)을 규명함. 향후 추가 샘플 분석을 통해 극지 저서 무척추 동물의 지속 가능한 관리 전략 수립을 위한 과학적 기초 자료를 구축할 예정임 </					

요 약 문

I. 제 목

테라노바만의 해빙 및 빙하 영향에 의한 해양저서생물의 군집 구조와 주요 우점종 개체군 변동 양상 추적

II. 연구개발의 목적 및 필요성

- 남극의 해양생태계는 기후변화와 같은 자연적인 교란 현상과 각 국의 기지 운영에 따른 인위적인 교란 현상이 복합적으로 작용하여 다양한 변화를 일으키는 것으로 보고됨
- 해양저서군집의 구성과 변동이 해양 환경변화와 관련되어 있고, 환경에 대한 지표로서 사용되고 있으며 남극 해양생태계의 변동이 매우 느리게 진행되는 것을 감안할 때, 기후변화에 의한 연안생태계 변동을 이해하고 해석하기 위해서 장기적이고 체계적인 자료 구축이 시급함
- 따라서, 장보고기지 주변 해빙 해역의 연안생태계 및 남극가리비 개체군의 장기 연속 관측 및 자료 구축을 기반으로 연안 생태계의 변동성을 파악하는 연구가 필요함

III. 연구개발의 내용 및 범위

○ 1차년도

- 해빙 영향 해역 및 연도별 저서생물 군집 및 환경요인 자료 확보
- 남극가리비 개체 확보 및 유전자 마커 개발

○ 2차년도

- 해역 및 연도별 저서생물 군집 및 환경요인 특성별 변동성 분석
- 유전자마커 개발을 통한 남극가리비 개체군 유전적 평가

○ 3차년도

- 해빙영향권 내 저서생물군집 구조 변동에 대한 개념모델 수립

- 남극가리비 개체군의 유전자 자료를 통한 유효 개체군크기 추정 및 생태적 상태 평가

IV. 연구개발결과

○ 1차년도

- 국제공동연구 해역으로부터 독일의 Gondwana기지에서 저서군집 촬영 자료를 확보하여 종구성과 피도를 분석함
- 독일의 Gondwana기지에서 2019-2022년도까지 환경요인 자료를 확보하였으며, 연도별 수온, 염분 및 chlorophyll a의 변동이 관찰됨
- Gondwana기지에서 주요 우점종은 무절산호말류과 *Odontaster validus*으로 관찰됨
- 남극가리비 고농도 genomic DNA를 추출하여 Quality Check (QC) 후 next generation sequencing (NGS) 기술을 이용하여 핵 전장유전체 생물정보 분석을 통해 다량의 microsatellite 마커 발굴과 미토콘드리아 DNA (mtDNA) 전장유전체 최초 해독 완료
- mtDNA 전장유전체 생물정보 분석을 통해 mtDNA 2개 유전자 마커(12S rRNA, 16S rRNA) 다형성 평가 결과 16S rRNA가 12S rRNA에 비해 상대적으로 높은 다형성을 나타낸다는 것을 확인함. 핵 전장유전체 생물정보 분석 결과 총 17,323개의 microsatellites 마커 후보 발굴, 최종 추출된 10개의 microsatellite loci를 이용하여 남극가리비 27~30개체에 적용: 마커별 이형접합도(heterozygosity), polymorphic information content (PIC), 하디-바인베르크 평형(Hardy-Weinberg equilibrium; HWE) P-values, 근친교배계수(inbreeding coefficient; FIS) 수치를 계산하여 유효성 검증된 7개 microsatellites 마커 최종 발굴

○ 2차년도

- 곤드와나 정점에서의 수온 변동폭($-1.92 \sim 1.31^{\circ}\text{C}$, -1.61°C)이 장보고기지 정점($-2.0 \sim 1.54^{\circ}\text{C}$, -1.72°C)보다 낮았으며, 평균수온은 높은 것으로 나타남
- 장보고기지 정점에서 총 19종, 곤드와나기지 연구 정점에서 총 14종이 출현함
- 두 정점에서 규조류가 우점하였으나, 이는 제생태지수에 영향을 미쳤음. 특히, 곤드와나 기지 연구 정점에서 홍조류인 *Phyllophora antarctica*가 우점함
- 집괴분석에서 2019년 군집구조와 다른 년도 군집구조가 다르게 나타났으며, 이는 2019년에 두 연구정점에서 교란이 발생할 것으로 사료됨
- 정준대응분석 결과는 각 연구 정점별로 환경요인 및 저서군집의 특성이 뚜렷하게 구분되는 특징을 보여주었으며, 추가적인 분석을 통해 군집에 영향을 미치는 주요 요인을 추출할 것임
- 남극가리비 개체군의 분자 마커를 이용해 유전자 다양성 분석. 4개의 단상형이 확인, 전체 단상형 다양성(h)은 0.3500, 뉴클레오타이드 다양성(π)은 0.0004로 확인됨. 연도별 분석에서는 2018년 단상형 다양성이 0.4643, 2019년은 0.2500으로 확인

- 2019년 개체군의 유전적 다양성($N_A=13.86$, $P_A=42$, $H_0=0.6966$)과 유효개체군 크기(N_e)는 2018년 개체군에 비해 높게 나타남. 연령별 분석에서 미성숙 개체군과 성숙 개체군의 유전적 다양성 수준은 유사하게 나타남
- 추가적으로 인구통계학 분석을 통한 과거 남극가리비 개체군 변동양상을 분석한 결과 과거 개체군 크기 급감 후 최근 개체군 크기가 팽창하였음을 시사하였고, 개체군 병목현상의 신호는 확인되지 않았음
- 남극가리비 개체군의 유전적 구조를 평가하기 위해 STRUCTURE 및 PCoA 분석을 수행함. STRUCTURE 분석에서 연도별 및 연령별 개체군 모두 $K=2$ 로 확인되었으며, 2018년과 2019년 개체군 간 유전적 분화도(F_{ST})는 0.0097, $p=0.0015$ 로 유의한 차이를 보임
- 반면, 미성숙과 성숙 개체군 간의 유전적 분화도(F_{ST})는 -0.0044로 차이가 나타나지 않음

○ 3차년도

- 장보고 기지 인근 해빙 영향권 해역 내 국제 공동 연구 해역의 자료를 추가적으로 확보하여 중장기적 환경요인 변동 양상을 파악하고, 해빙영향권 해역 내 환경요인 변동 양상을 과학적으로 규명할 수 있는 자료를 구축하고자 함
- 해빙 영향에 의한 연안생태계의 저서생물 군집 환경요인 특성 및 변동성을 파악하기 위하여 해빙 영향권 내 연구 정점에서 저서생물 군집을 대상으로 Primer program을 이용하여 다양도 지수(H'), 풍부도 지수(R), 우점도 지수(D) 및 균등도 지수(J)를 평가함
- 장보고기지 해역 및 해빙 영향권 해역에서 수집한 저서생물군집 및 환경요인 자료를 활용한 개념모델을 개발하고자 함. 관측 자료를 바탕으로 수립한 개념모델을 통해 해빙 영향권 내 중장기적 환경 변동에 따른 저서생물 군집 변동성을 효율적으로 설명하고자 함
- 확보된 개체군 시료 추가 분석을 통해 남극가리비 개체군의 mtDNA(12S rRNA, 16S rRNA) 마커를 이용해 유전적 다양성 분석 예정
- Tajima's D 및 Fu's F_S 분석, mismatch distribution 분석 결과를 통해 과거 병목현상 이후 개체군 크기 팽창(population expansion) 양상 파악 예정
- 개발된 microsatellite 7개 마커 이용 전체 개체군에 대한 유전적 구조(STRUCTURE 분석), 유전적 분화(F_{ST}), 유효개체군 크기(N_e), 유전적 다양성 수준 평가 예정
- 유전자 분석 결과 종합 고찰을 통해 남극가리비 개체군 현재 생태적 상태 중간 결론 도출

V. 연구개발결과의 활용계획

- 장보고기지 주변 해역 및 해빙 영향권을 아우르는 극지 연안 생태계 변동 연구를 통한 장기적인 저서생물 군집 자료를 확보하여 생태계 연구 분야에서 남극 저서생물 개체군 유전 연구를 위한 비교 기준 자료로 활용 가능한 연구 기반을 확보함
- 본 연구를 통해 확보한 남극가리비 mtDNA 전장 유전체 정보와 개발·검증된 microsatellite 유전자 마커를 활용하여, 남극가리비 개체군의 유전적 다양성 평가, 유효개체군 크기(N_e) 추정 및 개체군 구조 비교 분석을 수행함으로써, 극지 저서 무척추동물의 지속적인 개체군 유지 및 관리 전략 수립을 위한 과학적 기초자료로 활용



S U M M A R Y

(영 문 요 약 문)

I. Title

Population dynamics and marine community structure on the effects of Sea ice melting in Terra Nova Bay

II. Purpose and Necessity of R&D

- It has been reported that the Antarctic marine ecosystem causes various changes due to a combination of natural disturbances such as climate change and artificial disturbance caused by the operation of Antarctic research bases in each country.
- The composition and variation of marine benthic communities are related to changes in the marine environment and are used as environmental indicators. In order to understand and interpret changes in Antarctic coastal ecosystems caused by climate change, it is urgent to establish long-term and systematic data.
- Therefore, it is necessary to study the variability of the coastal ecosystem based on long-term continuous observation and data establishment of the coastal ecosystem and Antarctic scallop population around the Jang Bogo Station.

III. Contents and Extent of R&D

○ 2023

- Securing year-specific data on benthic communities and associated environmental factors in the effects of Sea ice melting areas
- Collection of Antarctic scallop individuals and development of genetic markers

○ 2024

- Analysis of region- and year- specific variability in benthic community structure and environmental characteristics
- Population genetic assessment of Antarctic scallops based on genetic marker development

○ 2025

- Establishment of a conceptual model describing variability in benthic community structure in the effects of Sea ice melting area

- Estimation of effective population size and assessment of ecological status of Antarctic scallop population based genetic data

IV. R&D Results

○ 2023

- Benthic community imagery was obtained from the international collaborative research area at the Gondwana Station, and species composition and percent cover were analyzed.
- Environmental data collected at the Gondwana Station from 2019 to 2022 revealed interannual variations in seawater temperature, salinity, and chlorophyll a.
- At the Gondwana Station, crustose coralline algae and *Odontaster validus* were identified as the dominant benthic taxa.
- High-concentration genomic DNA was extracted from the Antarctic scallop and subjected to Quality Check (QC). Through whole nuclear genome bioinformatics analysis using next-generation sequencing (NGS), a large number of microsatellite markers were identified, and the first complete mitochondrial DNA (mtDNA) genome of the species was sequenced.
- Bioinformatic analysis of the mtDNA genome revealed that the 16S rRNA gene exhibits relatively higher polymorphism compared to 12S rRNA. Additionally, out of 17,323 candidate nuclear microsatellite markers identified, 10 loci were tested on 27–30 individuals. Statistical analysis—including heterozygosity, polymorphic information content (PIC), Hardy-Weinberg equilibrium (HWE) *P*-values, and inbreeding coefficients (F_{IS})—resulted in the final development of seven validated microsatellite markers.

○ 2024

- The range of water temperature fluctuations at the Gondwana station (-1.92 to 1.31°C, mean: -1.61°C) was narrower than that at the Jang Bogo station (-2.0 to 1.54°C, mean: -1.72°C), while the average temperature at Gondwana was found to be higher.
- A total of 19 species were observed at the Jang Bogo station, while 14 species were recorded at the Gondwana station.
- Diatoms were dominant at both stations, which influenced various ecological indices. Notably, the red algae *Phyllophora antarctica* was dominant specifically at the Gondwana research station.
- Cluster analysis revealed that the community structure in 2019 differed significantly from other years, suggesting that a disturbance likely occurred at both research stations during that period.
- The results of the Canonical Correspondence Analysis (CCA) showed distinct

characteristics in environmental factors and benthic communities for each station. Further analysis will be conducted to extract the key drivers influencing these communities.

- Molecular marker-based genetic diversity analysis of the Antarctic scallop population identified four haplotypes. The overall haplotype diversity (h) and nucleotide diversity (π) were 0.3500 and 0.0004, respectively. Annual analysis showed that haplotype diversity was 0.4643 in 2018 and 0.2500 in 2019.
- Demographic analysis of historical population fluctuations suggested a recent population expansion following a significant decline in the past. No signs of a population bottleneck were detected.
- STRUCTURE and Principal Coordinates Analysis (PCoA) were performed to evaluate the genetic structure of the populations. In the STRUCTURE analysis, both annual and age-specific populations were identified as $K=2$. A significant genetic differentiation ($F_{ST}=0.0097$, $p=0.0015$) was observed between the 2018 and 2019 populations.
- In contrast, no significant genetic differentiation was found between the immature and mature populations ($F_{ST}=-0.0044$).

○ 2025

- This study aims to secure additional data from the international collaborative research area within the sea ice melting area near Jang Bogo Station. The goal is to identify long-term environmental variation patterns and establish a scientific database to characterize environmental shifts within the effects of Sea ice melting area.
- To understand the characteristics and variability of benthic communities in response to sea-ice influence, ecological indices—including Shannon-Wiener diversity (H'), Margalef's richness (R), Simpson's dominance (D), and Pielou's evenness (J)—will be evaluated for the benthic communities at the study sites using the PRIMER software package.
- A conceptual model will be developed utilizing the benthic community and environmental data collected from the Jang Bogo Station and the effects of Sea ice melting areas. This model will provide an efficient framework for explaining the variability of benthic communities in response to long-term environmental changes within the Sea ice melting area.
- Genetic diversity analysis of the Antarctic scallop population will be conducted using mitochondrial DNA (mtDNA) markers (12S rRNA and 16S rRNA) through further analysis of the secured population samples.
- Tajima's D , Fu's F_s , and mismatch distribution analyses will be utilized to characterize population expansion patterns following historical bottleneck events.

- Using the seven developed microsatellite markers, the study will evaluate the genetic structure (STRUCTURE analysis), genetic differentiation (F_{ST}), effective population size (N_e), and overall genetic diversity levels of the entire population.
- By synthesizing the results of the genetic analyses, an interim conclusion regarding the current ecological status of the Antarctic scallop population will be drawn.

V. Application Plans of R&D Results

- By securing long-term data on benthic communities through studies on polar coastal ecosystem variations—encompassing the waters surrounding Jang Bogo Station and the sea-ice-influenced zones—this study has established a foundational research framework. This framework will serve as a comparative baseline for future genetic studies on Antarctic benthic populations within the field of ecosystem research.
- The whole mitochondrial genome information and the validated microsatellite markers developed in this study will be utilized to assess genetic diversity, estimate effective population size (N_e), and analyze the population structure of the Antarctic scallop. These efforts provide a critical scientific basis for establishing strategies for the sustainable maintenance and management of polar benthic invertebrate populations.



목 차

제 1 장 서론	12
제 2 장 국내외 기술개발 현황	14
제 3 장 연구개발수행 내용 및 결과	16
제 4장 연구개발목표 달성도 및 대외기여도	44
제 5 장 연구개발결과의 활용계획	51
제 6 장 참고문헌	52

제 1 장 서론

제 1 절 연구개발의 목적

- 본 연구 용역에서는 해빙 영향에 의한 테라노바만 내 해양저서생물 변동 양상 추적을 위하여, 장보고기지 주변 해빙 해역 연안생태계 및 남극가리비 개체군의 장기 연속 관측자료를 구축하고, 생태계 변동성을 파악하고자 한다.

제 2 절 연구개발의 필요성

- 남극의 해양생태계는 전 지구적으로 인간 활동이 가장 적은 지역에 속하여 기후변화와 같은 자연적인 교란 현상을 연구하기에 매우 적합한 지역으로 알려졌다.
- 남극의 해양생태계는 기후변화와 같은 자연적인 교란 현상과 각 국의 기지 운영에 따른 인위적인 교란 현상이 복합적으로 작용하여 다양한 변화를 일으키는 것으로 보고되었다.
- 최근에 빙권 축소와 빙하 후퇴에 의한 해양생물의 영향에 대한 연구가 기후변화에 의한 핵심적인 연구 요소로 인식되고 있으며, 이러한 현상으로 인해 외래생물의 유입 및 정착과 주요 우점종의 변화를 발생시켜 연안생태계의 구성과 기능을 변동시키는 주요 요인으로 작용한다.
- 해양저서군집의 구성과 변동이 해양 환경변화와 관련되어 있고, 환경에 대한 지표로서 사용되고 있으며 남극 해양생태계의 변동이 매우 느리게 진행되는 것을 감안할 때, 기후변화에 의한 연안생태계 변동을 이해하고 해석하기 위해서 장기적이고 체계적인 자료 구축이 시급하다.
- 빙하 및 해빙에 의한 연구는 남극 대륙의 킹조지섬에서 집중적으로 진행되어서 많은 자료가 축적되고 있으며, 장보고기지가 위치한 테라노바만 해역의 각 국의 기지를 중심으로 장기적인 체계적인 자료가 축적되고 있다.
- 따라서, 테라노바만 해역에서 장보고기지의 중요성과 위상 확립을 위해서 기후변화에 대한 선도적인 연구와 장기적인 체계적인 자료 구축이 필요한 상황이다.
- 남극가리비(the Antarctic scallop, *Adamussium colbecki*)는 남극 해양생태계를 구성하는 주요 저서 무척추동물 중 한 종으로, 빙하(또는 해빙)가 없는 수심이 깊은 해역과 해빙의 영향을 받는 얇은 연안 해역에 모두 분포하는 특징을 지닌 종임(Stockton 1984). 본 종은 연 1회 생식 주기를 가지며, 봄철 산란과 플랑크톤형 유생 단계를 거치는 생활사를 통해 개체군을 유지하는 것으로 알려져 있다(Berkman et al. 1991).
- 최근 연구 결과에 따르면, 어린 남극가리비 개체의 성장률 저하가 개체 생존율 감소로 이어질 가능성이 제기되고 있으며, 이는 장기적으로 개체군 유지에 부정적인 영향을 미칠 수 있는 요인으로 작용할 수 있다. 특히 해빙 환경 변화가 지속되는 남극 연안 해역에서는 개체군 수준의 변동을 정량적으로 평가할 수 있는 과학적 근거 자료의 확보가 요구된다.
- 국외 선행연구에서는 남극 로스해(Ross Sea) Terra Nova Bay에서 채집된 남극가리비

를 대상으로 전장유전체 기반 생물정보분석을 수행하여 유전체 구조 정보와 함께 7개의 반복 DNA 부위(microsatellites)를 확인하고, 이를 통해 진화적 정보를 제공한 바 있다 (Biscotti et al. 2018). 또한 남극가리비를 포함한 이매패 연체동물을 대상으로 satellite DNA 염기서열의 특성과 진화적 경향성에 대한 연구가 수행되었으나(Šatović et al. 2018), 유전자 기반 생태학적 관점에서 개체군 수준의 유전적 변동을 평가하기 위한 유전자 마커 발굴 및 적용 연구는 여전히 제한적인 실정이다.

- 이에 본 연구를 통해 남극가리비 개체군의 유전적 다양성 및 구조 평가를 위한 종 특이적 미토콘드리아 DNA(mtDNA) 및 microsatellite 유전자 마커를 발굴하고, 그 유효성을 검증하여 개체군 유전자 분석에의 적용 가능성을 확인하였다. 본 연구에서 개발한 유전자 마커를 활용하여 남극가리비 개체군의 연도별·연령별 유전적 다양성 평가, 유효개체군 크기 산정, 개체군 병목현상 검증 및 개체군 구조 분석을 수행함으로써, 해빙 영향 하에서 남극가리비 개체군의 유전적 변동 양상을 종합적으로 평가하고자 한다.

제 3 절 연구개발의 범위

1. 연구개발의 성과 목표

- 본 연구 용역의 성과 목표는 장보고기지 해빙 해역의 연안생태계 변동과 남극가리비 개체군 동태 파악 및 이들과의 환경 변동 요인과의 연관성 분석이다.

2. 연구개발의 세부 목표

- 성과 목표 달성을 위하여 위탁 연구 연도별로 세부 목표를 설정하였으며, 연도별 세부 연구 목표는 다음과 같다.
- 1차년도(2023년) 세부 연구목표는 1) 해역 및 연도별 저서생물 군집 및 환경요인 자료 확보, 2) 남극가리비 개체 확보 및 유전자 마커 개발이다.
- 2차년도(2024년) 세부 연구목표는 1) 해역 및 연도별 저서생물 군집 및 환경요인 특성별 변동성 분석, 2) 유전자마커 개발을 통한 남극가리비 개체군 유전적 평가이다.
- 3차년도(2025년) 세부 연구목표는 1) 해빙영향권 내 저서생물군집 구조 변동에 대한 개념 모델 수립, 2) 남극가리비 개체군의 유전자 자료를 통한 유효개체군 크기 추정 이다.

제 2 장 국내외 기술개발 현황

제 1 절 국내 연구결과 및 기술개발현황

- 남극 해역에 대한 국내의 연구는 주로 킹조지섬에 위치한 세종기지 주변 해역을 중심으로 진행되었으며, 2010년 이후 쇄빙 연구선인 아라온의 취향과 2014년 장보고기지의 건립으로 남극 대륙의 해양 저서생물 연구가 가능하게 되었다.
- 이로 인해, 장보고기지가 위치한 로스해 테라노바만 주변 해역에 대한 국내의 저서생물 관련 연구는 본 연구팀의 연구가 진행되기 이전까지 매우 미흡한 상황이었다.
- 대한민국 극지연구소 중심의 본 연구팀은 장보고과학기지 건설 이후 지난 6년간 장보고기지 모니터링 연구와 장기생태 연구를 통해 해양 물리·화학 환경요인(해수 온도, 염분, 용존산소, pCO_2 , pH, 영양염 등)과 연안 해양생태계 구성 요소(chl-a, 남극도둑갈매기 개체군, 남극가리비 개체군과 저서생물 군집 구조)에 대한 장기 연속 관측 자료를 축적하고 있다.
- 또한, 지난 3년간 장보고 장기생태 연구 과제를 통해 한·뉴·이태리 3국 공동 관측 platform을 Cape Evans, Cape Armitage, Mario Zuccelli St., Gondwana St. 및 장보고기지에 구축하고 공동 운영하며, 공동 수중 탐사 조사를 진행하였다.
- 이를 기반으로 지난 6년 동안 장보고기지 주변 해역에서 저서생물 군집 구조에 대한 장기적, 연속적, 체계적 자료를 구축하고 있으며, 다양한 환경 교란 현상에 비교적 빠르게 반응하여 군집 구조가 변화하고 있는 것을 확인하였다.
- 장보고기지 주변 해역에서 진행된 남극가리비 개체군 연구에서 유사한 해역에서 보고된 기존 결과와 비교했을 때, 개체의 크기와 성장률은 감소한 것으로 관찰되어 이에 대한 분석이 필요한 상황이다.
- 본 위탁연구에서는 장보고기지 해빙 해역의 연안생태계 변동과 남극가리비 개체군 동태 파악 및 이들과의 환경 변동 요인과의 연관성 분석을 통하여 저서생물 장기생태 분석틀 확립 및 기초자료 확보는 과학적으로 매우 중요한 역할을 할 것으로 기대된다.

제 2 절 국외 연구결과 및 기술개발현황

- 남극 대륙의 동부 해역에서 기지를 건설한 국가를 중심으로 각 국가별 기지 주변의 연안생태계에 대한 장기모니터링 체계를 구축하여 연구를 진행하고 있다.
- 뉴질랜드의 NTERACT 프로그램, 미국의 Palmer와 McMurdo기지를 기반으로 장기생태계 프로그램, 이태리의 테라노바만에서 특정 종을 대상으로 진행되는 장기연구 프로그램 등이 이에 해당한다.
- 미국에서는 남극 장기생태 연구(US Antarctic LTER 프로그램)의 일환으로 Palmer-LTER 프로그램을 실시하고 있으며 이를 통하여 1990년대 이후 지속적으로 쇄빙선, 위성 원격관측 등 다양한 연구기법과 관측기술을 활용하여, 남극 생태계 연구를 30년 가까이 수행하고 있다.
- Palmer-LTER 프로그램은 해양 물리, 화학, 생물 환경뿐만 아니라 상위 포식자 환경 등 기후변화로 인한 남극반도의 전반적인 생태환경 변화를 연구한 프로그램이다.
- 또한, 미국은 맥머도 기지를 중심으로 드라이 밸리의 장기 생태 연구(McMurdo Dry Valleys Long-Term Ecological Research, MCM-LTER) 프로그램을 통하여 기후변화에 따른 생태계의 변화과정을 연구하고 있으며 이를 통하여 기후 변화와 생태계와의 연관성을 규명하고자 남극 생태계 장기 연구를 수행하고 있다.
- 뉴질랜드에서는 INTERACT 프로그램을 통해 남극연안생태계에 대한 장기 연구 수행 중에 있다.
- 이태리는 테라노바만에서 특정 해양저서생물 개체군들을 대상으로 장기 연구를 수행하고 있다.
- 이태리 연구진은 장보고기지가 위치한 남극 로스해 테라노바만에 서식하는 남극가리비(*Adamussium colbecki*)를 대상으로 1989년부터 1996년까지 총 2297개체의 남극가리비를 채집하여 분석하였으며, 이를 바탕으로 남극가리비의 연령과 생산성을 분석하였다(Heilmayer et al. 2003).
- 남극에서 연구를 진행하고 있는 각 국은 자국의 과학기지를 기반으로 입지환경 조건에 따른 다양한 지표와 기준, 방법으로 환경 요인과 생태계 관측을 진행해오고 있으며, 공통되는 관측항목에 대한 자료 공유로 남극지역의 기후변화 해석을 위해 노력하고 있다.
- 각 국의 기지를 중심으로 진행되는 다양한 장기모니터링 프로그램에도 불구하고, 각 연구정점별로 특이성이 매우 다르게 나타나며, 각 정점에 대한 연속적인 장기 관측이 진행되지 않아서 연구 결과 해석에 한계를 나타내고 있다.

제 3 장 연구개발수행 내용 및 결과

제 1 절 해빙영향권 연안생태계 환경요인 분석 및 생물군집 변동성 분석

- 해빙영향권 연안생태계 저서생물군집의 변동성을 파악하기 위하여 대한민국 장보고기지와 공동연구해역인 뉴질랜드의 Cape Evans, 이태리의 Mario Zucchelli, 독일의 Gondwana 저서군집 촬영자료 및 환경요인 측정 자료를 수집하였다 (그림 1)

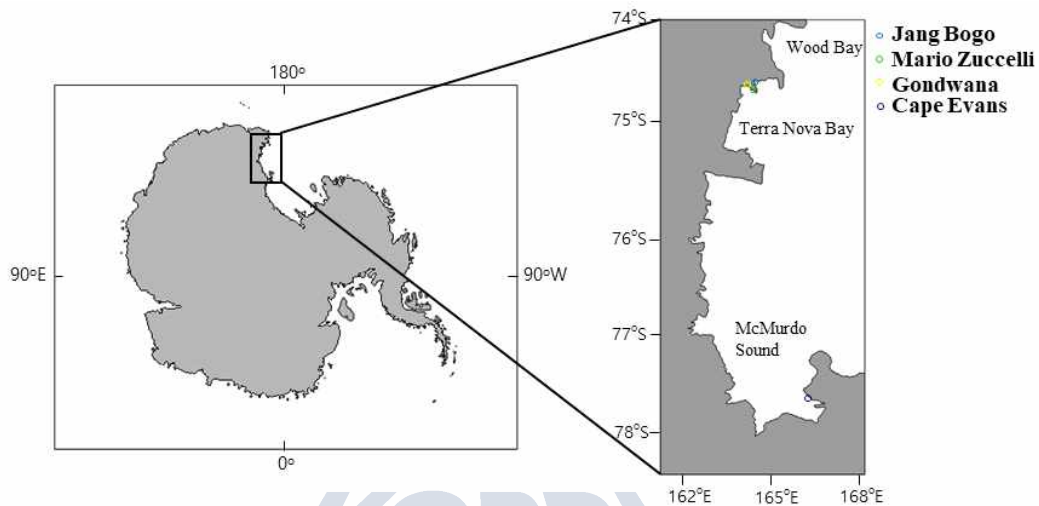


그림 1. 연안생태계 저서생물군집 연구장소

- 2017년 2월부터 2022년 12월까지 장보고기지 부두 앞 정점에서 15분 간격으로 연속적으로 측정된 해양환경 자료를 확보하여 분석을 수행하였다.
- 장보고기지 부두앞 정점에서 측정된 일일평균수온은 최소 -2.0°C 이었으며, 최대 1.54°C 로 관찰됨. 연구기간동안 평균 수온은 -1.72°C 로 측정되었다. 또한 최대 일일평균수온은 점차적으로 상승한 것으로 판단되며, 추가적인 자료의 확보나 분석이 요구된다(그림 2A)
- 연구가 진행되는 동안, 염분 농도는 비교적 일정한 것으로 관찰되었으며, 해수 내 염분 농도의 범위는 26.2 ~ 35.3로 측정되었다(그림 2B). 그러나, 매년 4월부터 10월까지 염분 농도는 감소하는 경향을 보였으며, 이 시기에 가장 높은 변동성을 보였다.
- 해수 내 chlorophyll a는 매우 큰 변동성을 보였다(그림 2C). 매년 여름에 해당하는 1-2월에 큰 폭의 증가를 보였으며, 이는 여름에 빙하가 감소하는 경향과 연관성이 있는 것으로 추측된다.

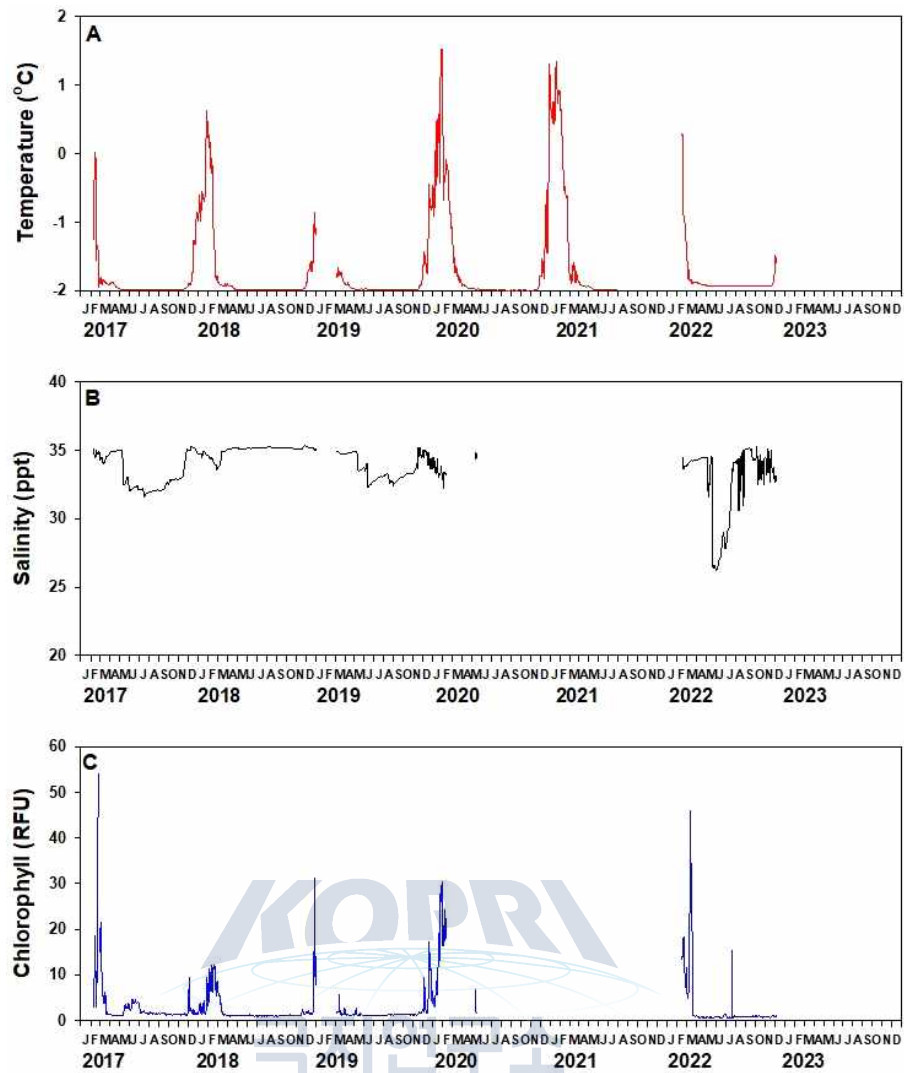


그림 2. 장보고기지 부두앞 정점에서 수온(A), 염분(B)과 엽록소 a(C) 변동 자료

- 2019년 3월부터 2023년 11월까지 독일의 콘드와나가지 정점에서 15분 간격으로 연속적으로 측정된 해양환경 자료를 확보하고 분석하여 일일평균으로 나타내었다.
- 수온은 뚜렷한 계절적인 변동을 보였다(그림 3A). 연구 정점에서 여름에 해당하는 12월에 일일 평균수온은 최대 1.31°C, 최소 -1.92°C로 나타났으며, 연구기간동안 평균 수온은 -1.61°C로 관찰되었다. 콘드와나 정점에서의 수온이 장보고기지 정점의 수온보다 변동폭은 낮은 것으로 나타났으며, 평균수온도 높은 것으로 나타났다.
- 연구가 진행되는 동안, 염분 농도는 비교적 일정한 것으로 관찰되었으며, 연도별로 조금씩 낮아지는 경향을 보였다(그림 3B). 염분 농도는 매년 큰 변동을 보였으나, 그 시기는 일정하게 나타나지 않았다. 또한, 염분 농도가 매우 낮게 관찰되어 이 부분에 대한 추가적인 검증이 필요하다. 해수 내 염분 농도의 범위는 25.6 ~ 36.4로 측정되었으며, 평균 36.1로 관찰되었다.
- 해수 내 chlorophyll a는 매우 큰 변동성을 보였으며, 장보고기지에 나타난 경향과 유사하였다(그림 3C). 매년 12-2월에 큰 폭의 증가를 보였으며, 이는 여름에 빙하가 감소하는 경향과 연관성이 있는 것으로 추측된다.

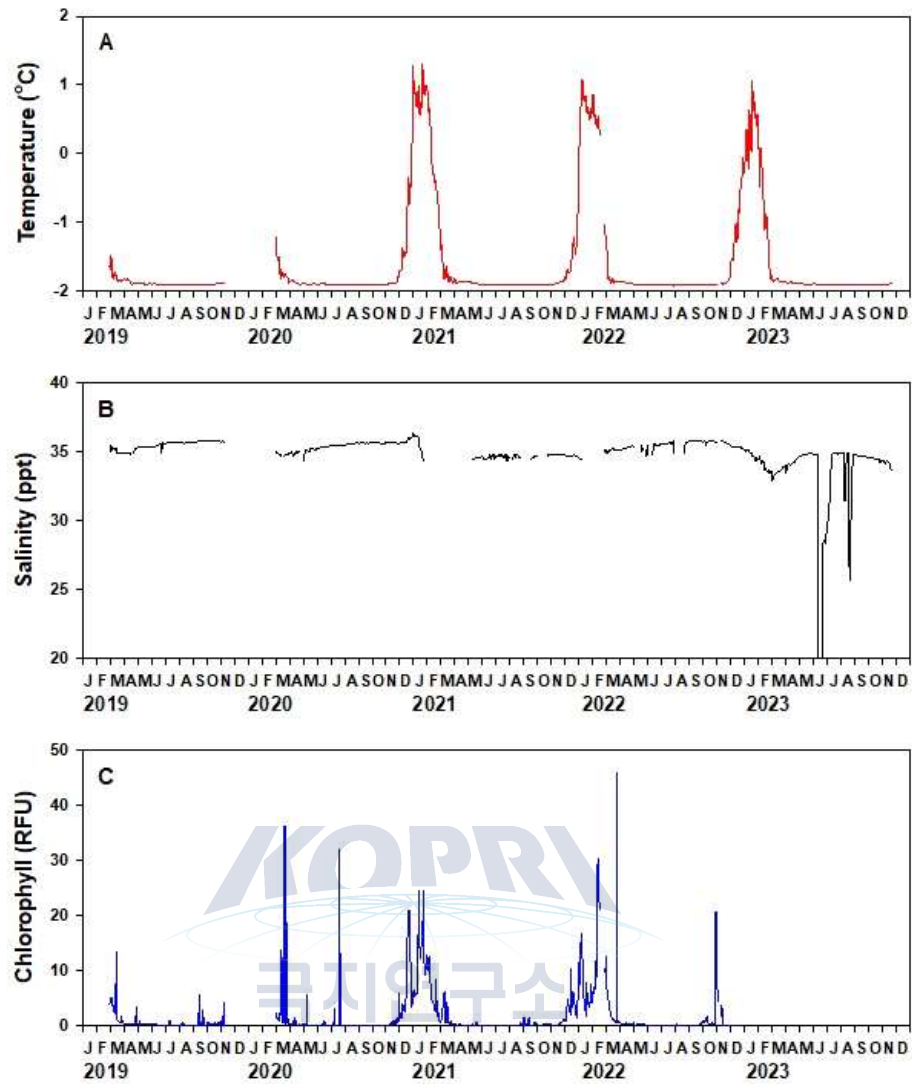


그림 3. 곤드와나 정점에서 관측된 수온(A), 염분(B)과 엽록소 a(C) 변동 자료

❖ 장보고기지 연구 정점

- 장보고기지 정점에서 2017년 2019년과 2022년에 촬영하여 이미지 분석프로그램 (PhotoQuad)을 이용해서 저서생물의 피도를 계산하였으며, 군집 특성을 분석하였다.

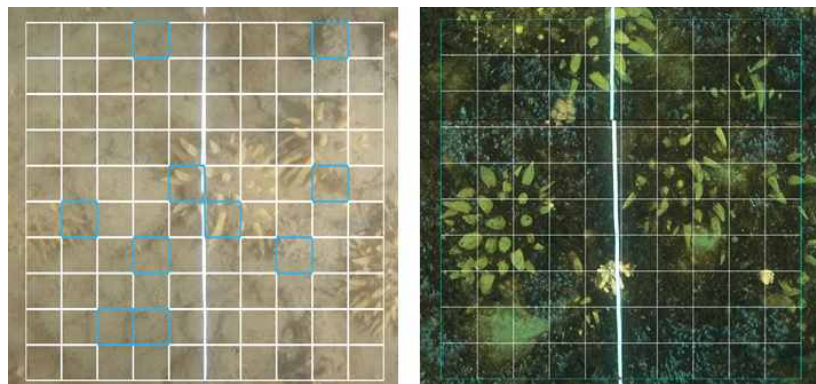


그림 4. 장보고기지 부두앞 연구정점에서 촬영된 영상 자료 비교. 2019년(좌), 2022년(우)

- 장보고기지 연구 정점에서 조사된 저서생물의 종 목록과 피도는 다음과 같다(표 1)

표 1. 장보고기지 연도별 출현 저서생물의 종조성 및 피도(C)와 상대피도(RC)

	Species	2018		2019 (Upper)		2019 (Lower)		2022	
		C	RC	C	RC	C	RC	C	RC
Porifera	<i>Dendrilla antarctica</i>	+	+						
	<i>Isodictya setifera</i>								
	<i>Homaxinella balfourensis</i>	+	1.2			+	1.4	1.7	1.8
	<i>Halicolna</i> sp.					+	+	+	+
	<i>Polymastia invaginata</i>	3.6	4.2			2.7	5.7	+	1.1
	<i>Sphaerotylus antarcticus</i>	18.8	21.8	2.7	3.0	18.4	38.5	17.0	18.5
	Sponge, unknown 1	+	+			+	+	+	+
	Sponge, unknown 2								
	Sponge, unknown 3					+	+		
Cnidaria	<i>Urticinopsis antarctica</i>								
	<i>Alcyonium antarcticum</i>	+	+			+	1.9	+	+
	<i>Clavularia frankliniana</i>	22.7	26.3			7.3	15.3	22.1	24.1
	<i>Hydractinia</i> sp.			10.2	11.2	+	1.5		
Mollusca	<i>Diplulmaris antarctica</i>								
	<i>Adamussium colbecki</i>	+	+			+	+	+	+
	<i>Neobuccinum eatoni</i>								
	<i>Laternula elliptica</i>								
	<i>Tritoniella belli</i>								
Nemertea	<i>Parborlasia corrugatus</i>								
Annelida	<i>Metalaeospira pixelli</i>			1.9	2.1				
Arthropoda	<i>Ammothea clausi</i>								
Echinodermata	<i>Odontaster validus</i>	+	+	+	+	+	+	+	+
	<i>Diplasterias brucei</i>								
	<i>Acodontaster hodgsoni</i>					+	+		
	<i>Ophiosparte gigas</i>	+	+			+	+	+	+
	<i>Sterechinus neumayeri</i>							+	+
	<i>Staurocucumis turqueti</i>								
Ochrophyta	Diatom, <i>Fragilariopsis</i> spp.	38.3	44.3	75.1	82.7	15.9	33.5	48.4	52.6
Rhodophyta	Crustose coralline algae			+	+	+	+		
	<i>Iridea cordata</i>			+	+				
	<i>Phyllophora antarctica</i>								
	Red algae, unknown 1								
Total coverage (%)		86.3	100.0	90.9	100.0	47.7	100.0	92.0	100.0
Total number of species		11		7		15		12	
Sediment or rock bed		13.7		9.1		52.3		8	

- 연구 기간 중, 출현 종은 총 19종이었으며, 해면동물이 가장 많이 출현하였다. 해면동물 중, *Sphaerotylus antarcticus*가 가장 높은 피도(C)를 보였다.
- 자포동물의 *Clavularia frankliniana*는 동물 중 가장 높은 피도와 상대 피도(RC)를 보였으며, 매년 관찰되었다.
- 그러나, 연구 정점에서 가장 높은 피도와 상대피도는 규조류였으며, 40% 이상의 피도를 보였고, 상대피도는 최대 82.7%에서 최소 33.5%를 보였다.
- 2019년 lower 정점에서 퇴적물의 영향으로 퇴적물의 점유율이 가장 높게 나왔으며, 따라서 저서생물의 피도가 가장 낮은 값(23.6%)을 보였다.

❖ 독일의 곤드와나(Gondwana) 연구 정점

- 독일의 곤드와나 연구 정점에서 2019년 2월과 11월과 2022년 11월과 2023년 11월에 4번에 걸쳐 촬영을 했으며, 촬영된 이미지를 이미지 분석프로그램(PhotoQuad)을 이용해서 저서생물의 피도와 상대 피도 계산하였다. 또한 저서생물의 군집 특성을 조사하기 위해서 종 조성을 조사하였다.

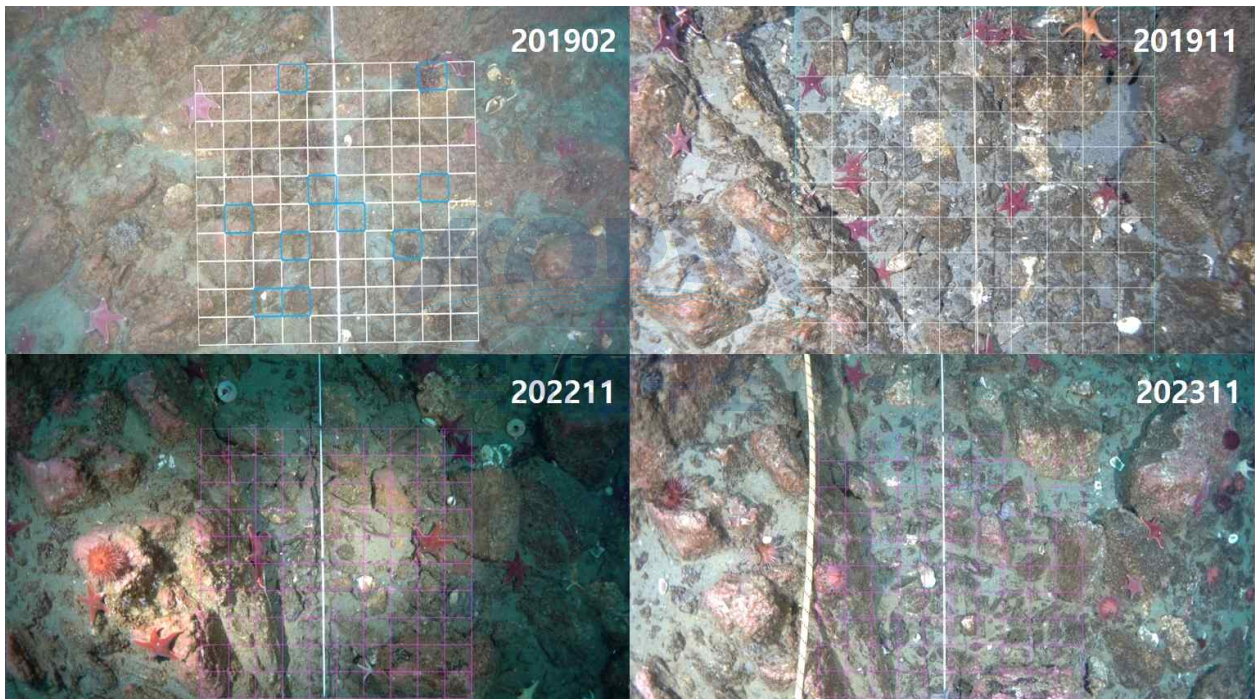


그림 5. 곤드와나 연구 정점에서 촬영된 영상자료 비교(2019-2023).

- 곤드와나 연구 정점에서 조사된 저서생물의 종조성, 피도와 상대 피도는 표 2와 같다
- 총 14종의 저서생물이 출현하였으며, 저서생물의 총 피도는 2019년 2월에 77.1%이었으며, 2023년 11월 가장 낮은 46.8%를 보였다. 반면, 저질의 피도는 점차적으로 증가하여 2023년 11월 53.2%를 보였다.
- 총 4번의 조사에서 주요 우점종은 *Phyllophora antarctica*, crustose coralline algae, diatom, *Sterechinus neumayeri*와 *Odontaster validus*로 총 5종으로 규조류와 해조류가 높은 피도를 보였다.
- 특히, *Phyllophora antarctica*의 상대 피도는 점차적으로 높아져 39.2%까지 증가하였으며, crustose coralline algae도 높은 상대 피도를 보였다.

표 2. 곤드와나 정점에서 연도별 출현 저서생물의 종조성 및 피도(C)와 상대피도(RC)

	Species	201902		201911		202211		202311	
		C	RC	C	RC	C	RC	C	RC
Porifera	<i>Dendrilla antarctica</i>								
	<i>Isodictya setifera</i>								
	<i>Homaxinella balfourensis</i>								
	<i>Halicolna</i> sp.								
	<i>Polymastia invaginata</i>								
	<i>Sphaerotylus antarcticus</i>	+	+	+	+			+	+
	Sponge, unknown 1								
	Sponge, unknown 2								
	Sponge, unknown 3								
Cnidaria	<i>Urticinopsis antarctica</i>								
	<i>Alcyonium antarcticum</i>	+	+	+	+				
	<i>Clavularia frankliniana</i>	+	+	1.3	2.4	+	+	+	+
	<i>Hydractinia</i> sp.	+	+	+	1.5	+	+	+	+
Mollusca	<i>Diplulmaris antarctica</i>								
	<i>Adamussium colbecki</i>								
	<i>Neobuccinum eatoni</i>								
	<i>Laternula elliptica</i>								
	<i>Tritoniella belli</i>								
Nemertea	<i>Parborlasia corrugatus</i>								
Annelida	<i>Metalaeospira pixelli</i>			2.4	4.4	+	1.1		
Arthropoda	<i>Ammothea clausi</i>								
Echinodermata	<i>Odontaster validus</i>	3.3	4.3	7.9	14.4	3.2	6.4	3.3	7.1
	<i>Diplasterias brucei</i>			+	+				
	<i>Acodontaster hodgsoni</i>								
	<i>Ophiosparte gigas</i>			+	+	+	+	+	+
	<i>Sterechinus neumayeri</i>	1.4	1.8	3.8	6.9	1.5	3.0	2.9	6.2
	<i>Staurocucumis turqueti</i>								
Ochrophyta	Diatom, <i>Fragilariopsis</i> spp.	62.6	81.8	27.5	49.8	6.2	12.3	11.4	24.4
Rhodophyta	Crustose coralline algae	2.7	3.5	10.4	18.8	16.3	32.4	8.7	18.5
	<i>Iridea cordata</i>					1.6	3.2	1.1	2.4
	<i>Phyllophora antarctica</i>	5.8	7.6	+	+	16.9	38.9	18.4	39.2
	Red algae, unknown 1	+	+	+	+	+	+	+	+
Total coverage (%)		77.1	100.0	55.2	100.0	50.3	100.0	46.8	100.0
Total number of species		10		13		11		11	
Sediment or rock bed		22.9		44.8		49.7		53.2	

❖ 뉴질랜드 Cape Evans와 이탈리아 Mario Zucchelli 연구 정점

- 뉴질랜드 Cape Evans 정점은 2017년 11월, 이탈리아 Mario Zucchelli 정점은 각각 2017년 11월과 2019년 11월에 조사를 진행하였다.

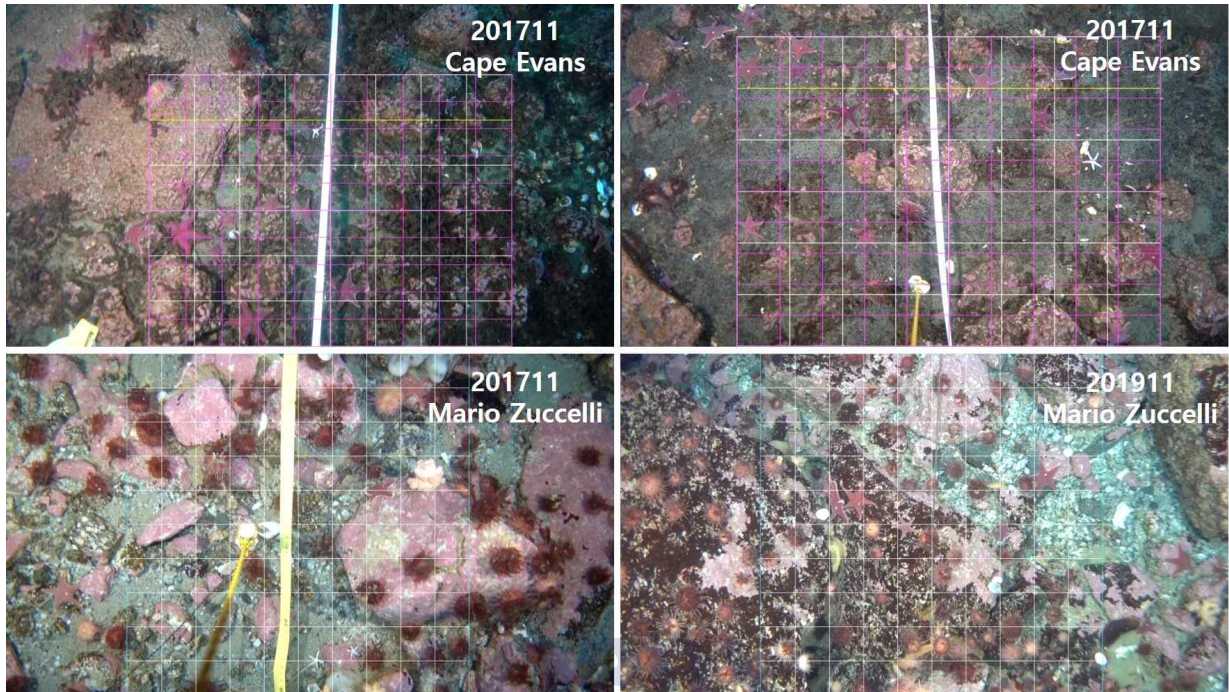


그림 6. 뉴질랜드 Cape Evans와 이탈리아 Mario Zucchelli 연구 정점에서 촬영된 영상자료 비교 (2017년, 2019년)

극지연구소

- 뉴질랜드 Cape Evans 연구 정점에서 관찰된 저서생물은 총 6종이었으며, 다른 연구 정점에 비교해 저서생물군집이 매우 단순하였다. 저서생물의 총 피도는 54.2%이었으며, 저질은 45.8%를 차지하였다.
- 저서생물 중, 홍조류인 crust coralline algae와 *Phyllophora antarctica*가 각각 21.8%, 13.7%로 우점하였으며, *Odontaster validus*, diatom과 *Sterechinus neumayeri* 순으로 우점하였다.
- 2017년과 2019년에 2번의 조사를 진행한 이탈리아 Mario Zucchelli 연구 정점 내 저서생물은 각각 13종이 출현하였으며, 총 15종이 관찰되었다.
- 저서생물의 총 피도는 2017년 60.2%와 2019년 71.3%로 측정되었으며, 본 연구 정점에서 1% 이상의 피도를 나타낸 종은 총 5종으로, crustose coralline algae, *Sterechinus neumayeri*, *Odontaster validus*, *Alcyonium antarcticum*과 홍조류 1종이었다.
- Crust coralline algae의 피도는 평균적으로 30%가 넘었으며, 상대 피도는 49%를 보여서, 절대적으로 우점하였다.
- 또한, 성게류 *Sterechinus neumayeri*도 높은 피도(약 20%)를 보였으며, 평균적으로 3% 이상을 보인 종은 *Odontaster validus*와 홍조류 1종이었다.

표 3. 뉴질랜드 Cape Evans와 이탈리아 Mario Zuccelli 연구 정점에서 연도별 출현 저서생물의 종 조성 및 피도(C)와 상대피도(RC)

	Species	2017 (Cape Evans)		2017 (Mario Zuccelli)		2019 (Mario Zuccelli)	
		C	RC	C	RC	C	RC
Porifera	<i>Dendrilla antarctica</i>						
	<i>Isodictya setifera</i>						
	<i>Homaxinella balfourensis</i>						
	<i>Halicolna</i> sp.						
	<i>Polymastia invaginata</i>						
	<i>Sphaerotylus antarcticus</i>						
	Sponge, unknown 1			+	+	+	+
	Sponge, unknown 2			+	+		
	Sponge, unknown 3			+	+	+	+
Cnidaria	<i>Urticinopsis antarctica</i>						
	<i>Alcyonium antarcticum</i>			1.1	1.9	3.5	5.0
	<i>Clavularia frankliniana</i>						
	<i>Hydractinia</i> sp.						
Mollusca	<i>Diplulmaris antarctica</i>						
	<i>Adamussium colbecki</i>			+	+		
	<i>Neobuccinum eatoni</i>						
	<i>Laternula elliptica</i>						
	<i>Tritoniella belli</i>						
Nemertea	<i>Parborlasia corrugatus</i>						
Annelida	<i>Metalaeospira pixelli</i>			+	+	+	+
Arthropoda	<i>Ammothea clausi</i>					+	+
Echinodermata	<i>Odontaster validus</i>	6.7	12.4	2.9	4.8	3.8	5.4
	<i>Diplasterias brucei</i>	+	+				
	<i>Acodontaster hodgsoni</i>						
	<i>Ophiosparte gigas</i>			+	+	+	+
	<i>Sterechinus neumayeri</i>	3.8	6.9	23.4	38.9	16.8	23.6
	<i>Staurocucumis turqueti</i>			+	+	+	+
Ochrophyta	Diatom, <i>Fragilariopsis</i> spp.	8.0	14.8			+	+
Rhodophyta	Crustose coralline algae	21.8	40.2	28.3	47.0	36.7	51.4
	<i>Iridea cordata</i>						
	<i>Phyllophora antarctica</i>	13.7	25.3	+	1.2	1.3	1.8
	Red algae, unknown 1			1.9	3.1	7.5	10.5
Total coverage (%)		54.2	100.0	60.2	100.0	71.3	100.0
Total number of species		6		13		13	
Sediment or rock bed		45.8		39.8		28.7	

- 장보고기지와 곤드와나기지 연구 정점에서 저서균집의 우점도 분석은 Primer program을 이용하여 K -dominance curves 분석을 실시하였다.
- 장보고기지에서 저서균집의 K -dominance curves는 샘플링 연도에 따라 다른 형태를 보였다(그림 7). 2019년(2019U)의 저서생물균집은 다른 연도에 비해 단일 분류군(diatom, *Fragilariopsis* spp.)에 의해서 우점하고 있었으며 그래프의 경사는 완만한 형태를 보였다.
- 그러나, 2018년, 2019년(2019L)와 2022년의 저서생물균집은 상대적으로 단일 분류군의 우점도 낮아서 대각선 경사를 보인 그래프 형태를 보였다.

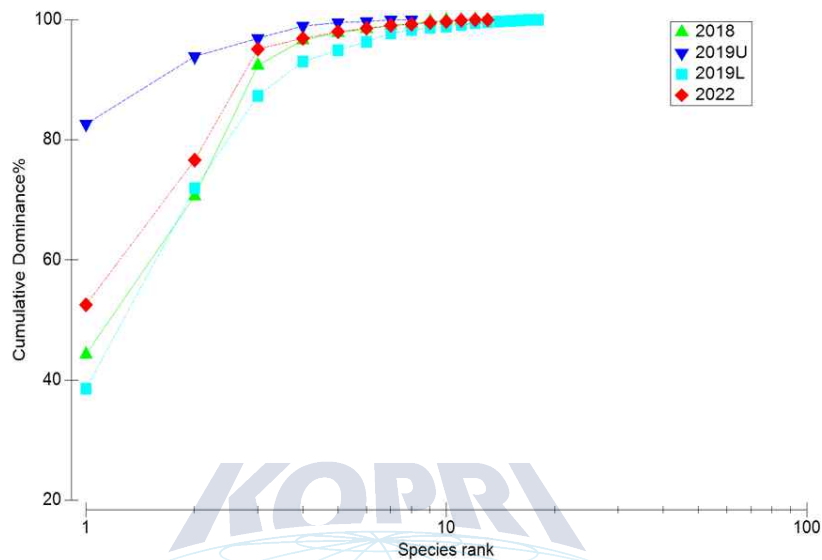


그림 7. 장보고기지 연구 정점에서 K -dominance curve 분석

- 독일 Gondwana 연구 정점의 저서생물균집의 K -dominance curves는 장보고기지와 같이 연도에 따라 다른 형태를 보였다(그림 8).
- 단일분류군으로 우점한 2019년 02월에 조사된 저서균집의 그래프는 완만한 형태를 보였으며, 여러 종이 우점한 정도에 따라 그래프 형태가 대각선 경사를 보였다.

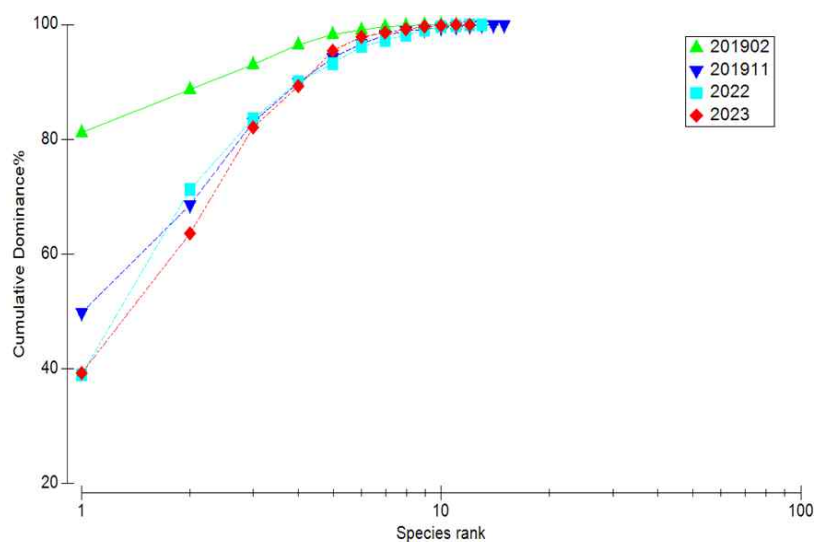


그림 8. 곤드와나기지 연구 정점에서 K -dominance curve 분석

- 장보고기지와 곤드와나기지 연구 정점에서 저서생물군집의 유사도 분석은 Primer program을 이용하여 집괴분석(Cluster analysis)와 다차원 척도분석(Non-metric multidimensional scaling, nMDS) 분석을 실시하였다.
- 장보고기지 연구 정점에서 저서생물군집은 유사도 45% 수준에서 2개의 클러스터를 형성하는 것으로 확인되었다. 저서생물군집이 두 개의 cluster를 나누는 기준은 diatom의 우점도이었으며, 2019년에 생태계에 뚜렷한 변화가 있는 것으로 추측된다.

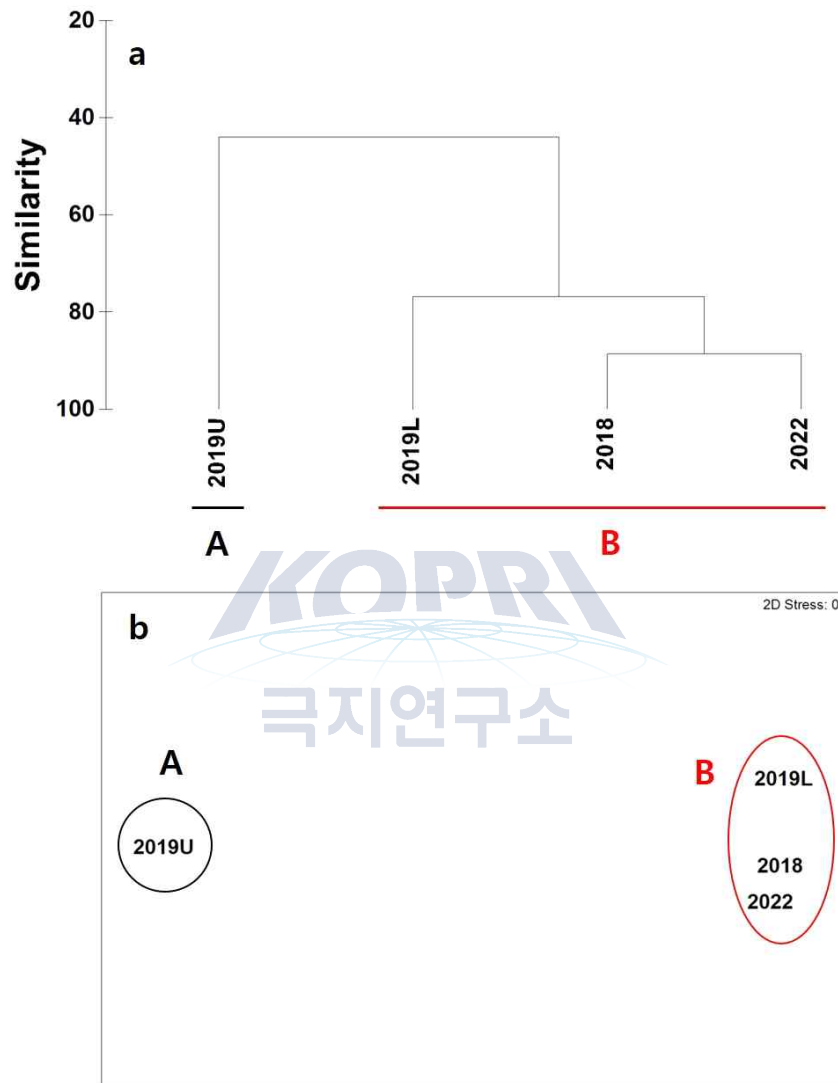


그림 9. 장보고기지 연구 정점에서 저서생물 피도의 집괴분석(a, cluster analysis)과 다차원 배열분석(b, non-metric multidimensional scaling 분석 결과

- 곤드와나기지 연구 정점에서 저서생물군집은 유사도 65% 수준에서 3개의 cluster를 형성하는 것으로 확인되었음(그림 10). 저서생물군집이 두 개의 cluster를 나누는 기준은 diatom의 우점도였으며, 2022년과 2023년에 저서생물군집은 유사도 매우 높은 것으로 나타났다.

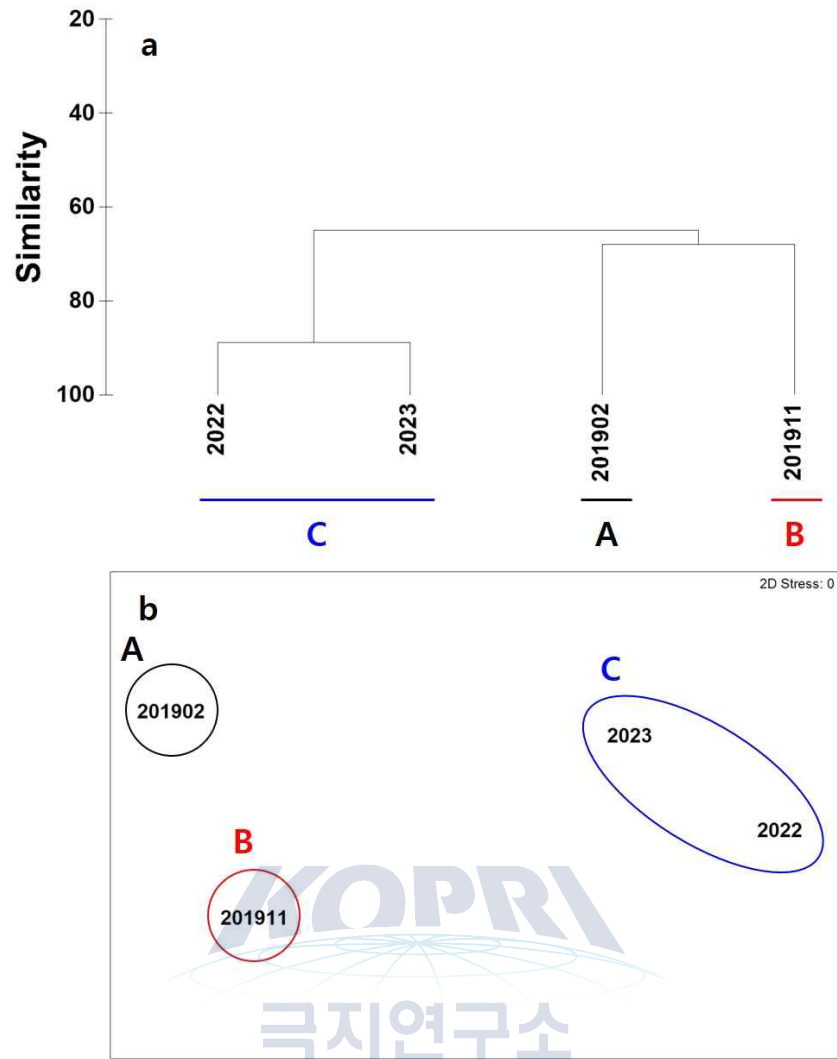


그림 10. 곤드와나기지 연구 정점에서 저서생물 피도의 집괴분석(a, cluster analysis)과 다차원 배열분석(b, non-metric multidimensional scaling 분석 결과

- 장보고기지 연구 정점에서 2018년부터 2022년에 관찰된 저서생물의 생태지수는 Primer program을 이용하여 분석하였다.
- 장보고기지의 연도별 군집지수 비교에서 풍부도 지수(R), 균등도 지수(J)와 다양도 지수(H')는 2019년(upper)에 가장 낮게 관찰되었으나, 우점도 지수(D)는 가장 높았다. 이는 규조류의 우점현상으로 나타난 것으로 사료된다.
- 이는 2019년 장보고기지는 교란작용에 의한 퇴적물의 영향이 저서생물군집에 뚜렷하게 나타났으며, 교란현상에 반응하는 군집 특성을 규명하기 위하여 보다 장기적인 모니터링이 요구된다.
- 또한, 2018년에 관찰된 저서군집의 풍부도 지수(R), 균등도 지수(J)와 다양도 지수(H')는 2019년(lower)과 유사하였다. 그러나, 2022년은 규조류 피도의 증가로 다소 낮은 것으로 관찰되었다.

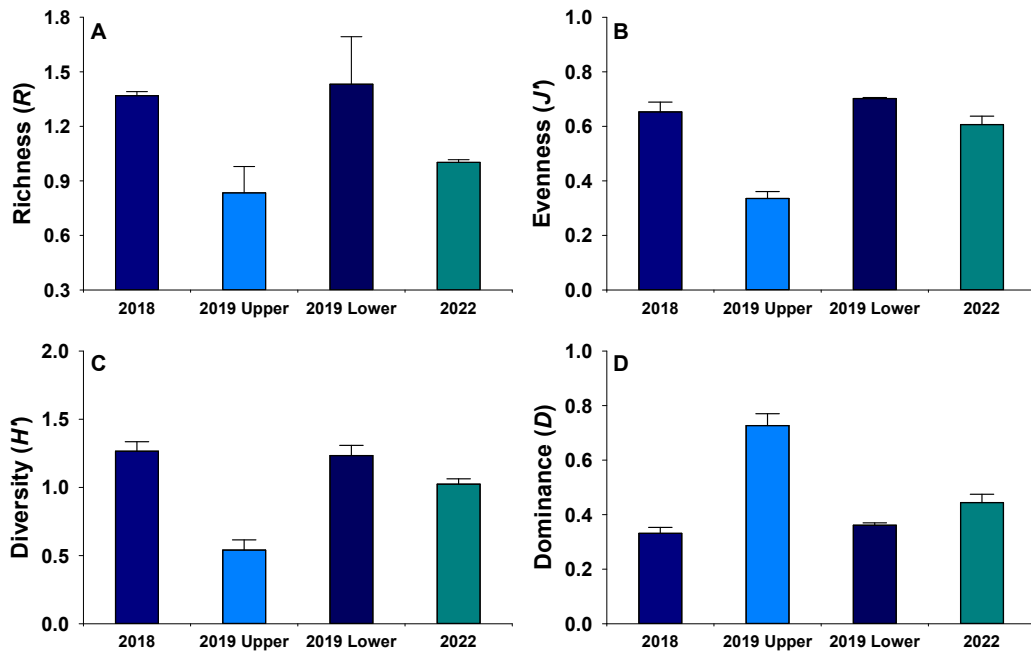


그림 11. 장보고기지 연구 정점에서 저서생물군집의 제생태지수. 풍부도 지수(A), 균등도 지수(B), 종다양성 지수(C), 우점도 지수(D)

- 독일 곤드와나기지 연구 정점에서 2019년에서 2023년에 조사된 저서군집 생태지수는 조사 시기에 따라서 뚜렷한 차이를 보였다(그림 12)
- 풍부도, 균등도와 다양도 지수는 2019년 11월에 가장 높았으며, 2019년 2월에 가장 낮은 수치를 보였다. 이러한 결과는 규조류의 피도가 생태지수에 결정적인 영향을 미친 것으로 생각된다. 또한, 시간이 지남에 따라 군집이 안정화되고 있는 것으로 판단된다.

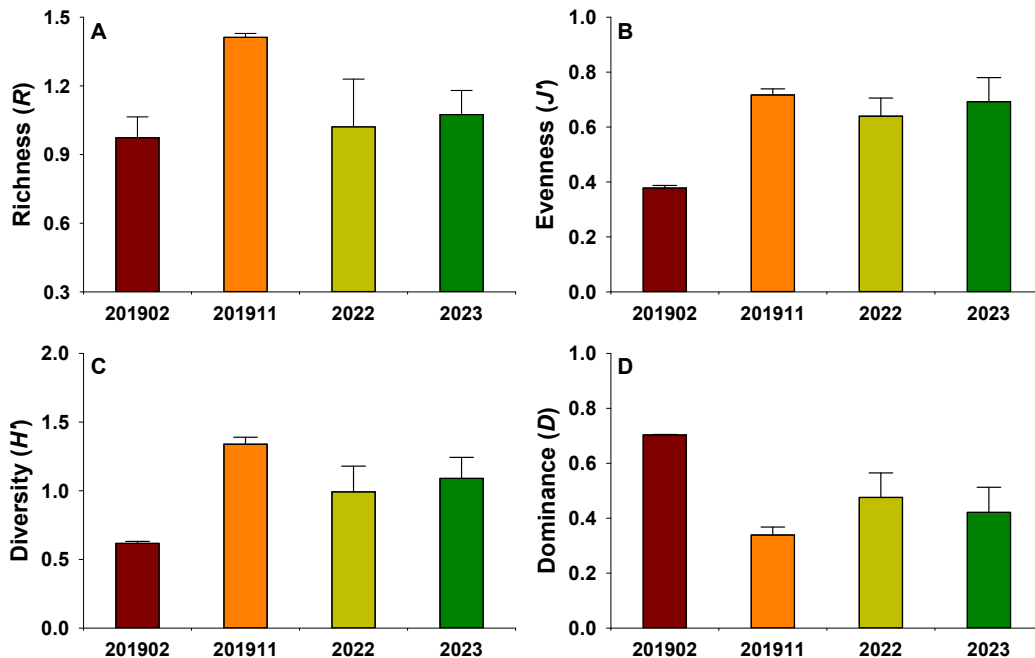


그림 12. 곤드와나기지 연구 정점에서 저서생물군집의 제생태지수. 풍부도 지수(A), 균등도 지수(B), 종다양성 지수(C), 우점도 지수(D)

- 연구 정점에서 저서생물군집과 환경요인과의 연관성을 분석하기 위해서 R프로그램을 활용하여 정준대응분석(Canonical Correspondence analysis, CCA)을 실시하였다.

표 4. 연구 정점에서 추출한 환경자료

Environmental parameter	JBS-2018	JBS-2019	Gondwana	Cape Evans
Maximum daily seawater temperature (°C)	0.63	0.63	1.30	0.63
Minimum daily seawater temperature (°C)	-1.99	-1.99	-1.91	-1.99
Annual daily seawater temperature (°C)	-1.70	-1.71	-1.42	-1.70
Maximum daily salinity (PSU)	35.27	35.33	36.38	35.27
Minimum daily salinity (PSU)	31.59	33.55	34.42	31.59
Annual daily salinity (PSU)	33.48	35.01	35.44	33.48
Maximum chlorophyll <i>a</i> (µg/L)	21.54	31.31	36.34	21.54
Minimum chlorophyll <i>a</i> (µg/L)	0.98	0.79	0.05	0.98
Annual daily chlorophyll <i>a</i> (µg/L)	2.77	2.28	2.72	2.77
Sediment (%)	11.79	28.84	8.91	39.36
Rock (%)	0.00	0.00	0.00	0.42

- 저서생물군집으로부터 분석된 정준대응분석 결과는 CCA-1(X축)이 총 분산의 77.4%, CCA-2(Y축)가 총 분산의 16.0%을 설명하여 총 93.4%의 높은 설명력을 나타낸다(그림 13)

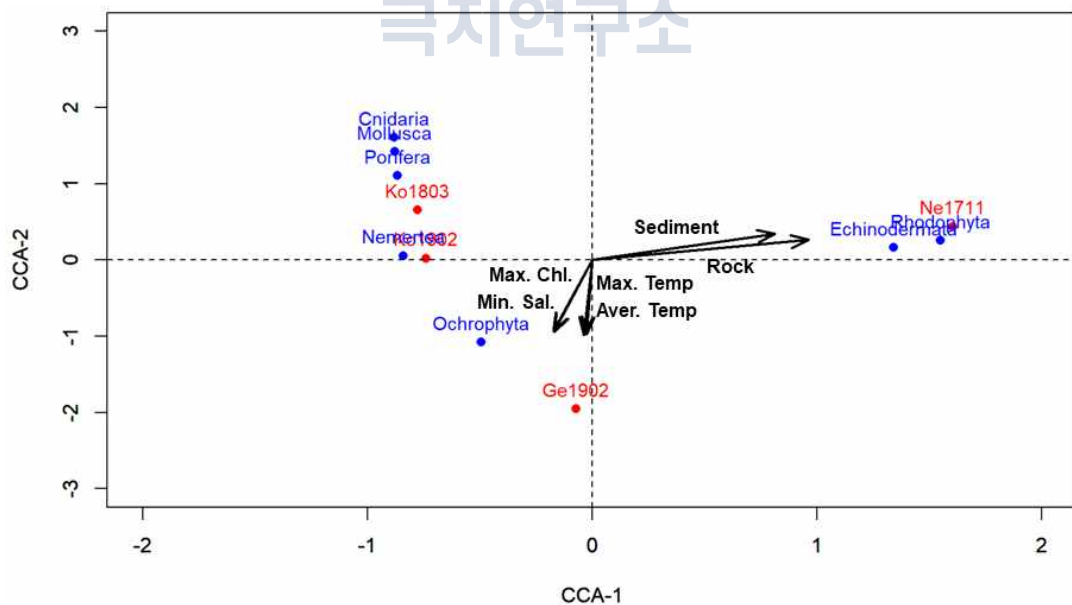


그림 13. 공동연구해역으로부터 분석한 정준대응분석 결과

- 장보고기지에서 저서생물군집은 자포동물과 해면동물 등이 우점하고 있지만, 뉴질랜드 Cape Evans에서 군집은 홍조류와 극피동물이 우점도가 높아서 두 군집 간에 큰 차이를 보였다. 독일 콘드와나기지 연구 정점은 규조류가 군집을 우점하는 것으로 확인되었다.
- 각 군집에 대한 환경요인 중 설명력이 높은 X축과 평행하게 sediment와 rock이 배열하

였으며, 이는 평가된 환경요인 중 sediment와 rock에 따라 군집이 더 뚜렷하게 달라지는 것으로 평가되었다.

- 수온과 염분 및 chlorophyll *a*의 농도 중 연구 정점에 따라 Maximum daily seawater temperature, Annual daily seawater temperature, Maximum chlorophyll *a*, Minimum daily salinity 등이 유의한 차이를 보였다.
- 조사된 연구정점은 환경요인 및 저서군집의 특성이 각 연구 정점별로 뚜렷하게 구분되는 특징을 가지므로, 장기적인 모니터링을 통하여 각 연구 정점별로 연도별 분석을 통하여 수온이나 염분 변화 등에 반응하는 군집의 반응 패턴을 추가적으로 분석할 수 있을 것으로 판단된다.



제 2 절 남극가리비 개체 확보 및 유전자 마커 개발

- 기존 장보고기지 인근 해역에서 채집된 남극가리비 개체군(2018, 2019년도)을 대상으로 유전자 분석을 위한 개체의 근육 시료 확보를 위해 남극가리비 폐각근 일부(5×5 mm)를 채취하였다.
- 이후 99% 에틸알코올이 들어있는 micro-centrifuge E-tube (1.5 ml)에 넣어 4 °C 냉장 보관하였다. 채취된 폐각근의 위치와 최종 확보된 시료 수는 다음과 같다(표 5, 그림 14).
- 남극가리비 근육 조직으로부터 genomic DNA를 추출하기 위해 DNeasy Blood & Tissue Kit (Qiagen, Germany)를 이용하였으며, NanoDrop One (Thermo Scientific, USA)를 이용하여 농도를 측정 후 -20 °C에 냉동 보관하였다.

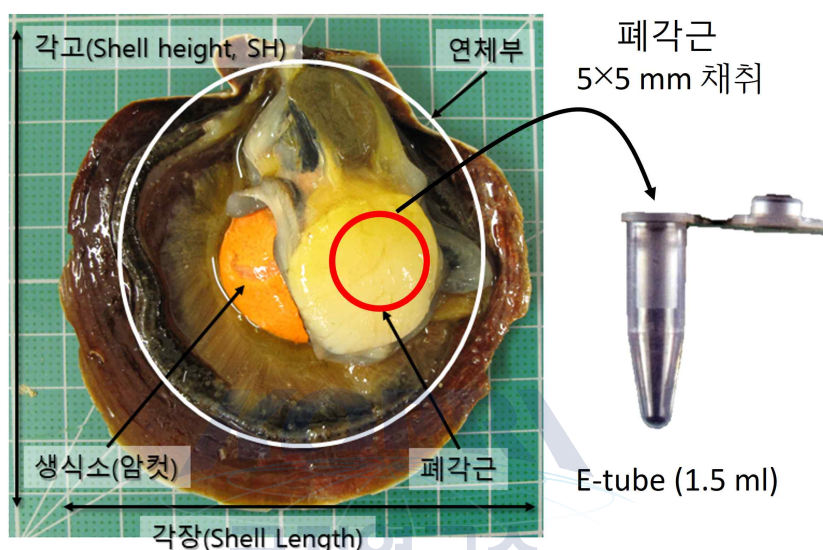


그림 14. 남극가리비 genomic DNA 추출을 위한 폐각근 시료 채취

표 5. 남극가리비 시료채취 및 DNA 분석 현황, 1차년도(2023)

Sampling years	N	Sample type	DNA extraction	MtDNA		Microsatellites (N=7)
				12S	16S	
2018	105	폐각근	22	9	9	18
2019	48		22	11	9	12
Total	153	-	44	20	18	30

▷ 남극가리비 전장유전체 분석(미토콘드리아 DNA, 핵 DNA microsatellite 마커 발굴)

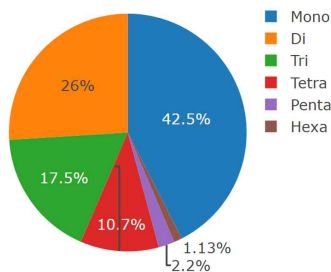
- 추출된 고농도의 남극가리비 genomic DNA를 이용하여 S220 Ultra sonicator (Covaris)를 이용하여 gDNA (1mg)를 균질화 한 후 MGIEasy DNA library prep kit (MGI)를 이용하여 최종 라이브러리 제작 전 gDNA 품질을 평가하였다. 최종 선정된 남극가리비 샘플(ACI54)를 대상으로 next generation sequencing (NGS) 기술을 이용하여 미토콘드리아 DNA 및 핵 전장유전체 염기서열 분석을 150 bp paired-end reads로 MGISEq system을 통해 수행하였다. 다형성이 풍부한 신뢰성 있는 mtDNA 마커와 다량의 microsatellite 마커를 선별하여 유전자 마커 후보군을 도출하였다.

- 총 35,927,918,400 bp 염기서열과 239,519,456 reads가 확보되었고, 남극가리비 유전체의 SSR 유전자좌의 총수는 144,512개로 산출되었다. 전반적으로 디(Di)뉴클레오타이드 SSR 유전자좌가 가장 우세했고(37,544/25.98%), 나머지 tri-(25,359/17.55%), tetra-(15,410/10.66%), penta-, hexa-, 뉴클레오타이드 SSR 유전자좌는 4% 미만(4,809/3.33%)으로 확인되었으며, 분석이 완료된 SSR loci 및 microsatellite types 정보는 다음과 같다(표 6, 그림 15).

표 6. 남극가리비 ACI54 개체의 SSR loci 정보 요약

Type	Description	Number
Total number of perfect SSRs	Counts	144,512
Total length of perfect SSRs	bp	2,536,324
The average length of SSRs	total ssr length/total ssr counts (bp)	17.56
SSRs per sequence	total SSR counts/sequence counts	-
The percetage of sequence covered by SSRs	total ssr length/total sequence length (%)	0.27
Relative abundace	total SSRs/total valid length (loci/Mb)	149.99
Relative density	total SSR length/total valid length (bp/Mb)	2632.51

SSR counts distribution for each type



SSR length distribution for each SSR type

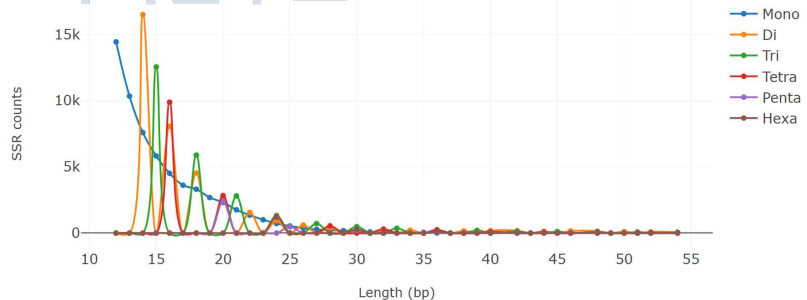


그림 15. Next generation sequencing (NGS) 기반 핵 전장유전체 생물정보 분석을 통해 얻어진 남극가리비(*Adamussium colbecki*) microsatellite 유전자 마커 현황 요약

- 추가적으로 분석된 Sequencing reads 낮은 품질(low-quality bases) 부분과 미토콘드리아 DNA (mtDNA) 전장유전체 조립에 필요없는 부분(artifacts)를 Trimmomatic v0.39 프로그램의 PE mode를 이용하여 제거 후 Mitoz v2.3를 이용하여 남극가리비 미토콘드리아 전장유전체를 최초 해독 완료하였고(그림 16), 해독된 결과와 기존 남극가리비 대상 분자계통(molecular phylogeny)분석 이전 연구들과의 비교 분석을 통해서 mtDNA 마커를 발굴하였다(Canapa et al. 2000, Barucca et al. 2004)

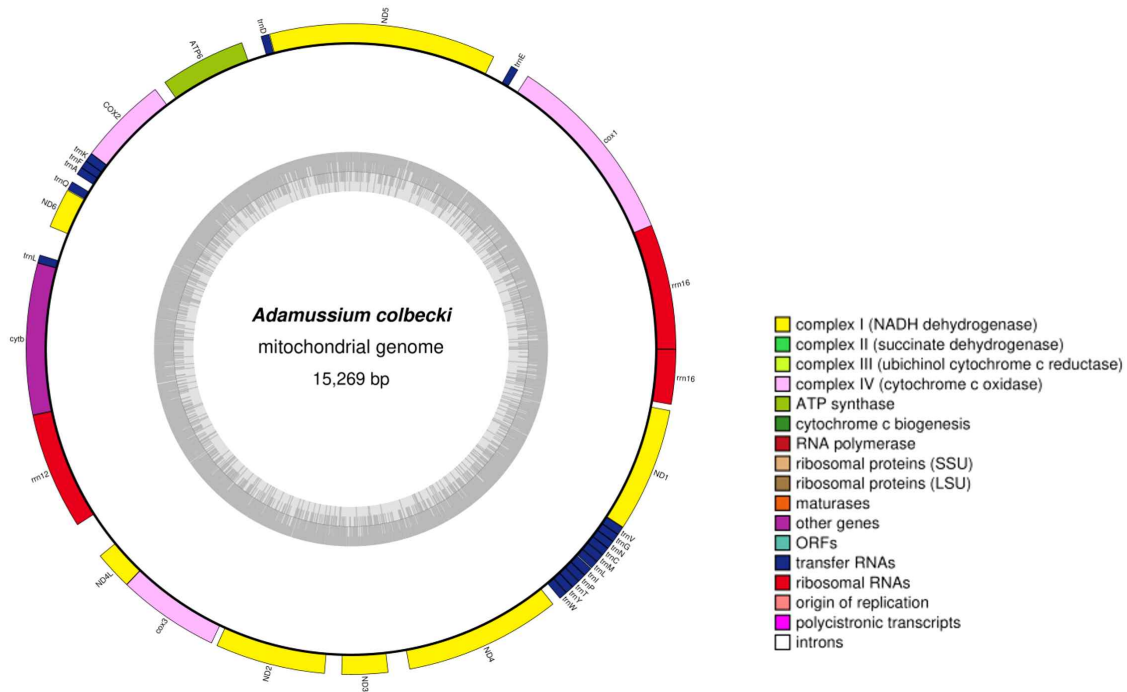


그림 16. 남극가리비 mtDNA 전장유전체 게놈 지도(왼쪽) 및 Annotated Gene Summary (오른쪽)

- Geneious Prime® 프로그램을 이용하여 분석된 미토콘드리아 전장유전체 상 12S rRNA, 16S rRNA primer를 개발하였으며, 개발된 primer 정보는 다음과 같다(표 7).

표 7. 남극가리비 mtDNA 전장유전체 기반으로 개발된 12S rRNA, 16S rRNA 유전자 마커 프라이머 정보

Locus	Primer name	Sequences (5' -3')
12S rRNA	ACI_12S_183FW	5' -GGTTTAAACCCTGAGCGTCAG-3'
	ACI_12S_183RV	5' -GGGCGCACCTTCCAGTAC-3'
	ACI_12S_166FW	5' -CATGACTCCAGTGGAAAGGT-3'
	ACI_12S_166RV	5' -CACCTTCCAGTACCCCTACC-3'
16S rRNA	ACI_16S_181FW	5' -ATGAGTAGTCTGAGGTTTAGTGG-3'
	ACI_16S_181RV	5' -AAAATAGGAAACCTAGGCCCG-3'
	ACI_16S_251FW	5' -AGTTAAAGGAACTCGGCAAATAGA-3'
	ACI_16S_251RV	5' -TTAGCCATTAGCCACCGAGAC-3'

▷ 남극가리비 유전자 마커 유효성 검증

- 남극가리비 대상으로 개발된 미토콘드리아 DNA (12S rRNA, 16S rRNA) 및 핵 DNA microsatellite 마커의 유효성 검증을 위해 8개체의 남극가리비 샘플에 우선 적용하여 PCR yield를 평가하였다.

표 8. 남극가리비 마커 유효성 검증에 이용된 개체 DNA 정보

샘플링연도	개체 번호	Nucleic Acid (ng/uL)
2019	Aci10	2908.101
	Aci17	468.873
	Aci23	1278.004
	Aci26	21.557
2018	Aci106	5.831
	Aci107	8.216
	Aci114	5.341
	Aci119	3.277

- 추출된 DNA를 이용한 mtDNA PCR (Polymerase chain reaction) 반응은 sterilized water 9.9 μ L, 10X Green buffer (Thermo Scientific Inc., USA) 1.5 μ L, 10 μ M forward/reverse primers 각 0.5 μ L, dNTP 25 μ M (Bio Basic Inc., Canada) 1.5 μ L, 0.1 units Taq Polymerase (Thermo Scientific Inc., USA) 0.1 μ L 및 희석된 genomic DNA 1 μ L (3.2~10.7 ng)를 사용하여 총 15 μ L로 수행하였고, PCR 증폭은 2720 thermal cycler (Applied Biosystems, USA)를 이용하여 94 $^{\circ}$ C에서 2분간 초기 변성 (denaturation) 후 94 $^{\circ}$ C에서 30초간 denaturation, 58 $^{\circ}$ C에서 30초간 결합 (annealing), 72 $^{\circ}$ C에서 1분간 신장 (extension) 반응을 35회 반복하였으며, 이후 72 $^{\circ}$ C 10분으로 최종 extension 후 증폭을 완료하였다. 증폭된 PCR 산물은 RedSafe (iNtRon Biotechnology, Korea)로 염색된 2% agarose gel로 전기영동을 수행하였다(그림 17).

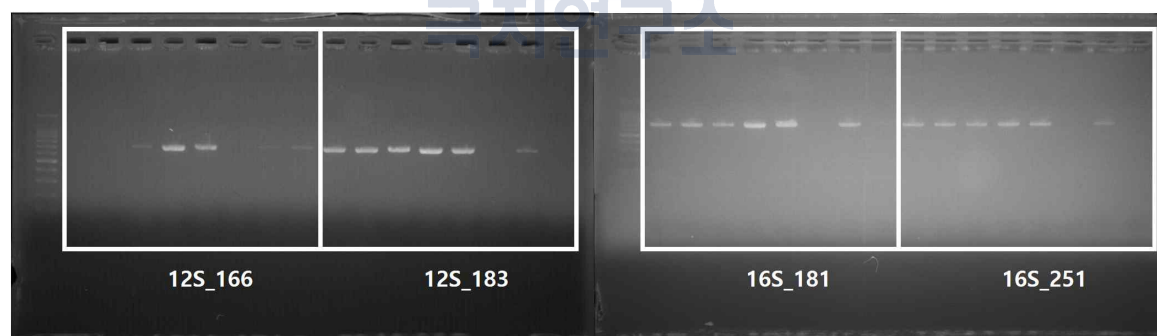
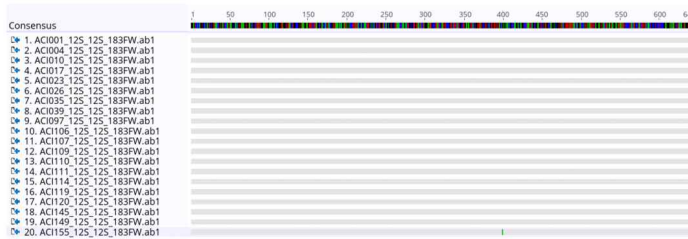


그림 17. mtDNA 12S rRNA(왼쪽), 16S rRNA(오른쪽) 전기영동 결과

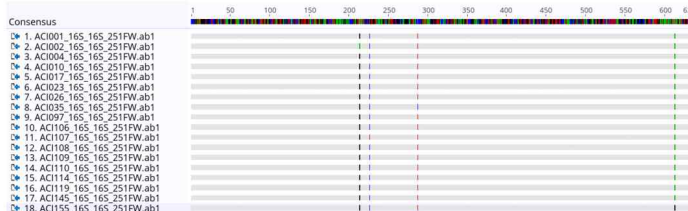
- 밴드가 확인된 mtDNA PCR 산물의 경우 20 units Exonuclease I (New England BioLabs, USA) 0.4 μ L와 1 units Shrimp Alkaline Phosphatase (New England BioLabs) 1.6 μ L를 추가하여 37 $^{\circ}$ C 15분, 85 $^{\circ}$ C 15분 동안 정제하였다. 정제된 단편은 ABI 3730xl automated DNA sequencer (Applied Biosystems)를 사용하여 염기서열 분석을 수행하였으며, 획득된 mtDNA 염기서열은 Geneious Prime[®] 프로그램을 사용하여 편집하였고, Clustal W Multiple alignment (Thompson et al. 1994)를 이용하여 염기서열 정렬 후 단상형(haplotype)을 확인하였다. 16S rRNA가 12S rRNA에 비해 상대적으로 높은 다형성을 나타내었다(16S rRNA: N=18, # of haplotypes=5, # of SNPs=4; 12S rRNA: N=20, # of haplotypes=2, # of SNP=1) (그림 18)

• 12S rRNA (642 bp)



Number of SNP: 1
Number of haplotypes: 2

• 16S rRNA (635 bp)



Number of SNPs: 4
Number of haplotypes: 5

"Diversity level: 16S>12S"

그림 18. 남극가리비 mtDNA 12S rRNA (N=20) 와 16S rRNA (N=18) 의 염기서열 분석 결과

- 핵 전장유전체 생물정보 분석 결과 총 144,512개의 SSRs 중 잠재 증폭 수(Number of Potential Amplicons)가 하나인 17,323개의 microsatellites 마커 후보 중 30개 microsatellite primers를 추출 후 다양성이 높을 것으로 예상되는 20개를 선별하여 기 추출된 남극가리비 DNA 8개체에 적용하여 PCR yield를 테스트하였다.
- Microsatellite PCR 반응은 sterilized water 9.9 μ L, 10X Green buffer (Thermo Scientific Inc., USA) 1.5 μ L, 10 μ m forward/reverse primers 각 0.5 μ L, dNTP 25 μ M (Bio Basic Inc., Canada) 1.5 μ L, 0.1 units Taq Polymerase (Thermo Scientific Inc., USA) 0.1 μ L 및 희석된 genomic DNA 1 μ L (3.2~10.7 ng)를 사용하여 총 15 μ L로 수행하였고, PCR 증폭은 2720 thermal cycler (Applied Biosystems, USA)를 이용하여 94 $^{\circ}$ C 에서 2분간 초기 변성 (denaturation) 후 94 $^{\circ}$ C에서 30초간 denaturation, 50-60 $^{\circ}$ C에서 30초간 결합 (annealing), 72 $^{\circ}$ C에서 1분간 신장 (extension) 반응을 35회 반복하였으며, 이후 72 $^{\circ}$ C 10분으로 최종 extension 후 증폭을 완료하였다. 증폭된 PCR 산물은 RedSafe (iNtRon Biotechnology, Korea)로 염색된 2% agarose gel로 전기영동을 수행하였다(그림 19).

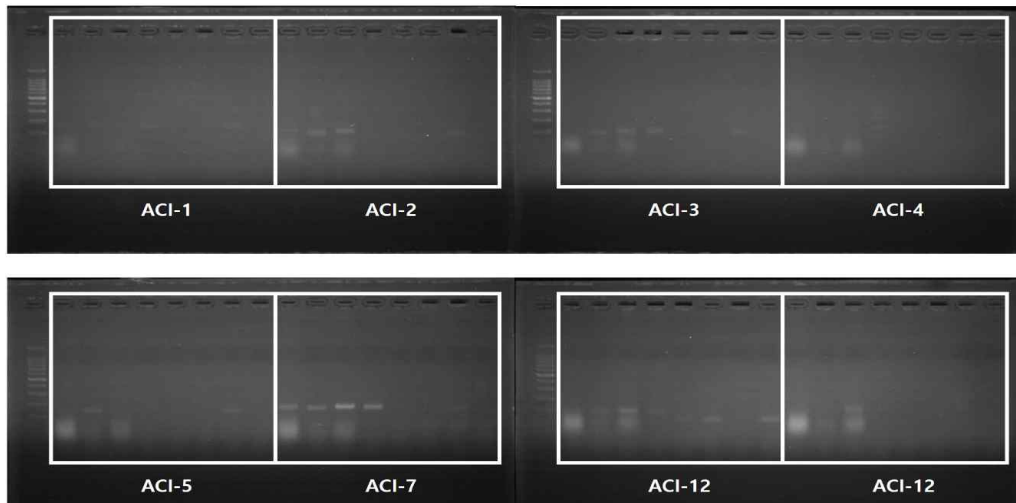


그림 19. 남극가리비 Microsatellite 20개 마커 전기영동 결과



그림 19. 남극가리비 Microsatellite 20개 마커 전기영동 결과

- Microsatellite 마커의 경우 전기영동 수행결과 밴드가 최소 6개체 이상 확인된 최종 10개의 forward primer에 fluorescent dye (FAM, HEX)를 부착하여 최종 PCR을 수행하였고 ABI 3730xl automated DNA sequencer로 fragment 분석을 진행하였다(표 9).

표 9. Microsatellite 마커의 전기영동 분석 결과 및 product size, fluorescent dye 부착 마커 현황

Maker	1	2	3	4	5	6	7	8	Product size	Fluorescent Dye
ACI-1	Aci10	Aci17	Aci23	Aci26	Aci106	Aci107	Aci114	Aci119	165	-
ACI-2	Aci10	Aci17	Aci23	Aci26	Aci106	Aci107	Aci114	Aci119	132	-
ACI-3	Aci10	Aci17	Aci23	Aci26	Aci106	Aci107	Aci114	Aci119	126	-
ACI-4	Aci10	Aci17	Aci23	Aci26	Aci106	Aci107	Aci114	Aci119	109	-
ACI-5	Aci10	Aci17	Aci23	Aci26	Aci106	Aci107	Aci114	Aci119	153	-
ACI-7	Aci10	Aci17	Aci23	Aci26	Aci106	Aci107	Aci114	Aci119	183	-
ACI-12	Aci10	Aci17	Aci23	Aci26	Aci106	Aci107	Aci114	Aci119	201	FAM
ACI-13	Aci10	Aci17	Aci23	Aci26	Aci106	Aci107	Aci114	Aci119	103	-
ACI-14	Aci10	Aci17	Aci23	Aci26	Aci106	Aci107	Aci114	Aci119	142	HEX
ACI-15	Aci10	Aci17	Aci23	Aci26	Aci106	Aci107	Aci114	Aci119	124	HEX
ACI-17	Aci10	Aci17	Aci23	Aci26	Aci106	Aci107	Aci114	Aci119	210	FAM
ACI-19	Aci10	Aci17	Aci23	Aci26	Aci106	Aci107	Aci114	Aci119	133	HEX
ACI-21	Aci10	Aci17	Aci23	Aci26	Aci106	Aci107	Aci114	Aci119	135	HEX
ACI-22	Aci10	Aci17	Aci23	Aci26	Aci106	Aci107	Aci114	Aci119	150	FAM
ACI-23	Aci10	Aci17	Aci23	Aci26	Aci106	Aci107	Aci114	Aci119	155	HEX
ACI-24	Aci10	Aci17	Aci23	Aci26	Aci106	Aci107	Aci114	Aci119	138	-
ACI-25	Aci10	Aci17	Aci23	Aci26	Aci106	Aci107	Aci114	Aci119	159	-
ACI-26	Aci10	Aci17	Aci23	Aci26	Aci106	Aci107	Aci114	Aci119	127	-
ACI-27	Aci10	Aci17	Aci23	Aci26	Aci106	Aci107	Aci114	Aci119	153	FAM
ACI-30	Aci10	Aci17	Aci23	Aci26	Aci106	Aci107	Aci114	Aci119	199	FAM

: 밴드 확인된 개체

- 각각의 microsatellite fragment는 ROX 500 bp size standard (ABI)를 이용하여 GENEMAPPER software ver. 5.0 (Applied Biosystems) 프로그램에서 분석하였다.
- 최종 추출된 10개의 microsatellite loci를 이용하여 남극가리비 27~30개체에 적용한 결과 총 7개 마커에서 데이터가 확보되었으며, 이형접합도(heterozygosity), polymorphic information content (PIC), 하디-바인베르크 평형(Hardy-Weinberg equilibrium; HWE) P-values, 근친교배계수(inbreeding coefficient; F_{IS}) 수치를 계산하여 유효성을 검증하였다(표 10).

표 10. 남극가리비 microsatellites 마커 7개 유효성 검증 수치

Maker	N	N _A	H _O	H _E	F_{IS}	HWE P-values	PIC
ACI-17	29	17	0.7241	0.9365	0.230	0.0163	0.9147
ACI-19	27	13	0.4815	0.8742	0.454	<0.0001	0.8440
ACI-21	28	19	0.6786	0.9338	0.277	<0.0001	0.9114
ACI-22	28	13	0.7500	0.8870	0.157	0.0833	0.8578
ACI-23	30	10	0.7333	0.8305	0.119	0.3652	0.7938
ACI-27	29	20	0.7241	0.9304	0.225	<0.0001	0.9083
ACI-30	30	15	0.8000	0.8932	0.106	0.6390	0.8674
Mean	-	15.3	0.6988	0.8979	0.225	<0.0001	0.8711

N: Number of individuals analyzed; N_A: Number of alleles; H_O: Observed heterozygosity; H_E: Expected heterozygosity; F_{IS} : inbreeding coefficient, HWE: P values for multilocus tests for Hardy-Weinberg Equilibrium; PIC: Polymorphic information content

제 3 절 유전자마커 개발을 통한 남극가리비 개체군 유전자 평가

- 1차년도에 구축한 남극가리비 시료 채집 및 DNA 추출·PCR 분석 방법을 기반으로, 기존 확보 시료(2018 - 2019년)와 더불어 추가 확보된 개체를 포함하여 분석을 확대 수행하였으며, 채취된 폐각근의 위치와 분석에 이용된 총 시료 수는 다음과 같다(표 11).
- Genomic DNA 추출은 1차년도와 동일하게 DNeasy Blood & Tissue Kit (Qiagen, Germany)를 사용하여 수행하였으며, 추출된 DNA는 농도 측정 후 -20°C 에서 보관하였다.
- 추출된 DNA를 이용하여 mtDNA 및 microsatellite 마커에 대한 PCR 증폭을 수행하였으며, 본 연구에 사용된 각 마커의 primer 정보(서열, 형광 염료 및 산물 크기)는 표 12에 제시하였다. PCR 반응 조성 및 기본 증폭 조건은 1차년도와 동일하게 적용하였다. 증폭된 PCR 산물은 2% agarose gel 전기영동을 통해 확인하였으며, 이후의 정제 및 분석 과정은 1차년도에 확립된 절차에 따라 수행하였다.

표 11. 남극가리비 시료채취 및 DNA 분석 현황, 2차년도(2024)

Sampling years	N	Sample type	DNA extraction	MtDNA			Microsatellites (N=7)
				12S	16S	concatenation	
2018	105	폐각근	22	9	9	8	22
2019	48		22	11	9	8	21
Total	153	-	44	20	18	16	43

표 12. 남극가리비 미토콘드리아 DNA (mtDNA; 12S rRNA, 16S rRNA) 및 microsatellite (N=7) primer 정보

MtDNA/ microsatellite	Marker	Fluorescent Dye	Sequences (5' -3')	Product size
MtDNA	ACL_12S_183	-	FW: 5'-GGTTTAAACCCTGAGCGTCAG-3' RV: 5'-GGGCGCACCTTCCAGTAC-3'	700
	ACL_16S_251	-	FW: 5'-AGTTAAAGGAACCTCGCAAATAGA-3' RV: 5'-TTAGCCATTAGCCACCGAGAC-3'	700
	ACI-17	FAM	FW: 5'-GAGTACCTTGTTAAATCGG-3' FW: 5'-GATTTCGATGACATGTTCC-3'	210
	ACI-19	HEX	FW: 5'-ACAAGAAGAAACAGGAGG-3' FW: 5'-AAGGACAGATACATGTAGG-3'	133
Microsatellite	ACI-21	HEX	FW: 5'-ATGTGTCACTCATGTACC-3' FW: 5'-TTGAACTATGTATAGGGACC-3'	135
	ACI-22	FAM	FW: 5'-CGGTAGTCCTTTATTGTG-3' FW: 5'-GAATACGAGTGTACTACC-3'	150
	ACI-23	HEX	FW: 5'-CTTCATCATGACATCATCG-3' FW: 5'-GGTGATTATATATGACGAGG-3'	155
	ACI-27	FAM	FW: 5'-GTACACAAAATACCCTCC-3' FW: 5'-TGTAGCCAATGTGTTACC-3'	153
	ACI-30	FAM	FW: 5'-GGATCCACTCTTTTATAGC-3' FW: 5'-TATAGAGTACTGTAGTGTGCG-3'	199

▷ 남극가리비 미토콘드리아 DNA 유전자 마커(12S rRNA, 16S rRNA)를 이용한 유전적 다양성 분석 방법 및 결과

- MtDNA 유전적 다양성은 ARLEQUIN (Excoffier and Lischer 2010) 프로그램을 이용해 단상형 수(number of haplotypes; N_H), 고유단상형(private haplotypes), 단상형 다양성(haplotype diversity: h), 뉴클레오타이드 다양성(nucleotide diversity: π)을 산출함으로써 평가하였다.
- 장보고기지 인근 해역에서 채집된 남극가리비 개체군($N = 16$)의 mtDNA 염기서열 1,277 bp (12S rRNA, 642 bp; 16S rRNA, 635 bp)을 이용한 유전적 다양성 분석 결과 총 4개의 단상형이 확인되었으며, 전체 분석 시료의 단상형 다양성(h)은 0.3500, 뉴클레오타이드 다양성(π)은 0.0004로 확인되었다.
- 샘플링 시기별(2018; $N = 8$, 2019년; $N = 8$) 분석 결과 2018년도 채집된 남극가리비의 $h = 0.4643$, $\pi = 0.0006$, 2019년도 $h = 0.2500$, $\pi = 0.0002$ 로 확인되었다.
- 각 시기별 mtDNA 유전자 다양성을 비교하였을 때, 2019년 채집된 남극가리비의 유전적 다양성이 전년도인 2018년도에 비해 다소 낮게 확인되었다(표 13)

표 13. 남극가리비 개체군 미토콘드리아 DNA 12S, 16S rRNA 유전적 다양성 수치 분석 결과

Year	N	N_H	h	π	PH
2018	8	3	0.4643	0.0006	2
2019	8	2	0.2500	0.0002	1
Total	16	4	0.3500	0.0004	-

N: Number of individuals analyzed, N_H : Number of haplotypes, h : Haplotype diversity, π : Nucleotide diversity, PH: Number of private haplotypes

▷ 남극가리비 microsatellite 7 loci를 이용한 유전적 다양성 분석 방법 및 결과

- Microsatellite를 이용한 유전적 다양성은 ARLEQUIN, FSTAT (Goudet 2001), GENEPOP (Rousset 2008), BOTTLENECK ver. 1.2.02 (Piry et al. 1999) 프로그램을 이용해 평균 대립유전자 수(average number of alleles across loci; N_A), 관측 이형접합도(observed heterozygosity; H_O), 예측 이형접합도(expected heterozygosity; H_E), 근친교배 계수(inbreeding coefficient; F_{IS}), 하디-바인베르크 평형(Hardy-Weinberg equilibrium; HWE) P-values, 연관비평형(linkage disequilibrium; LD) 방법을 적용하여 NeESTIMATOR v2.01 (Do et al. 2014) 소프트웨어를 이용해서 남극가리비 개체군 유효 개체군 크기(contemporary effective population size; N_e)를 도출하였다.
- 남극가리비 시료에서 확보된 genomic DNA 샘플을 이용하여 각 샘플링 시기별(2018; $N = 22$, 2019; $N = 21$), 연령별[미성숙 개체군(young); $N = 15$, 성숙 개체군(mature); $N = 28$] 개체군으로 각각 유전적 다양성 분석을 수행함. 연령별 분석의 경우 Choi et al. (2023)의 연구 결과 생식소(Gonad)의 무게가 급격히 증가하고 생식소 체중 지수(Gonadosomatic Index: GSI)가 높아지는 50mm를 기준으로 young 개체군과 mature 개체군의 두 그룹으로 구분하여 분석을 수행하였다.
- 남극가리비 개체군의 연도별 유전적 다양성 분석 결과, 2018년도 남극가리비 개체군은 $N_A = 10.00$, $P_A = 15$ 개, $H_O = 0.5782$, $H_E = 0.8671$, $F_{IS} = 0.3474$, HWE $P < 0.001$, 2019년도

$N_A = 13.86$, $AR = 11.640$, $PA = 42$ 개, $H_O = 0.6966$, $H_E = 0.9054$, $F_{IS} = 0.2313$, HWE $P < 0.001$ 로 확인되었다(표 14)

- 전체 남극가리비 개체군에서 F_{IS} 값이 비교적 높게 나타났으며($F_{IS} = 0.2836$), 이는 개체군 내 근친교배 가능성을 시사한다.
- 시기별 microsatellite 유전적 다양성을 비교한 결과, 2019년에 채집된 남극가리비 개체군의 유전적 다양성이 2018년도에 비해 다소 높은것으로 확인되었다.

표 14. 남극가리비 개체군의 연도별 7개 microsatellites 유전적 다양성 수치 분석 결과

Year	N	N_A	PA	H_E	H_O	F_{IS}	HWE P-values	N_e
2018	22	10.00	15	0.8671	0.5782	0.3474	<0.001	99.8(29.0~∞)
2019	21	13.86	42	0.9054	0.6966	0.2313	<0.001	∞(317.2~∞)
Total	43	16.00	-	0.8974	0.6455	0.2836	<0.001	∞(81.7~∞)

N: Number of individuals analyzed; N_A : Number of alleles; PA: Private allele; H_E : Expected heterozygosity; H_O : Observed heterozygosity; F_{IS} : inbreeding coefficient, HWE: P values for multilocus tests for Hardy-Weinberg Equilibrium

- 남극가리비 개체군의 연령별 유전적 다양성 분석 결과, 미성숙 개체군(young)의 $N_A = 11.43$, $PA = 25$ 개, $H_O = 0.7032$, $H_E = 0.9063$, $F_{IS} = 0.2281$, HWE $P < 0.001$, 성숙 개체군(mature)의 $N_A = 12.43$, $PA = 32$ 개, $H_O = 0.6120$, $H_E = 0.8884$, $F_{IS} = 0.3171$, HWE $P < 0.001$ 로 확인되었다(표 15)
- 연령별 microsatellite 유전적 다양성을 비교한 결과, 미성숙 개체군과 성숙 개체군 간 유전적 다양성 지표는 전반적으로 유사한 수준을 나타냈다.
- 유효개체군크기(N_e)를 추정한 결과 전체 남극가리비 개체군의 유효개체군크기는 ∞(81.7~∞)이며, 연도별 2018년 2019년 각 개체군 99.8(29.0~∞), ∞(317.2~∞)으로 나타났다. 연령별 미성숙 개체군과 성숙 개체군의 경우 각 N_e 값이 ∞(9.4~∞), 127.8(13.6~∞)으로 나타났으며, 전체 개체군의 유효개체군 크기가 상대적으로 높아 전체 개체군에서 유전적 다양성이 보다 잘 유지되고 있음을 나타낸다(표 14, 15)

표 15. 남극가리비 개체군의 연령별 7개 microsatellites 유전적 다양성 수치 분석 결과

Age group	N	N_A	PA	H_E	H_O	F_{IS}	HWE P-values	N_e
Young	15	11.43	25	0.9063	0.7032	0.2281	<0.0001	∞(9.4~∞)
Mature	28	12.43	32	0.8884	0.6120	0.3171	<0.0001	127.8(13.6~∞)
Total	43	16.00	-	0.8974	0.6455	0.2836	<0.0001	∞(81.7~∞)

N: Number of individuals analyzed; N_A : Number of alleles; PA: Private allele; H_E : Expected heterozygosity; H_O : Observed heterozygosity; F_{IS} : inbreeding coefficient, HWE: P values for multilocus tests for Hardy-Weinberg Equilibrium

▷ 남극가리비 유전적 구조 및 분화도 평가

- 남극가리비 개체군의 유전적 구조를 파악하기 위해 STRUCTURE v2.3.4 (Evanno et al. 2005) 프로그램을 사용하여 개체군 유전적 구조 분석을 수행하였다. 또한, GENETIX (Belkhir et al. 2004) 프로그램을 이용하여 개체 간 유전적 관계 정보를 바탕으로 PCoA (principal coordinates analysis) 분석을 실시하였다.
- STRUCTURE 분석 결과, 연도별 및 연령별 개체군 모두 $K=2$ 로 확인되어 두 개의 유전적 구조를 가지는 것으로 나타났다(그림 20). 2018년 개체군($N = 22$)과 2019년 개체군($N = 21$) 간 유전적 분화도(F_{ST})는 0.0097, $p = 0.0015$ 로 두 개체군 간 통계적으로 유의한 유전적 분화를 나타냈다. 이러한 결과는 2018년, 2019년 가리비 시료 개체군간 유전적 차이가 존재할 가능성을 의미한다.
- 미성숙 개체군(young)과 성숙 개체군(mature) 간 유전적 분화도(F_{ST})는 -0.0044, $p = 0.0139$ 로 나타나 미성숙 개체군과 성숙 개체군 간 유전적 분화가 존재하지 않으며, 이는 두 그룹 간 유전적 차이가 거의 없음을 보여준다.

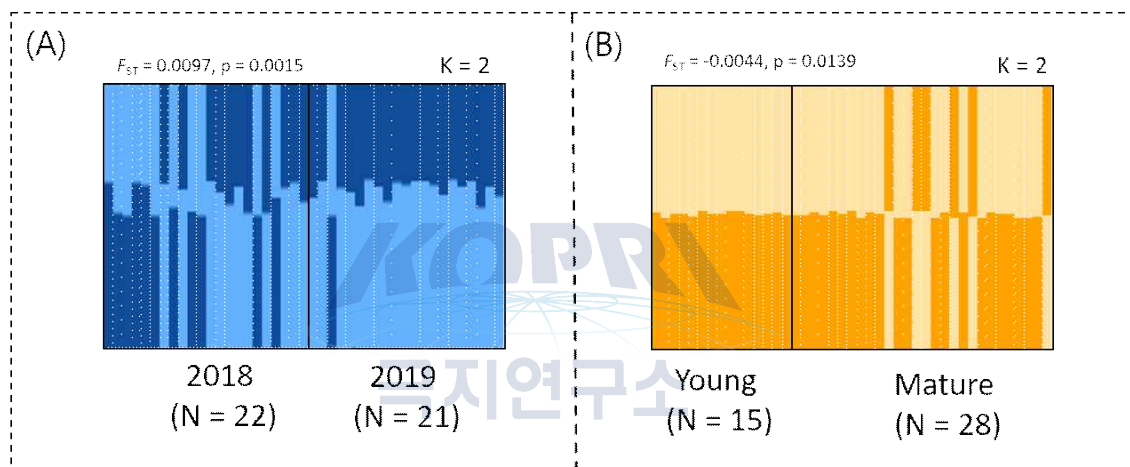


그림 20. STRUCTURE 프로그램을 이용한 남극가리비 연도별 및 연령별 개체군의 유전적 구조. (A) 남극가리비 연도별 개체군(2018년 집단 $N=22$, 2019년 집단 $N=21$), (B) 남극가리비 연령별 개체군(미성숙 개체군 Young $N=15$, 성숙 개체군 Mature $N=28$)

- 남극가리비 개체군의 연도별 및 연령별 개체군의 PCoA (principal coordinates analysis) 분석 결과 2018년과 2019년 개체군 간의 유전적 차이가 존재함을 확인하였다(그림 21). 특히, 2019년 개체군이 2018년 개체군에 비해 더 분산된 양상을 보이며, 이는 2019년 개체군의 유전적 변이가 상대적으로 더 높음을 의미한다. 미성숙(young) 개체군과 성숙(mature) 개체군 간에는 유사한 유전적 구조를 공유하고 있음을 나타낸다.

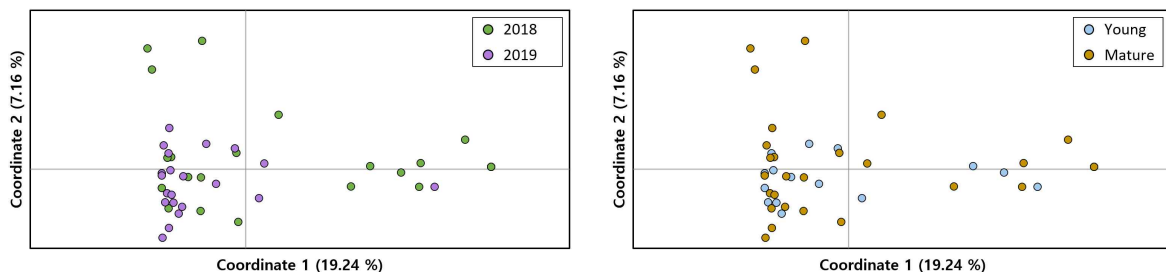


그림 21. 남극가리비 연도별(A) 및 연령별(B) 개체군에 대한 microsatellite PCoA (principal coordinates analysis) 분석 결과

제 4 절 남극가리비 개체군의 유전자 자료를 통한 유효개체군 크기 추정 및 생태적 상태평가

▷ 남극가리비 유효개체군 크기(N_e) 추정

- 본 연구진에서 수행한 분석 결과에 따르면, 총 43개체[2018 (N = 22) 및 2019 (N = 21); 미성숙 개체군 (young, N = 15) 및 성숙 개체군 (mature, N = 28)] 개체를 대상으로 7개 microsatellite 마커 기반의 유전적 다양성 및 유효개체군 크기(N_e)를 분석하였으며, 이를 통해 남극가리비 개체군의 현 생태·유전적 상태에 대한 기초 정보를 확보하였다.
- 3차년도 연구에서는 2차년도에 검증된 mtDNA 및 microsatellite 유전자 마커를 활용하여, 남극가리비 개체군의 유효개체군 크기를 핵심 지표로 정량적 개체군 평가를 수행하였다.
- Microsatellite 자료에 대해 연관비평형(linkage disequilibrium; LD) 기반 방법을 적용하고, NeESTIMATOR v2.01 (Do et al. 2014) 소프트웨어를 이용하여 남극가리비 개체군의 현재 유효개체군 크기(contemporary effective population size; N_e)를 산출하였다(표 16)

▷ 인구 통계학적 분석을 통한 생태적 안정성 평가

- 남극가리비 전체 개체군을 대상으로 mtDNA 기반 인구통계학 분석 결과 Tajima's $D = -1.831$ (P = 0.011), Fu's $F_s = -1.790$ (P = 0.016)으로 확인되었고, mismatch distribution 분석 결과 한쪽으로 편향된 단봉형태(skewed unimodal)가 확인되어 과거 개체군 크기 급감 후 최근 개체군 크기가 팽창(population expansion)하였음을 시사함(그림 22, 표 16)
- 연령별 분석 결과, 미성숙 개체군(young)과 성숙 개체군(mature) 모두에서 비교적 높은 N_e 값이 추정되었으며, 전체 개체군 역시 높은 수준의 N_e 를 유지하는 것으로 나타났다.
- 또한, microsatellite 자료를 이용하여 two-phase mutation model (TPM) 기반의 개체군 병목현상(bottleneck) 분석을 수행한 결과, L-shaped 분포 양상이 확인되어 최근 급격한 개체군 감소 가능성은 낮은 것으로 판단된다(표 16)

표 16. 남극가리비 개체군의 연령별 7개 microsatellites 유전적 다양성 및 mtDNA 기반 인구통계학 분석 결과

Age group	N	N_A	PA	H_E	H_O	F_{IS}	HWE P-values	Median of N_e
Young	15	11.43	25	0.9063	0.7032	0.2281	<0.0001	∞ (9.4~ ∞)
Mature	28	12.43	32	0.8884	0.6120	0.3171	<0.0001	127.8 (13.6~ ∞)
Total	43	16.00	-	0.8974	0.6455	0.2836	<0.0001	∞ (81.7~ ∞)
N	Demographic history				Bottleneckdistribution shape			
	Tajima's D	P-value	Fu's F_s	P-value				
43	-1.831	0.011	-1.790	0.016	Normal L-shaped distribution			

- N: Number of individuals analyzed; N_A : Number of alleles; PA: Private allele; H_E : Expected heterozygosity; H_O : Observed heterozygosity; F_{IS} : inbreeding coefficient, HWE: P values for multilocus tests for Hardy-Weinberg Equilibrium; N_e : Effective population size
- Tajima's D, Fu's F_s 및 mismatch distribution은 mtDNA 서열 자료를 기반으로 산출된 인구통계학 분석 결과이며, 그외 유전적 다양성 지표 및 유효개체군 크기(N_e) 추정치는 microsatellite 자료를 기반으로 산출함

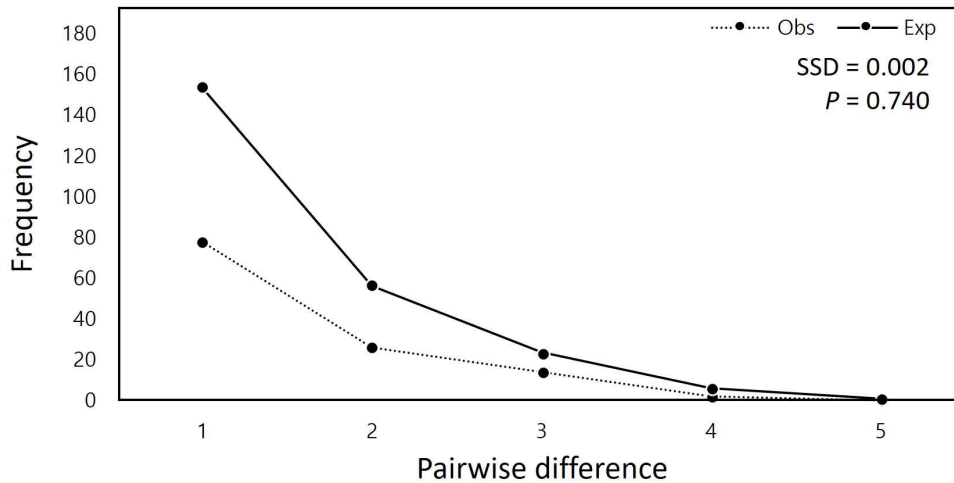


그림 22. 남극가리비 전체 개체군 대상 mismatch distribution 분석 결과

▷ 남극가리비 mtDNA 기반 계통학적 비교 분석

- 또한, 남극가리비 개체군의 유효개체군 크기(N_e) 추정 및 인구통계학적 분석 결과를 진화적 맥락에서 해석하기 위한 기초 자료를 확보하고자, 1차년도에 확보한 미토콘드리아 DNA (mtDNA) 전장유전체 데이터를 활용하였다. 이를 통해 동일 과(family: Pectinidae) 내의 분류군을 포함한 계통수를 구축하고, 남극가리비의 계통학적 위치와 유연관계를 평가하였다.
- 총 12개의 미토콘드리아 단백질 코딩 유전자(protein-coding genes, PCGs)와 2개의 리보솜 RNA (rRNA) 유전자를 기반으로 총 6,706 bp 길이의 서열을 연결(concatenated)하여 계통분석을 수행하였다.
- Pectinidae 12종의 상동유전자의 염기서열은 GenBank 데이터베이스에서 확보하였으며, 각 유전자의 서열 정렬은 Geneious Prime® (Biomatters Ltd., New Zealand) 프로그램의 다중 정렬 기능을 기본 설정값으로 사용하여 수행하였다.
- 근린결합법(Neighbor-Joining, NJ) 분석(Saitou and Nei, 1987)은 MEGA v12 (Kumar et al., 2024) 프로그램에서 수행하였으며, Tamura - Nei 거리 모형(Tamura and Nei, 1993)을 사용하였고, 1,000회 반복 검증(bootstrap; Felsenstein, 1985)을 수행하였다.
- 최대우도법(Maximum Likelihood, ML) 분석을 위해 jModelTest v2.1.10 프로그램을 이용하여 Akaike 정보 기준(Akaike Information Criterion, AIC)에 따라 최적 모델로 TVM+F+I+G4를 선정하였으며, IQ-TREE v2.4.0 (Minh et al., 2020)을 사용하여 계통수를 구축하고, ultrafast bootstrap (UFBS) 방식으로 1,000회 반복 검증을 수행하였다 (Hoang et al., 2018)
- 계통분석 결과, 남극가리비는 Palliolinae 아과 내에서 *Placopecten magellanicus* (NC_007234)와 가장 가까운 유연관계를 나타냈고, 이에 대한 bootstrap 지지도는 NJ/ML 분석에서 각각 93/97으로 매우 높았다. 반면, *Argopecten*, *Chlamys*, *Mimachlamys*, *Mizuhopecten* 등이 포함된 다른 주요 계통군과는 명확히 분리되어, 남극가리비가 Pectinidae 내에서 상대적으로 독립적인 진화 경로를 거친 분류군임을 시사하며, 이러한 계통학적 특성은 본 연구에서 수행한 유효개체군 크기 추정 및 인구통계학적 분석 결과를 해석함에 있어 진화적 배경으로 고려될 수 있다 (그림 23)

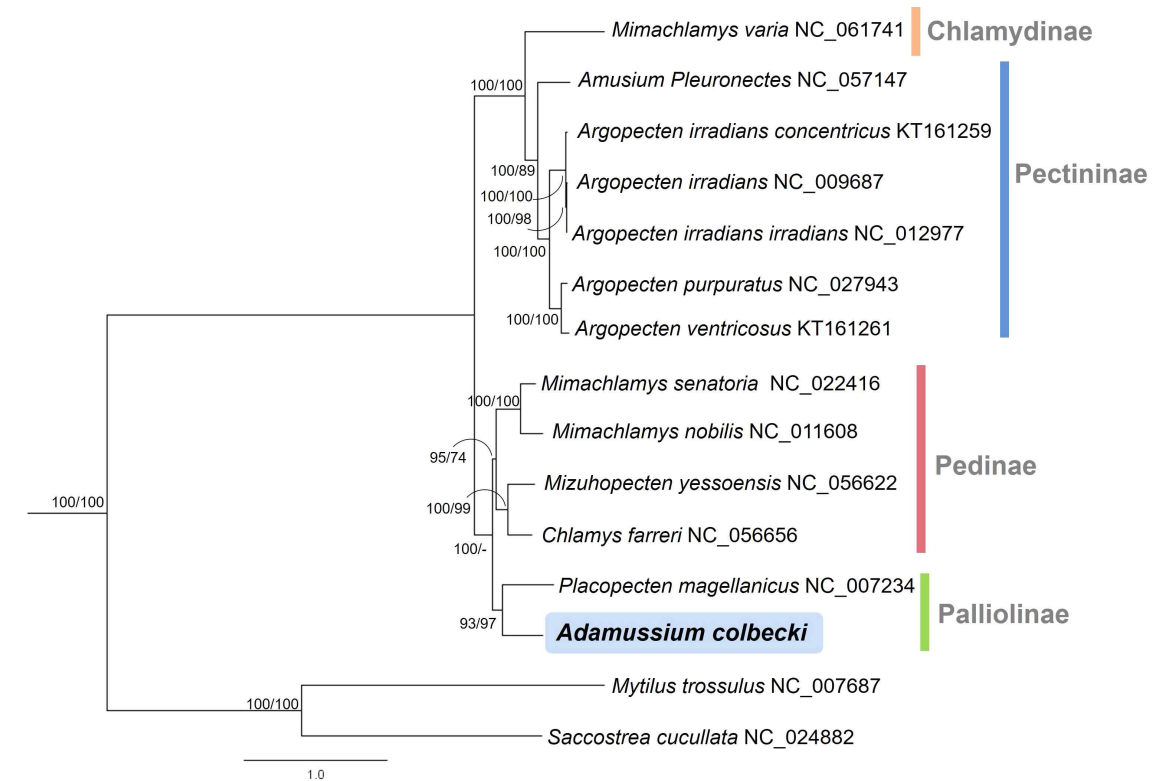


그림 23. 남극가리비(*Adamussium colbecki*)를 포함한 Pectinidae 13종을 대상으로 mtDNA 유전체 정보를 활용한 NJ 및 ML 계통수(음영 표시: 본 연구 대상 종). Node에 표기된 숫자는 각각 NJ (왼쪽) 및 ML (오른쪽) 분석의 bootstrap 지지도를 나타냄

- 본 분석은 제한된 시료 수를 기반으로 수행되었으나, 향후 추가적인 DNA 시료 확보가 이루어질 경우, 유전적 다양성 지표 및 N_e 추정값의 정확도는 더욱 향상될 수 있을 것으로 판단되며, 이에 따라 개체군의 유전적 구조에 대한 인구통계학적 검정력과 생태학적 해석의 신뢰도 또한 실질적으로 제고될 수 있을 것으로 기대된다.
- 선행 연구에 따르면, Getino Mamet 등(2021)은 남반구 연안의 이매패류를 대상으로 한 연구에서, 유전적 다양성과 유효개체군 크기를 정밀하게 추정을 위해 시·공간적 샘플링 범위의 확대가 필수적임을 강조하였다. 이러한 연구 결과를 바탕으로 향후 후속 연구에서는 시기별 및 해역별로 확장된 시료 확보를 통해 시·공간 유전적 구조 분석을 수행하고 개체군 크기 변화, 번식률, 생존률 등과 같은 생태학적 자료와의 통합 분석이 요구된다.
- 향후 whole-genome resequencing 기반 SNP 유전자형 자료가 추가로 확보될 경우, MSMC2 (Multiple Sequentially Markovian Coalescent)와 같은 Coalescent 기반 분석을 적용하여 시간에 따른 개체군 규모 변동을 보다 정밀하게 재구성하고, 남극가리비 개체군의 진화 시간 척도에 따라 유효개체군 크기의 변화를 심층적으로 추정할 필요가 있다 (Schiffels et al. 2014; Cádiz et al. 2024)
- 본 연구에서 개발 및 적용한 유전자 마커 기반 분석 결과와 이러한 통합적 접근은 남극가리비 개체군의 생태·유전적 현황을 종합적으로 이해하는데 기여할 뿐만 아니라, 향후 장기적인 모니터링 체계 구축과 효과적인 개체군 보전 및 관리 전략 수립을 위한 과학적 근거를 제공할 것으로 판단된다.

제 4 장 연구개발목표 달성도 및 대외기여도

제 1 절 연구개발목표 평가의 착안점

년도	성과목표	세부목표	가중치	평가의 착안점 및 척도
1차년도 (2023)	해빙영향권 저서생물 군집 자료 및 남극가리비 개체 확보	1. 해역 및 연도별 저서생물 군집 및 환경요인 자료 확보 2. 남극가리비 개체 확보 및 유전자 마커 개발	30% 70%	1. 기초 분석 및 해석 능력 2. 유전자 마커 개발
2차년도 (2024)	저서생물 군집 변동성 분석 및 남극가리비 개체군 유전자 분석	1. 해역 및 연도별 저서생물 군집 및 환경요인 특성 별 변동성 분석 2. 남극가리비 개체군의 연도별 유전자 분석 수행	30% 70%	1. 기초 분석 및 해석 능력 2. 유전적 다양성 분석 결과
3차년도 (2025)	해빙영향권 저서생물군집 개념모델 수립 및 남극가리비 개체군 유효개체군 크기 추정	1. 해빙영향권 내 저서생물군집 구조 변동에 대한 개념모델 수립 2. 남극가리비 개체군의 유전자 자료를 통한 유효개체군 크기 추정	40% 60%	1. 기초 분석 및 해석 능력 2. 해빙영향권 내 저서동물 군집 구조변동 개념모델 수립 3. 유전자 자료를 통한 남극가리비의 유효개체군 크기 추정

제 2 절 연구개발목표 달성을 위한 연구수행 방법

1. 1차년도(2023년)

성과목표	세부목표	연구수행방법 (이론적·실험적 접근방법)	구체적인 내용
해빙영향권 저서생물 군집 자료 및 남극가리비 개체 확보	해역 및 연도별 저서생물 군집 및 환경요인 자 료 확보	1. 환경요인 및 영상자료 의 표준화	국제 공동 연구 기반 환경요인 자료 분석
		2. 군집생태학적 접근	저서생물 군집의 제 생태지수 분 석
	남극가리비 개 체 확보 및 유 전자 마커 개발	1. 남극가리비 개체 확보	남극가리비 개체 확보 및 유전자 분석을 위한 genomic DNA extraction
		2. 유전자 마커 개발	남극가리비 전장유전체 분석(미 토콘드리아 DNA, 핵 DNA microsatellite 마커 발굴)

2. 2차년도(2024년)

성과목표	세부목표	연구수행방법 (이론적·실험적 접근방법)	구체적인 내용
저서생물군집 변동성 분석 및 남극가리비 개체군 유전자 분석	해역 및 연도 별 저서생물 군집 및 환경 요인 특성별 변동성 분석	1. 수집된 저서생물 자료 기반 집괴분석 및 다차열배열분석 실시	국제공동연구 기반 연구 정점에서 저서생물 군집 자료 분석
		2. 저서생물 군집 생태지수 분석 시행	테라노바만의 여러 정점에서 저서생물의 군집지수 분석
	남 극 가 리 비 개체군의 연 도별 유전자 분석 수행	1. 남극가리비 개체군의 연도별, 연령별 유전자 분석을 수행	기개발된 분자 마커(mtDNA, microsatellite)를 이용하여 연도별, 연령별 개체군의 유전적 다양성 평가
		2. 유전적 다양성, 유효개체군 크기 및 유전적 구조 평가	STRUCTURE, PCoA 및 F_{ST} 분석을 수행하여 연도/연령별 개체군의 유전적 구조/분화도 평가

3. 3차년도(2025년)

성과목표	세부목표	연구수행방법 (이론적·실험적 접근방법)	구체적인 내용
해빙영향권 저서생물군집 개념모델 수립 및 남극가리비 개체군 유효개체군 크기 추정	해빙영향권 내 저서생물군집 구조 변동에 대한 개념모델 수립	1. 저서생물군집 구조 변동에 대한 생태 개념적 모델 작성	테라노바만의 여러 정점에서 군집 구조 변동에 따른 개념모델 수립
	남극가리비 개체군의 유전자 자료를 통한 유효개체군크 기 추정	1. 남극가리비 개체군의 연도별, 연령별, 해역별 유전자 분석을 수행	기개발된 mtDNA 및 microsatellite 마커를 이용하여 추가 확보된 남극가리비 개체군의 유전적 다양성 평가
		2. 유전적 다양성, 유효개체군 크기 및 유전적 구조 평가 및 유전자 자료 기반 통합 생태적 상태 해석	STRUCTURE, PCoA 및 F_{ST} 분석을 수행하여 남극가리비 개체군의 유전적 구조 및 분화도를 평가하고 생태자료와 연계하여 통합적으로 해석

제 3 절 연구개발목표의 달성도

1. 1차년도(2023년)

성과목표	세부목표		달성 주요내용	달성도(%)
해빙영향권 저서생물 군집 자료 및 남극가리비 개체 확보	1-1	저서생물 군집 및 환경요인 자료	- 해빙 영향 해석 및 연도별 저서 생물 군집 및 환경요인 자료 확 보	- 분석결과 제시 (100% 달성)
	1-2	남극가리비 개체 확보 및 유전자 마커 개발	- 남극가리비 개체 확보 및 유전자 분석을 위한 genomic DNA extr action - 남극가리비 전장유전체 분석(미토 콘드리아 DNA, 핵 DNA microsate llite 마커 발굴) - 남극가리비 유전자 마커 개발 및 유효 성 검증	- 분석결과 제시 (100% 달성)

2. 2차년도(2024년)

성과목표	세부목표		달성 주요내용	달성도(%)
저서생물 군집 변동성 분석 및 남극가리비 개체군 유전자 분석	2-1	해역 및 연도별 저서생물 군집 및 환경요인 특성별 변동성 분석	- 수집된 저서생물 자료 기반 집괴분석 및 다차열배열분석 실시 - 저서생물 군집 생태지수 분석 시행	- 분석 결과 제시 (100% 달성)
	2-2	유전자마커 개발을 통한 남극가리비 개체군 유전적 평가	- 남극가리비 마커 기반 유전적 다양성 평가 - 유효개체군 크기 및 유전적 구조 평가	- 분석 결과 제시 (100% 달성)

3. 3차년도(2025년)

성과목표	세부목표		달성 주요내용	달성도(%)
해빙영향권 저서생물군집 개념모델 수립 및 남극가리비 개체군 유효개체군 크기 추정	3-1	해빙영향권 내 저서생물군집 구조 변동에 대한 개념모델 수립	- 테라노바만의 주요 연구 정점에서의 저서생물 군집 생태지수 분석 - 저서생물 군집 구조 변동 개념모델 수립	- 분석 결과 제시
	3-2	남극가리비 개체군의 유전자 자료를 통한 유효개체군크기 추정 및 생태적 상태 평가	 - 남극가리비 개체군 유전자 다양성 자료 기반 유효개체군크기 추정 - 남극가리비 유전적 특성 기반 개체군 생태적 상태 평가	- 분석 결과 제시

제 4 절 주요 정량적 성과

- 본 연구에서 구축한 남극가리비 개체군 유전자 자료(mtDNA 전장유전체 및 microsatellite 마커 기반 분석 결과)를 활용하여, 국외 학술지(PLoS ONE)에 논문을 투고하였으며, 현재 심사의견을 반영한 수정 원고 제출 중임(“Complete mitochondrial genome and microsatellite marker development of the Antarctic scallop [*Adamussium colbecki*] for its population genetics analysis”)



제 5 장 연구개발결과의 활용계획

제 1 절 연구개발결과의 활용방안 및 기대성과

- 장보고기지 주변 해역 및 해빙 영향권을 아우르는 극지 연안 생태계 변동 연구를 통한 장기적인 저서생물 군집 자료를 확보하여 생태계 연구 분야에서 남극 저서생물 개체군 유전 연구를 위한 비교 기준 자료로 활용 가능한 연구 기반을 확보함
- 해빙 영향권 내 저서생물 군집 변동 자료 확보 및 개념모델 활용하여, 기후변화에 따른 극지 연안 생태계의 구조적 변화 및 우점종 개체군 변동 양상을 예측·해석하는 연구에 적용
- 본 연구를 통해 확보한 남극가리비 mtDNA 전장 유전체 정보와 개발·검증된 microsatellite 유전자 마커를 활용하여, 남극가리비 개체군의 유전적 다양성 평가, 유효개체군 크기(N_e) 추정 및 개체군 구조 비교 분석을 수행함으로써, 극지 저서 무척추동물의 지속적인 개체군 유지 및 관리 전략 수립을 위한 과학적 기초자료로 활용
- 본 연구를 통해 확보된 남극가리비 개체군의 유전적 다양성 및 유효개체군 크기 자료는 해빙 영향권 연안 생태계에서 우점 저서생물의 장기 변동을 정량적으로 평가할 수 있는 기초 자료로 활용 가능하며, 향후 극지 장기 생태 모니터링 연구에서 개체군 변화의 조기 탐지 및 생태계 안정성 평가에 기여할 수 있음
- 남극 해빙 영향권 저서생물 및 우점종인 남극가리비 개체군의 유전적 다양성, 유효개체군 크기 및 병목현상 분석 결과는 극지 연안 생태계의 보전 상태를 과학적으로 판단할 수 있는 기초 근거로 활용 가능하며, 향후 남극 해양보호구역(MPA) 관리, 장기 생태 모니터링 전략 수립 및 보전 우선순위 설정을 위한 참고 자료로 활용될 수 있음

극지연구소

제 6 장 참고문헌

- Barrera E, Tevesz MJ, Carter JG (1990) Variations in oxygen and carbon isotopic compositions and microstructure of the shell of *Adamussium colbecki* (Bivalvia). *Palaos* 5: 149–159
- Barucca M, Olmo E, Schiaparelli S, Canapa A (2004) Molecular phylogeny of the family Pectinidae (Mollusca: Bivalvia) based on mitochondrial 16S and 12S rRNA genes. *Molecular phylogenetics and evolution*, 31(1), 89–95.
- Belkhir K, Borsa P, Chikhi L, Raufaste N, Bonhomme F (2004) GENETIX 4.05. Population Genetics Software for Windows TM, University of Montpellier.
- Berkman PA (1990) The population biology of the Antarctic scallop, *Adamussium colbecki* (Smith, 1902) at New Harbor, Ross Sea. In: Kerry KR, Hempel G (Eds.), *Antarctic ecosystems. Ecological change and conservation*. Springer, Berlin, NY, pp. 281–288
- Berkman PA, Waller TR, Alexander SP (1991) Unprotected larval development in the Antarctic scallop *Adamussium colbecki* (Mollusca: Bivalvia: Pectinidae). *Antarctic Science*, 3(2), 151–157.
- Biscotti MA, Barucca M, Canapa A (2018) New insights into the genome repetitive fraction of the Antarctic bivalve *Adamussium colbecki*. *PLoS One*, 13, e0194502.
- Cádiz MI, Tengstedt ANB, Sørensen IH, Pedersen ES, Fox AD, Hansen MM (2024) Demographic History and Inbreeding in Two Declining Sea Duck Species Inferred From Whole Genome Sequence Data. *Evolutionary Applications*, 17(9), e70008.
- Canapa A, Barucca M, Marinelli A, Olmo E (2000) Molecular data from the 16S rRNA gene for the phylogeny of Pectinidae (Mollusca: Bivalvia). *Journal of Molecular Evolution*, 50, 93–97.
- Chiantore M, Cattaneo-Vietti R, Heilmayer O (2003) Antarctic scallop (*Adamussium colbecki*) annual growth rate at Terra Nova Bay. *Polar Biol* 26: 416–419
- Choi SK, Kang YH, Moon K, Seo IS, Kim S, Park SR (2023) The dynamics of growth and maturation age in the scallop *Adamussium colbecki* in Tera Nova Bay, Antarctica. *Estuarine, Coastal and Shelf Science* 294: 108537.
- Do C, Waples RS, Peel D, Macbeth G, Tillett BJ, Ovenden JR (2014) NeEstimator v2: re-implementation of software for the estimation of contemporary effective population size (N_e) from genetic data. *Molecular Ecology Resources*, 14, 209–214.
- Evanno G, Regnaut S, Goudet J (2005) Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. *Molecular Ecology*. 14(8): 2611–2620.
- Excoffier L, Lischer HE (2010) Arlequin suite ver 3.5: a new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Molecular Ecology Resources*, 10, 564–567.
- Felsenstein, J (1985) Confidence limits on phylogenies: an approach using the bootstrap. *Evolution*, 39(4), 783–791.
- Getino Mamet LN, Soria G, Munguía-Vega A (2021) Multiple-scale processes shape the population genetics of Tehuelche scallop, *Aequipecten tehuelchus*, in Northern Patagonia. *Fisheries Research*, 240, 105971.
- Goudet J (2001) FSTAT, a program to estimate and test gene diversities and fixation indices, version 2.9.3. <http://www2.unil.ch/popgen/softwares/fstat.htm>.
- Heilmayer O, Brey T, Chiantore M, Cattaneo-Vietti R, Arntz WE (2003) Age and productivity of the Antarctic scallop, *Adamussium colbecki*, in Terra Nova Bay (Ross Sea, Antarctica). *J Exp Mar Bio Ecol* 288:239–256
- Hoang DT, Chernomor O, Von Haeseler A, Minh BQ, Vinh LS (2018) UFBoot2: improving the ultrafast bootstrap approximation. *Molecular biology and evolution*, 35(2), 518–522.

- Kumar S, Stecher G, Suleski M, Sanderford M, Sharma S, Tamura K (2024) MEGA12: Molecular Evolutionary Genetic Analysis version 12 for adaptive and green computing. *Molecular Biology and Evolution*, 41(12), msae263.
- Minh BQ, Schmidt HA, Chernomor O, Schrempf D, Woodhams MD, Von Haeseler A, Lanfear R (2020) IQ-TREE 2: new models and efficient methods for phylogenetic inference in the genomic era. *Molecular biology and evolution*, 37(5), 1530–1534.
- Pranovi F, Marcato S, Zanellato R, (1994) Analisi biometriche e biologia di popolazione del mollusco antartico *Adamussium colbecki* a Baia Terra Nova, Mare di Ross. *Atti Dell' Istituto Veneto Di Scienze Lettere Ed Arti Tomo CLII (1993–1994)* 152: 123–136
- Piry S, Luikart G, Cornuet JM (1999) BOTTLENECK: a program for detecting recent effective population size reductions from allele data frequencies. *Journal of Heredity*, 90(4), 502–503.
- Pritchard JK, Stephens M, Donnelly P (2000) Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*, 155, 945–959.
- Ralph R, Maxwell JGH (1977) Growth of two antarctic lamellibranchs: *Adamussium colbecki* and *Laternula elliptica*. *Mar Biol* 42: 171–175
- Rousset F (2008) Genepop'007: a complete re-implementation of the genepop software for Windows and Linux. *Molecular Ecology Resources*, 8, 103–106.
- Šatović E, Vojvoda Zeljko T, Plohl M (2018) Characteristics and evolution of satellite DNA sequences in bivalve mollusks. *The European Zoological Journal*, 85, 94–103.
- Schiaparelli S, Aliani S (2019) Oceanographic moorings as year-round laboratories for investigating growth performance and settlement dynamics in the Antarctic scallop *Adamussium colbecki* (EA Smith, 1902). *PeerJ* 7: e6373
- Schiffels S, Durbin R (2014) Inferring human population size and separation history from multiple genome sequences. *Nature genetics*, 46(8), 919–925.
- Stockton WL (1984) The biology and ecology of the epifaunal scallop *Adamussium colbecki* on the west side of McMurdo Sound, Antarctica. *Marine Biology*, 78, 171–178.
- Tamura K, Nei M (1993) Estimation of the number of nucleotide substitutions in the control region of mitochondrial DNA in humans and chimpanzees. *Molecular Biology and Evolution*, 10(3), 512–526.
- Thompson JD, Higgins DG, Gibson TJ (1994) CLUSTAL W: improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, position-specific gap penalties and weight matrix choice. *Nucleic acids research*, 22(22), 4673–4680.
- Trevisiol A, Bergamasco A, Montagna P, Sprovieri M, Taviani M (2013) Antarctic seawater temperature evaluation based on stable isotope measurements on *Adamussium colbecki* shells: kinetic effects vs. isotopic equilibrium. *J Marine Syst* 126: 43–55

주 의

1. 이 보고서는 극지연구소 위탁과제 연구결과보고서입니다.
2. 이 보고서 내용을 발표할 때에는 반드시 극지연구소에서 위탁연구과제로 수행한 연구결과임을 밝혀야 합니다.
3. 국가과학기술 기밀유지에 필요한 내용은 대외적으로 발표 또는 공개하여서는 안됩니다.