

북극해 동물플랑크톤 군집분포 선진화 연구:
Multi-Net, eDNA 활용

Advanced study on the distribution of zooplankton
communities in the Arctic Ocean: Utilizing Multi-Net, eDNA

2026. 01. 31

한 국 해 양 과 학 기 술 원
부 설 극 지 연 구 소

제 출 문

극지연구소장 귀하

본 보고서를 “북극해 동물플랑크톤 군집분포 선진화 연구: Multi-Net, eDNA 활용”과제의 최종보고서로 제출합니다.

2025. 01. 31

연구책임자 : 김 지 훈

참여연구원 : Kong Hejun

보고서 초록

과제관리번호			해당단계 연구기간	2025.04.01. ~2025.12.31	단계 구분	(1단계) / (1단계)
연구사업명	중 사 업 명	연구·정책지원사업				
	세부사업명	신진연구자 지원과제				
연구과제명	중 과 제 명					
	세부(단위)과제명	북극해 동물플랑크톤 군집분포 선진화 연구: Multi-Net, eDNA 활용				
연구책임자	김 지 훈	해당단계 참여연구원수	총 : 2 명 내부 : 2 명 외부 : 1 명	해당단계 연구비	정부: 30,000 천원 기업: 1 천원 계: 1 천원	
연구기관명 및 소속부서명	극지연구소 해양대기연구본부		참여기업명			
국제공동연구	상대국명 : 일 본 상대국연구기관명 : 홋카이도 대학교					
위 탁 연 구	연구기관명 :					

요 약 문

I. 제 목

북극해 동물플랑크톤 군집분포 선진화 연구: Multi-Net, eDNA 활용

II. 연구개발의 목적 및 필요성

본 연구의 핵심 목적은 Multi-Net 및 eDNA 기술을 도입하여 북극해 동물플랑크톤의 종 구성과 군집 구조 분석 체계를 국제적 수준으로 선진화하는 데 있음. 그간의 연구는 봉고네트(Bongo Net)를 이용한 수직 인양 방식에 의존하여 수심 200m 이내의 한정된 정보만을 제공해 왔으며, 수직적 층위별 미세 구조나 수괴별 군집 특성을 파악하는 데 한계가 있었음. 특히 과거 아라온호에서 MOCNESS와 같은 다중 채집 장비를 데이터 케이블 호환성 문제로 제대로 운용하지 못했던 기술적 공백을 해소하는 것이 시급함. 또한, 전통적 형태 동정으로는 식별이 어려운 알(Egg), 유생(Larvae) 및 젤라틴형 플랑크톤을 탐지하기 위한 eDNA 분석 방법의 도입이 필수적임.

III. 연구개발의 내용 및 범위

1. Multi-Net 시스템 구축 및 현장 검증 독일 Hydro-Bios사의 MultiNet Midi를 도입하고 아라온호 시스템에 최적화함. 특히 데이터 케이블 호환 문제를 해결하기 위한 전용 허브를 제작하여 수심 3,000m까지 실시간 조종 및 구간별 정밀 채집 체계를 확립하였음.

2. eDNA 분석 체계 고도화 및 다양성 분석 북극해 생물군에 최적화된 프라이머를 선정하고, 주요종의 COI 시퀀스를 확보하여 NCBI 등 국제 데이터베이스에 등록함으로써 종 동정의 정확도를 제고함. 2025년 NABOS 항차 시료를 활용한 메타바코딩 분석 결과, 총 27개 문 631종의 진핵생물을 검출하였으며 동시베리아해와 척치해 간 해역별·위도별 군집 구조의 지리적 분화 특성을 확인하였음.

IV. 연구개발결과

- Multi-Net 정밀 채집 체계 구축: 독일 Hydro-Bios사의 MultiNet Midi를 도입하고 아라온호 데이터 케이블 호환 문제(허브 제작)를 해결하여, 수심 3,000m까지 실시간 조종 및 구간별 정밀 채집 시스템을 확립함.
- 요각류 수직 분포 및 이동 특성 규명: 채집 시료 분석을 통해 *C. glacialis*(표층), *C. hyperboreus*(SCM층)의 서식층 분화와 *M. longa*의 뚜렷한 일주연직이동(DVM) 패턴을 확인하여 수직 정보 공백을 해소함.
- eDNA 분석 고도화 및 레퍼런스 확보: 북극해 생물군에 최적화된 mlCOLintF-XT와

igHCO2198 프라이머를 선정하고, 주요종의 COI 시퀀스를 확보하여 NCBI에 등록함으로써 중
동정의 정확도와 신뢰도를 제고함.

- 생물다양성 탐지 및 군집 구조 분석: eDNA 메타바코딩으로 27개 문 631종을 검출하였으
며, 동시베리아해와 척치해 간 해역별·위도별 군집 구조의 지리적 분포 특성을 규명함.
- 국제협력 및 성과확산: 한·일 장기 데이터(2008-2021) 통합 분석 논문 게재(PiO) 및
CAOFA 과학협력회의 대응, 미디어 홍보 등을 통해 극지 연구의 대외기여도를 높임

V. 연구개발결과의 활용계획

멀티넷을 통해 확보된 실물 시료 데이터는 UVP6 센서 및 EK80 음향 장비 자료의 정확성
을 검증하는 근거가 되며, eDNA 기술은 CAOFA 국제 공동 모니터링의 표준 항목으로 활용
될 것임. 또한, 축적된 고해상도 데이터는 미국(DBO), 일본(ArCS II) 등 선도국과의 국제협
력 및 전 지구적 기후 예측 모델의 정밀도 향상에 기여하게 될 것임. 정책적으로는 CAOFA
과학협력회의에 제출되어 한국의 과학적 기여도를 입증하고 수산물 어획 할당량 배분 시 유
리한 근거를 가져옴. 사회적으로는 미디어 홍보를 통해 대중의 기후 위기 인식을 제고하고,
홋카이도 대학 등과의 기술 교류를 통해 습득한 노하우를 후속 세대에게 전수하여 차세대 해
양 과학 전문 인력을 양성하는 동력이 될 것임.

목 차

제 1 장 서론

- 1절. 연구 목적
- 2절. 연구 필요성

제 2 장 국내외 기술개발 현황

- 1절. 국내 기술개발 현황
- 2절. 국외 기술개발 현황

제 3 장 연구개발수행 내용 및 결과

- 1절. Multi-Net 장비 시스템 세팅 및 아라온호 시스템과 호환·적용
- 2절. Multi-Net 활용 북극해 동물플랑크톤 선진화 연구
- 3절. eDNA활용 북극해 동물플랑크톤 선진화 연구

제 4 장 연구개발목표 달성도 및 대외기여도

- 1절. 연구개발 목표 달성도
- 2절. 본 연구의 기존 연구 대비 효과
- 3절. 대외기여도

제 5 장 연구개발결과의 활용계획

- 1절. 과학적·기술적 활용 방안
- 2절. 정책적·전략적 활용 방안
- 3절. 경제적·산업적 활용 방안
- 4절. 사회적 기여, 성과 확산 및 후속 연구 추진계획

제 6 장 연구개발과정에서 수집한 해외과학기술정보

제 7 장 참고문헌

제 1장 서론

1절. 연구 목적

본 연구의 핵심 목적은 Multi-Net 및 eDNA(환경 DNA) 기술을 도입하여 북극해 동물플랑크톤의 종 구성과 군집 구조 분석 체계를 국제적 수준으로 선진화하는 것이다. 기존 단일 네트 채집 방식의 시간적·공간적 한계를 극복하고, 수직·수평 구간별 정밀 채집(Multi-Net)과 유전 정보 분석(eDNA)을 병행함으로써 북극 동물플랑크톤 종 다양성, 군집구조, 그리고 해양생태계의 구조적 변화를 정밀하게 진단하고자 한다.

2절. 연구 필요성

1. 기술적 측면: 기존 관측 한계 극복 및 고해상도 데이터 확보의 시급성

북극 해양생태계 연구에서 중요한 핵심은 급격한 환경 변화에 따른 생물 군집의 반응을 정밀하게 포착하는 데 있다 (Bucklin et al., 2016; Wassmann et al., 2015; Overland et al., 2019). 그러나 그간 북극 동물플랑크톤 연구는 주로 봉고네트(Bongo Net)를 활용한 수직 인양 방식에 의존해 왔으며, 이는 특정 수심 구간(예: 수심 200 m 이내)의 제한된 정보만을 제공할 뿐, 수직적 층위별 미세 구조나 수괴별 군집 특성을 충분히 파악하는 데 한계가 있었다 (Ashjian et al., 2003; Hopcroft et al., 2010).

특히 북극해 동물플랑크톤의 분포는 수온약층, 염분 구조, 수괴(water mass) 등 물리적 환경과 밀접하게 연관되어 있으나, 기존의 단일 네트 기반 관측 체계로는 이러한 수직적 이질성을 정량적으로 반영하기 어렵다는 점이 반복적으로 지적되어 왔다 (Blachowiak-Samolyk et al., 2008; Falk-Petersen et al., 2009). 이러한 한계는 수심별 분리 채집이 가능한 MOCNESS 및 MultiNet과 같은 다중 네트 시스템의 필요성을 뒷받침한다 (Sameoto et al., 2000; Wiebe et al., 2013).

따라서 독일 Hydro-Bios 사의 MultiNet과 같은 다중 플랑크톤 채집 장비를 도입하여 북극해 전 수심(최대 약 3,000 m)에 대한 구간별 정밀 채집 체계를 구축하는 것은 동물플랑크톤 수직 분포 정보 공백을 해소하기 위한 핵심 과제로 판단된다 (Kosobokova et al., 2011; Wiebe et al., 2013). 이를 통해 실제 생물 시료 채집과 함께, EK80 음향 관측 및 UVP 계열 이미지 센서 자료의 생물학적 해석 정확성을 상호 검증하는 입체 관측이 가능해진다 (Benoit-Bird & Lawson, 2016; Biard et al., 2016).

또한, 전통적인 형태 동정 방식으로는 식별이 어려운 알(Egg), 유생(Larvae), 그리고 채집 과정에서 손상되기 쉬운 젤라틴형 플랑크톤의 분포를 파악하기 위해 환경 DNA(eDNA) 분석 기법의 도입이 요구된다. eDNA 기반 접근법은 기존 채집 자료를 보완하는 수단으로서 해양 생물다양성 연구에서 빠르게 확산되고 있으며, 특히 초기 생활사 단계 생물 탐지에 효과적인 것으로 보고되고 있다 (Deiner et al., 2017; Stefanni et al., 2018). 이러한 관측·분석 기술의 고도화는 북극 연구 선도국들과의 데이터 비교 및 국제 공동연구 기반을 강화하는 데 기여할 수 있다.

2. 정책 및 경제·산업적 측면: CAOFA 대응 및 국가 자원 주권 강화

북극해는 단순 과학 연구의 장을 넘어 국가적 외교·자원·기후 주권이 걸린 전략적 요충지이다 (Hoel, 2021; Young, 2016). 2021년 발효된 ‘중앙 북극 공해 어업 방지 협정(CAOFA)’에 따라, 향후 북극 공해상에서 상업적 어업 활동을 중지하고, 수산물과 수산물의 먹이생물을 포함한 해양 생태계 및 환경에 대해 당사국 간 공동 과학조사를 수행해야 한다 (Tiller et al., 2019; Hoel, 2021). 이에 따라 미래 지속가능한 어업활동을 위한 쿼터제 실시 등의 수산 자원 배분 논의도 철저히 과학적 근거에 기반하여 이루어질 예정이다. 특히 매년 개최되는 CAOFA 과학협력회의(SCG)에서 한국 정부대표단이 주도적인 목소리를 내기 위해서는 북극 생태계의 수산자원과 함께 수산생물의 직접적인 먹이생물인 동물플랑크톤에 대한 신뢰도 있는 정보가 뒷받침되어야 한다.

본 연구를 통해 확보되는 신뢰도 높은 데이터는 지속가능한 국제 어업정책에 정보를 제공하고 미래 북극해 수산물 어획 할당량(Quota) 배분 시 유리한 과학적 근거가 될 수 있으며, 이는 국가 경제에 실질적인 혜택으로 이어질 수 있다. 또한, 해양생태계 정밀 연구는 새로운 생물 자원의 발굴과 생명공학 및 바이오산업 발전을 위한 원천 정보를 제공함으로써 미래 산업 경쟁력을 확보하는 데 기여할 것이다.

3. 과학적 측면: 기후 변화 지표자 연구 및 생태계 예측 모델 고도화

동물플랑크톤은 북극해 온난화와 해빙 감소 등 환경 변화에 즉각적으로 반응하는 해양생태계의 ‘지표자(Indicator)’이다 (Wassmann et al., 2011; Beaugrand et al., 2013). 최근 서북극해에서는 여름부터 가을까지 동물플랑크톤 군집의 변동성이 극심하게 나타나고 있으며, 이는 상위 영양 단계인 어류와 해양 포유류 등 먹이망의 변화에 직결되는 문제이다 (Ershova et al., 2015; Hunt et al., 2016). 미국(DBO, AMBON), 일본(ArCS II), 유럽(MOSAIC) 등 북극 연구 선진 프로그램들은 이미 다각적인 관측망을 구축하여 고해상도 데이터를 축적하고 있다. 연구 선진화는 이러한 국제 프로그램에 적극적으로 참여가 가능하게 하여 빅데이터가 필요한 북극해 해양생태계 변동과 이에 따른 수산물 증가 가능성과 같은 거대 질문에 대한 답을 찾는 연구에 기여할 수 있다.

또한 eDNA와 같이 넓은 해역을 포괄할 수 있는 생물학적 자료는 다국가 간 자료 통합이 가능하여 전 지구적 환경 변화 예측 모델의 정밀도를 향상시키는 데 활용될 수 있으며 (Deiner et al., 2017; Stat et al., 2017), 이는 북극 온난화의 생태계 반응 메커니즘을 규명하기 위한 핵심 기초 자료가 된다 (Bucklin et al., 2016; Crawford et al., 2021). 특히 미국, 유럽 등과 같은 공동 조사를 통한 대형 국제 연구 네트워크로 확장함으로써 한국의 과학적 기여도를 글로벌 수준으로 끌어올릴 수 있게 된다.

4. 사회·문화적 측면: 차세대 인력 양성 및 대중 인식 제고

북극 해양생태계의 변화는 글로벌 해양생태계와 인류의 삶에 영향을 미치므로 이를 연구하는 것은 전 지구적 관심사이다. 북극 해양생태계 연구는 단순한 지식 습득을 넘어 환경보

호와 지속 가능성을 강조하는 정책 개발과 대중 인식을 높이는 데 활용가능하며, .후속 세대의 해양과학 전문가를 양성하는 교육적 가치가 크다. 본 연구 과정에서 습득하는 Multi-Net 이나 eDNA(환경 DNA)와 같은 최신 장비, 정밀 기술 등은 국내 해양 과학계의 기술 수준을 한 단계 끌어올려 다국적 연구 경험과 미래 연구의 방향성을 제시할 수 있다.. 아울러 미디어 홍보 등을 통해 북극 온난화와 생태계 변화의 심각성을 알림으로써 대중의 기후 변화에 대한 인식을 제고하고, 환경보호를 위한 정책적 지지 기반을 마련하는 데 기여할 수 있다.

제 2 장 국내외 기술개발 현황

1절. 국내 기술개발 현황

지금까지의 북극해 동물플랑크톤 연구는 북극해 해양수산부 R&D “북극해 온난화-해양생태계 변화 감시 및 미래전망 연구” (2021-2025) 과제를 통해 전통적인 방식의 네트 채집 방식으로 이루어졌다. 북극해에 eDNA관련 과제는 전무하였으며, 북극해 R&D 과제에서 자료 및 시료를 확보하는 파일럿 연구를 수행한 바 있다.

2절. 국외 기술개발 현황

북극해 연구 선도국들은 기후 변화에 따른 해양 생태계의 구조적 변화를 파악하기 위해 장기 모니터링 체계 구축과 고해상도 관측 기술을 적극적으로 도입하고 있다. 특히 물리·화학적 환경 변화와 생물학적 반응 간의 상관관계를 규명하기 위해 다학제적 접근을 시도하고 있다.

1. 미국: 범기관적 장기 모니터링 및 데이터 공유 네트워크 구축

미국은 주로 다음의 세 가지 핵심 프로젝트를 통해 북극 해양 생태계 연구를 주도하고 있다.

- Distributed Biological Observatory (DBO): 북극 해양 조사를 수행하는 여러 국가가 동일한 정점에서 조사하고 데이터를 공유하는 국제적 네트워크이다. 이를 통해 북극 생태계의 장기적 변화를 모니터링하며, 플랑크톤 군집 및 생물 다양성 변화를 정밀하게 추적하고 있다.
- Arctic Marine Biodiversity Observing Network (AMBON): 북극의 생물다양성 데이터베이스를 구축하고 먹이망 구조를 연구하는 데 집중하며, 환경 DNA(eDNA)와 같은 첨단 분석 기법을 적극 활용하고 있다.
- Arctic Integrated Ecosystem Research Program (AIERP): 북극 생태계와 해양 자원 간의 상호작용을 연구하며, 기후 변화가 인류와 수산 자원에 미치는 영향을 통합적으로 분석한다.

2. 일본: 정밀 관측 장비 운용 및 국제 공동연구 협력

일본은 JAMSTEC과 홋카이도 대학교를 중심으로 북극 연구를 활발히 전개하고 있다.

- ArCS II (Arctic Challenge for Sustainability II): 북극 해양 환경 변화를 평가하고 생태계의 지속 가능한 관리 전략을 개발하는 데 주력하고 있다.
- 연구선 'Mirai' 및 신규 쇄빙선: 연구선 Mirai를 활용해 중·장기 데이터를 축적해 왔으며, 2026년 완공 예정인 신규 쇄빙연구선을 통해 다국가·다학제적 접근으로 북극 생태계와 기후 변화의 상호작용을 연구할 계획이다.
- 첨단 영상 분석 기술: 홋카이도 대학은 ZooScan(동물플랑크톤 영상 분석), FlowCam(미세 플랑크톤 분석), CPICS(현장 이미지 촬영 장치) 등 첨단 장비를 활용하여 생물의 크기, 형태, 분류 정보를 실시간으로 획득하고 2차 생산량 및 에너지 흐름을 분석하는 기술력을 보

유하고 있다.

3. 중국: 공격적인 인력·재원 투자를 통한 쇄빙선 기반 연구

중국은 제1, 2, 3 해양연구소를 중심으로 북극해 연구에 막대한 인력과 재원을 집중 투자하고 있다.

- CHINARE: 해양 플랑크톤과 생물 다양성 변화를 연구하며, 특히 북극해의 탄소 순환 데이터를 추적하는 데 강점을 보이고 있다.
- Green Arctic 프로젝트: 북극 생태계 보전과 생물 다양성 보호를 위한 연구를 수행한다.
- 쇄빙선 '쉐룽(Xuelong) 1, 2호' 활용: 최신 쇄빙선을 동원하여 해빙 변화와 해양 생태계 먹이망 구조의 변화를 지속적으로 모니터링하고 있다.

4. 유럽연합(EU): 대서양-북극해 연결성 연구 및 정책적 통합

유럽연합(EU)은 독일(AWI)과 노르웨이 등 북극권 국가들을 중심으로 대서양 북극해 연구를 주도하고 있다.

- MOSAiC 프로젝트: 쇄빙선이 해빙과 함께 표류하며 월동 연구를 수행하는 다국적 협력 프로젝트로, 4계절 내내 북극 해양 생태계가 어떻게 변하는지 관찰하고, 북극 온난화 예측 모델을 획기적으로 개선했다..
- Arctic PASSION: 산재된 북극 관측 데이터를 통합하여 정책 결정에 실질적으로 활용할 수 있는 체계를 구축하고 있다.

국제적 기술 트렌드: 전 세계적으로 전통적인 네트 채집 방식에서 벗어나 Multi-Net과 같은 수심별, 구간별 정밀 채집 장치와 eDNA 분석을 통한 메타바코딩 종 탐지 기법이 표준으로 자리 잡고 있다. 또한, 채집된 시료를 파괴하지 않고 분석하는 현미경 기반 종 동정 기술을 여전히 병행하면서도 이미지, 영상 데이터 획득 장비를 통해 데이터 공백을 보완하는 등 데이터의 신뢰도와 정확도를 높이는 것이 핵심 요소로 떠오르고 있다.

제 3 장 연구개발수행 내용 및 결과

1절. Multi-Net 장비 시스템 세팅 및 아라온호 시스템과 호환·적용

2025년 Multi-Net를 도입하여 센서 등 부속품들을 세팅하고, 아라온 시스템과 연구수행 목적에 맞게 세팅하고 북극해에서의 적용 검증을 수행하였다.

1. Multi-Net 제원과 활용

Multi-Net (이하, 멀티넷)은 연구소 장비비 예산에서 지원하여, 2024년 소내 기술지원회의 1억원 이상연구장비 도입안을 통과하고, 국가위 연구시설장비 예산심의를 통과하여 2025년을 인계 받았다. 도입한 멀티넷은 독일 Hydro-Bios 사의 MultiNet Midi 438130 제품으로 중형 플랑크톤 채집을 위한 사이즈의 다중 플랑크톤 채집장비이다(그림 1).

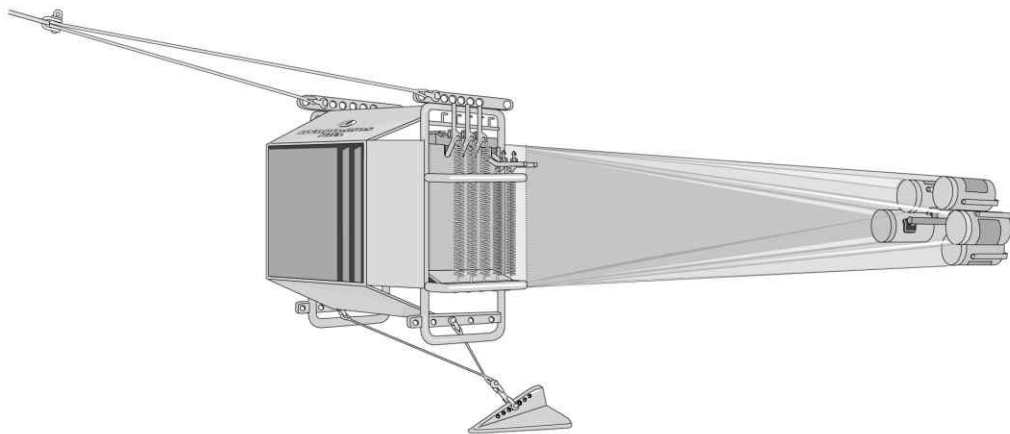


그림 1. MultiNet Midi, 438130 도안.

가. Multi-Net 제원

(1). Multiple Plankton Sampler MultiNet Type Midi #Hydro-Bios No. 438 130

- 1 Stainless steel Net Frame : mouth opening 50cmx50cm(= 1m²) with pressure capsuled Motor Unit and battery housing made of titanium integrated pressure sensor 0~3000 dbar, canvas part with zip fasteners
- 5 Net Bags of 250cm length with zip fastener, standard mesh size 300um
- 5 Plastic Net Buckets 11 cm dia., side window covered with sieve gauze
- 5 Soft Net Buckets (canvas) with boltrope for horizontal use,
- Stainless steel Net Bucket Holder
- 1 V-Fin Depth Depressor, 22 kg
- Stainless steel support
- 1 Deck Command Unit, mains powered (85 ~ 260 VAC)
- 2 Electronic Flow Meters

- 1 Windows based HYDRO-BIOS software OceanLab 3 for full system control

(2). Pitch and Roll Sensor #Hydro-Bios No. 438 161

- Channel Pitch: $+60^{\circ} \cdots -60^{\circ} \pm 1^{\circ}$,
- Channel Roll: $+60^{\circ} \cdots -60^{\circ} \pm 1^{\circ}$

(3). Spare Parts

- 2 Net Parts for MultiNet Type Midi, mesh size 150um #No. 438 133
- 1 Spare Canvas Part for MultiNet Type Midi #No. 438 137
- 1 Spare Plastic Net Bucket, #No. 438 150
- 2 Soft Net Buckets with bolt rope #No. 438 930
- 2 Fixing rings for Soft Net Bucket 11cm diam. #No. 438 935

(4). 1 Multi-net Cable Connector Set (국내 제작)

- Winch cable connector set for 3000M
- Deck Command connector set

나. Multi-Net 용도

- 중·소형 동물플랑크톤, 어류유생 등 대양에서 부유생활을 하는 중·소형 생물들의 종조성, 분포, 군집분석, 생태 연구 등을 수행하기 위하여 수직, 수평 등 구간별로 채집 하는 장비.
- 메쉬 네트가 여러개 있는 다중 플랑크톤 채집 장비로 선미에서 투하하여 견인되며, 그 해역에 서식하는 플랑크톤을 수심, 수평, 사선 등 구간별로 채집함.
- 플로우미터나 CTD 등 물리 센서들을 부착하여 해양환경 정보를 플랑크톤 채집과 동시에 관측함
- 환경요인 변화에 따라 달라지는 동물플랑크톤의 수평, 수직분포를 파악하기 위해 실제 생물을 물리적으로 채집함. 기존 사용중인 EK80 음향장비나, UVP6 등 에서 획득된 음향 및 이미지 데이터를 보완 증명하고 함께 연구 수행하는데 매우 유용하게 사용됨.

2. Multi-Net 장비 시스템 세팅

멀티넷은 연구 용도에 따라서 다양한 mesh size (네트 망 구멍의 크기)를 선택할수 있고 다양한 센서를 부착할 수 있다. 중형동물플랑크톤 연구수행을 위해서 150 μm 의 mesh 사이즈의 네트를 5개 장착하였으며, 수평채집 뿐 아니라 수직 채집도 가능하도록 하드버킷과 버킷 프레임 세팅하였다(그림 2). 또한 수심 3000m 까지 측정이 가능하도록 센서를 세팅하여 수압, 수량, 수온, 염도 등 다양한 환경데이터도 함께 획득할 수 있도록 했다(그림 3). 결정적으로 멀티넷과 같은 현장 장비는 아라온의 데이터 케이블과 연결하여 작동을 시켜야하는데 지금까지는 데이터케이블과의 호환문제 때문에 큰 어려움이 있었다(e.g. MOCNESS 의 경우에도 데이터케이블과의 연결문제로 10년간 아라온 현장에서 거의 사용을 하지 못했다.). 멀티넷과 아라온 데

이터 케이블과 깊은 수심에서 고압의 환경에 잘 연결될수 있도록 허브를 제작해서 연결하고, 데이터 케이블을 통해 아라운 CTD 실에서 실시간으로 작동시킬 수 있도록 조종 컴퓨터를 세팅하였다(그림 4). 예를들어 Ek80 등으로 플랑크톤의 깊이별 분포 상황을 보면서 실시간으로 네트를 순차적으로 열었다 닫았다 할 수 있도록 세팅하고 테스트하였다. 또한 들어온 환경데이터와 네트의 개폐 수심을 세팅할 수 있도록 멀티넷 소프트웨어 프로그램(Ocean Lab.)을 설치하여 데이터 확인, 데이터핸들링, 데이터 백업이 잘될 수 있도록 테스트하고 설정했다(그림 5).



그림 2. 멀티넷 현장사진(좌), 수집채집을 위해 세팅한 하드버킷 5개와 프레임(우).



그림 3. 수압 3000m 까지 견디는 압력계(좌)와 수온, 염분 등 센서 장착 모습(우).



그림 4. 아라온 데이터 케이블과 연결하는 허브(좌)와 데이터 케이블과 연결되어 있는 멀티넷 실시간 조종 장치(우).

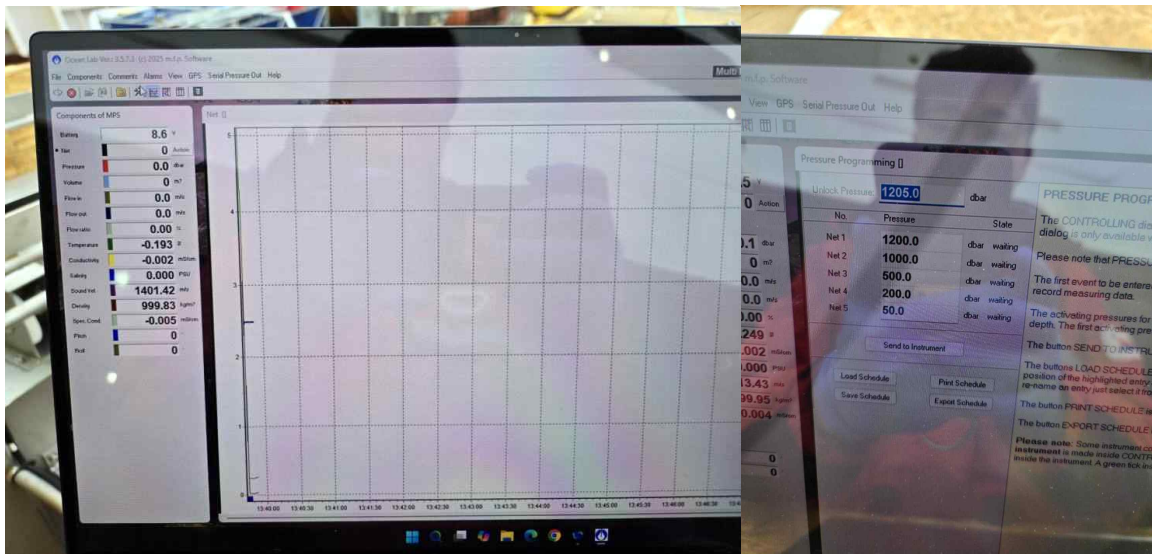


그림 5. 멀티넷 데이터 소프트웨어 Ocean Lab. (좌), 수압을 통한 자동 넷 개폐 수심 세팅 화면 (우).

2절. Multi-Net 활용 북극해 동물플랑크톤 선진화 연구

2025년 북극해에서 기존의 동물플랑크톤 봉고넷 수행과 함께 Multi-Net을 테스트하고 파 일럿 연구를 수행했다.

1. 중형동물플랑크톤 시료 채집

2025년 여름철 서북극해 동물플랑크톤 종조성과 군집구조를 이해하기 위하여 쇄빙선 아라온을 통해 채집을 실시하였다(그림 6). 330 μ m와 150 μ m의 중형동물플랑크톤 봉고넷을 이용하여 41개 정점에서 채집하였으며(그림7, 표 1), 봉고넷은 수심 200m까지 내려 분당 60m의 속도로 수직 인양하였다. 작업 수행 시 넷의 입구에 유속계(Flowmeter)를 부착하여 정량 분석을 위해 통과한 해수의 양을 계산할 수 있도록 하였다. 멀티넷은 해당 정점 중 수심이 500m 가 넘는 곳에서 수행하였으며 5개의 넷(150 μ m)로 수심대별로 채집하였다(그림 8, 표2). 유속계는 멀티넷에 2개가 포함되어있고 환경데이터와 함께 해당 정보를 받을 수 있었다. 이번 항차는 해빙 많아, 해빙과 해빙에서 떨어진 유빙이 많은 정점에서는 멀티넷을 수행하지 못하였고, 후속 조치로 멀티넷의 와이어와 가드를 강화하였다.

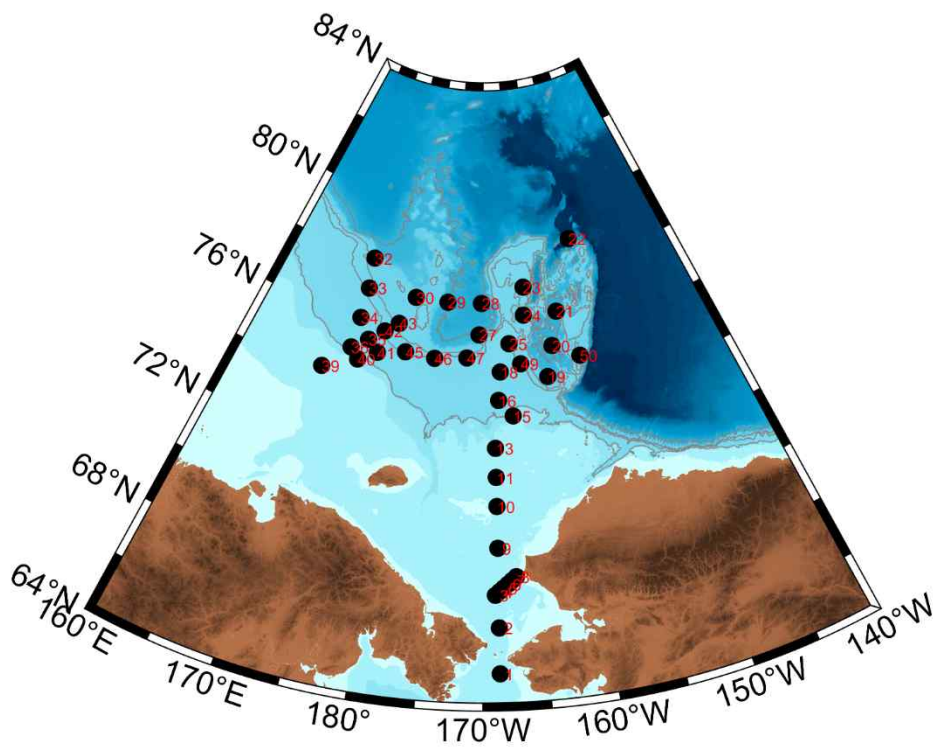


그림 6. 2025 북극해 ARA16A 동물플랑크톤 연구수행 정점.



그림 7. 북극해 동물플랑크톤 채집을 위한 150 μ m 네트(좌), 와 330 μ m 봉고네트(우) 수행 사진.



그림 8. 북극해 동물플랑크톤 수심별 채집을 위한 멀티넷 수행 사진.

표 1. 2025, ARA16A 150 μ m, 330 μ m 봉고네트 수행 정보

ARA16A		150 Net				330 Net	
Station	Date (Local)	Latitude	Longitude	Depth	Flow count	Depth	Flow count
1	2025.07.22	65.174	-168.691	45	271	45	293
2	2025.07.23	66.630	-168.687	40	238	40	274
3	2025.07.23	67.670	-168.959	45	127	45	309
4	2025.07.23	67.783	-168.603	45	208	45	252
5	2025.07.23	67.898	-168.235	50	158	50	225
6	2025.07.23	68.013	-167.867	45	282	45	321
7	2025.07.23	68.128	-167.495	40	172	40	165
8	2025.07.23	68.242	-167.122	38	277	38	282
9	2025.07.24	69.167	-168.667	47	150	47	163
10	2025.07.24	70.500	-168.667	35	137	35	136
11	2025.07.24	71.428	-168.671	45	140	45	153
13	2025.07.25	72.359	-168.678	50	206	50	257
15	2025.07.25	73.375	-166.613	65	160	65	221
16	2025.07.25	73.891	-168.198	165	525	165	540
18	2025.07.26	74.800	-167.893	190	798	190	628
19	2025.07.26	74.527	-162.192	200	710	200	871
20	2025.07.27	75.495	-161.147	200	635	200	721
21	2025.07.27	76.553	-159.882	200	915	200	1209
22	2025.08.02	78.747	-155.921	200	598	200	1263
23	2025.08.02	77.461	-164.110	200	1063	200	655
24	2025.08.03	76.568	-164.437	200	1125	200	1038
25	2025.08.03	75.692	-166.635	200	774	200	583
27	2025.08.04	75.993	-170.525	200	851	200	1075
28	2025.08.04	76.997	-170.231	200	1105	200	1258
29	2025.08.05	76.993	-174.996	200	1139	200	661
30	2025.08.05	77.022	-179.549	200	1017	200	874
32	2025.08.06	77.961	173.208	200	1072	200	1206
33	2025.08.07	76.992	173.616	200	1184	200	814
34	2025.08.07	76.015	173.605	200	1158	200	1267
35	2025.08.08	75.407	175.295	200	1273	200	2433
36	2025.08.08	75.023	173.431	135	627	135	771
39	2025.08.08	74.178	170.692	45	206	45	243
40	2025.08.09	74.702	174.582	65	236	65	348
41	2025.08.09	75.060	176.747	180	817	180	1179
42	2025.08.10	75.783	177.123	200	1104	200	1029
43	2025.08.10	76.111	178.756	200	601	200	660
45	2025.08.10	75.249	-179.808	200	647	200	1151
46	2025.08.11	75.168	-176.068	200	1043	200	1119
47	2025.08.11	75.244	-172.024	200	646	200	1299
49	2025.08.12	75.023	-165.326	200	986	200	1127
50	2025.08.14	75.030	-157.893	200	605	200	1140

표 2. 2025, ARA16A 멀티넷 수행 정보

ARA16A		Multi-Net	
Station	Date (Local)	Net	Depth
19	25.07.26	M1	1500
		M2	1000
		M3	500
		M4	200
		M5	50
22	25.08.02	M1	2500
		M2	1000
		M3	500
		M4	200
		M5	50
24	25.08.03	M1	505
		M2	500
		M3	200
		M4	50
		M5	0
30	25.08.05	M1	1300
		M2	1000
		M3	500
		M4	200
		M5	50
32	25.08.06	M1	1050
		M2	1000
		M3	500
		M4	200
		M5	50
47	25.08.11	M1	490
		M2	400
		M3	200
		M4	50
		M5	0
48	25.08.12	M1	2100
		M2	1000
		M3	500
		M4	200
		M5	50
49	25.08.12	M1	500
		M2	400
		M3	200
		M4	50
		M5	0
50	25.08.14	M1	1150
		M2	1000
		M3	500
		M4	200
		M5	50

2. 중형동물플랑크톤 시료 분석

채집된 시료는 선박 현장에서 바로 선내 실험실로 옮겨와 현미경으로 동정 및 종별 계수를 진행하고 중성 포르말린으로 고정하였다. 서브시료는 추후 다른 연구수행을 위해 에탄올로 고정하였다. 종의 동정은 대부분 종 수준으로 분류하였으나 구분이 어려운 유생이거나, 구분이 어려운 근연종이 혼재하여 출현하는 경우 일부 상위분류군으로 동정을 진행하였다. 중형동물플랑크톤의 단위 면적당 개체수는 유속계에서 측정된 유량과 현미경하에서 계수된 종별 개체수를 가지고 계산하여 측정하였다. 150 μ m 망목의 네트는 중소형 동물플랑크톤의 개체수를 정확히

측정하기 위하여 수행한 것으로, 500 μ m 이상 사이즈의 중대형 동물플랑크톤은 330 μ m 망목의 네트 시료에서 계수하였으며, 500 μ m 이하의 중소형 사이즈 동물플랑크톤은 150 μ m 망목의 네트시료에서 계수하여 동물플랑크톤의 사이즈별 적정 네트를 사용해 개체수를 파악하였다.

3. 해역별 중형동물플랑크톤의 우점도와 종조성 결과

2025년 여름철 서북극해 해역을 대상으로 진행된 현장조사 결과를 세부 지역(SCS: Southern Chukchi Sea, 남척치해; NCS: Northern Chukchi Sea, 북척치해; ESS: East Siberian Sea, 동시베리아해)에 따라 구분하여 비교 분석을 진행하였다. 그 결과, 동물플랑크톤의 평균 서식밀도는 385 ind. m⁻³이었다. 해역별로 보면 SCS해역의 평균 서식밀도는 806 ind. m⁻³, NCS 해역 평균은 131 ind. m⁻³, 그리고 ESS해역 평균은 218 ind. m⁻³로 나타나 SCS의 서식밀도가 상대적으로 높은 것으로 확인했고(그림 9) NCS보다는 ESS 해역에서 더 높은 생물량이 나타났다(그림 10) 또한 가장 우점하는 분류군은 요각류(Copepoda)였으며, SCS에서는 요각류 다음으로 저서생물의 유생으로 구성된 Plankton larvae가 많았다(그림 10).

2025년 여름 서북극해에서 조사된 동물플랑크톤의 해역별 우점 양상을 비교한 결과, 해역 간 총 개체수 및 종조성에서도 뚜렷한 차이가 나타났다(그림 11).

남척치해(SCS)에서는 전체 동물플랑크톤 개체수가 가장 높게 나타났으며, 특히 *Pseudocalanus* spp.가 압도적으로 우점하여 전체 개체수의 상당 부분을 차지하였다. 이와 함께 *Calanus glacialis*와 기타 동물플랑크톤(other zooplankton)도 비교적 높은 밀도로 출현하여, SCS 해역이 대형·중형 요각류 중심의 군집 구조를 보이는 것으로 나타났다.

북척치해(NCS)에서는 전체 개체수가 SCS에 비해 현저히 감소하였으며, 특정 분류군의 절대적 우점보다는 여러 분류군이 비교적 고르게 분포하는 경향을 보였다. *Calanus glacialis*와 기타 동물플랑크톤이 주요 구성 요소로 나타났으나, *Pseudocalanus* spp.의 비중은 SCS에 비해 크게 감소하였다. 이는 NCS 해역에는 태평양수 유입이 미치지 않아 전형적인 북극해 동물플랑크톤 군집 구조가 나타났음을 시사한다.

동시베리아해(ESS)에서는 총 개체수가 NCS와 유사하거나 다소 높은 수준을 보였으나, 우점 분류군 구성은 뚜렷이 달랐다. ESS 해역에서는 *Oithona similis*가 가장 높은 밀도로 출현하여 군집을 주도하였으며, 소형 요각류 중심의 군집 구조가 두드러졌다. 또한 *Limacina helicina*와 기타 동물플랑크톤의 상대적 기여도가 증가하여, SCS 및 NCS와는 상이한 생태적 특성을 나타냈다.

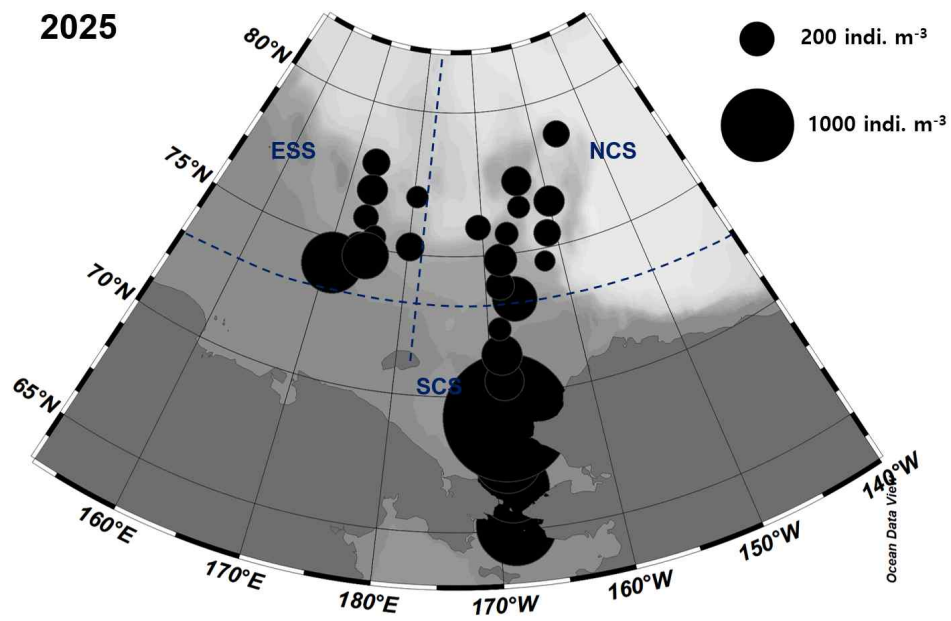


그림 9. 2025년 북극해 중형동물플랑크톤 Abundance (ind. m^{-3}). (SCS: Southern Chukchi Sea; NCS: Northern Chukchi Sea; ESS: East Siberian Sea)

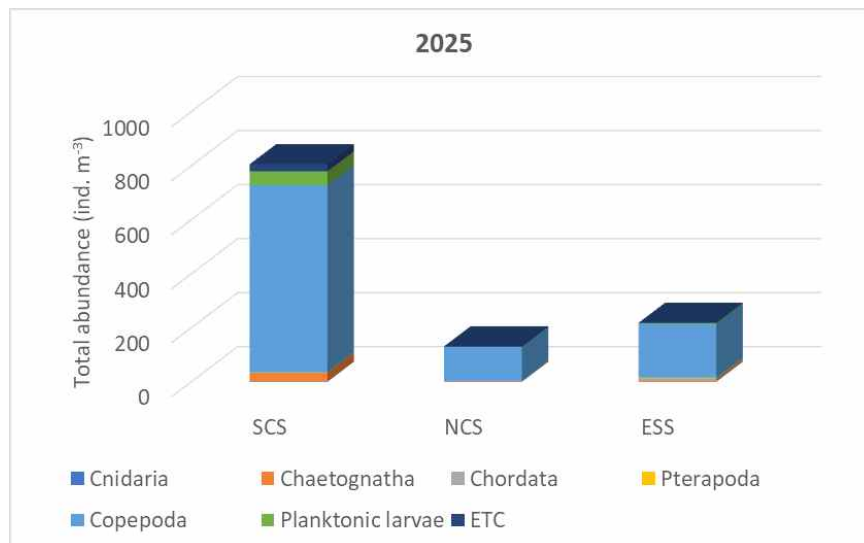


그림 10. 2025년 서북극해 해역별 동물플랑크톤 우점도 (분류군별)

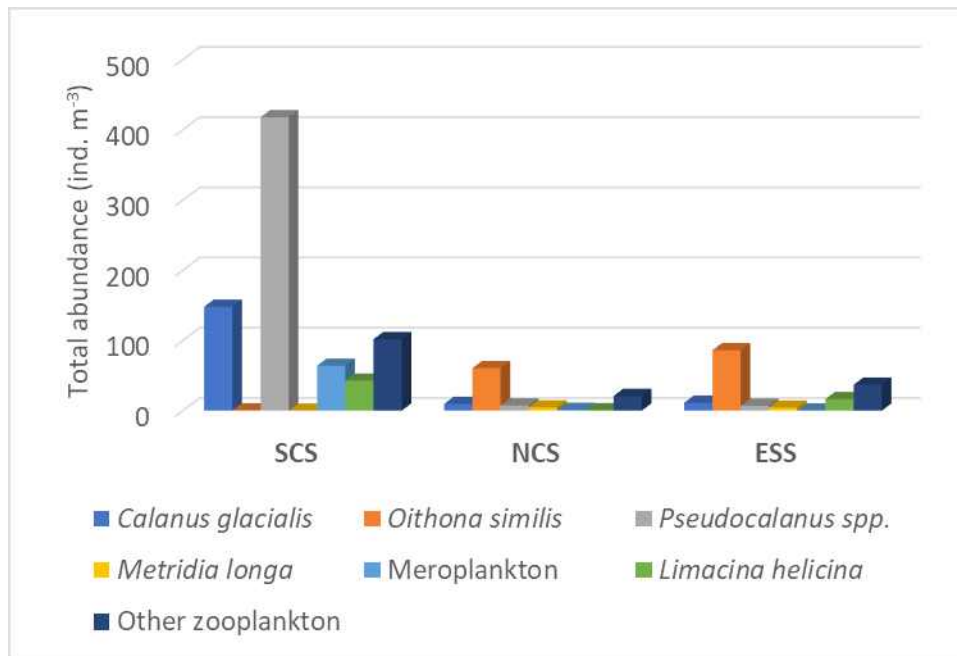


그림 11. 2025년 서북극해 해역별 동물플랑크톤 우점도 (종별)

4. 주요 중형동물플랑크톤의 수직분포 특성

멀티넷을 통해 동물플랑크톤의 수심별 채집 결과, 주요 동물플랑크톤 (*Calanus glacialis*, *Calanus hyperboreus*, *Metridia longa*)의 수직 분포(연직분포) 특성을 분석하였다 (그림 12).

가장 우점종인 *Calanus glacialis*는 주로 수심 20 m의 표층에 분포하였으며, 담수 영향이 강하고 밀도 구배가 가장 큰 수층에서 높은 출현을 보였다. 이는 표층의 식물플랑크톤 생산과 직접적으로 연관된 분포 특성으로 해석된다. *Calanus hyperboreus*는 상대적으로 더 깊은 수심인 30 - 55 m에 집중적으로 분포하였으며, 저온·고염 환경과 함께 subsurface chlorophyll maximum (SCM) 층과 연관된 분포 양상을 나타냈다. 반면 *Metridia longa*는 가장 넓은 수직 분포 범위를 보였다. 야간에는 표층·SCM층에 분포하였고, 주간에는 100 - 135 m 수심까지 하강하는 전형적인 일주연직이동(DVM) 패턴을 나타냈다. 본 DVM 패턴은 EK80에서의 음향 신호에서도 확인할 수 있으나, EK80의 특성상 어떤 동물플랑크톤이 DVM을 하는지 파악하기는 어려웠다. 수심별 채집된 샘플을 통해 종별 수심분포를 확인할 수 있게되어 이를 통해 여름철 서북극해의 우점하는 Calanoid 요각류 3종 안에서 *Metridia longa*가 DVM을 한다는 수직 분포/이동 특성을 확인 할 수 있었다 (그림 12, 13). DVM 이유로는 포식자 회피 가설, 먹이활동 등의 이유가 알려져 있으나 *Metridia longa*가 표층에서 하강시 AW 층에 주로 분포하는 것으로 보아 먹이와 수괴(water mass)의 영향을 받은 것으로 해석된다 (그림 13).

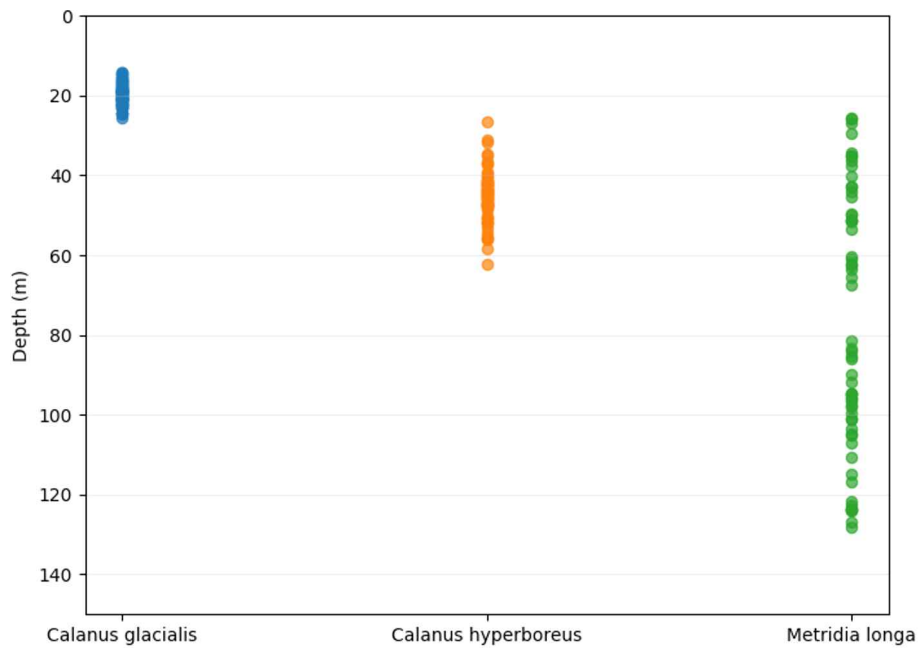


그림 12. 서북극해 동 동물플랑크톤 주요종(*Calanus glacialis*, *Calanus hyperboreus*, *Metridia longa*)의 수직 분포

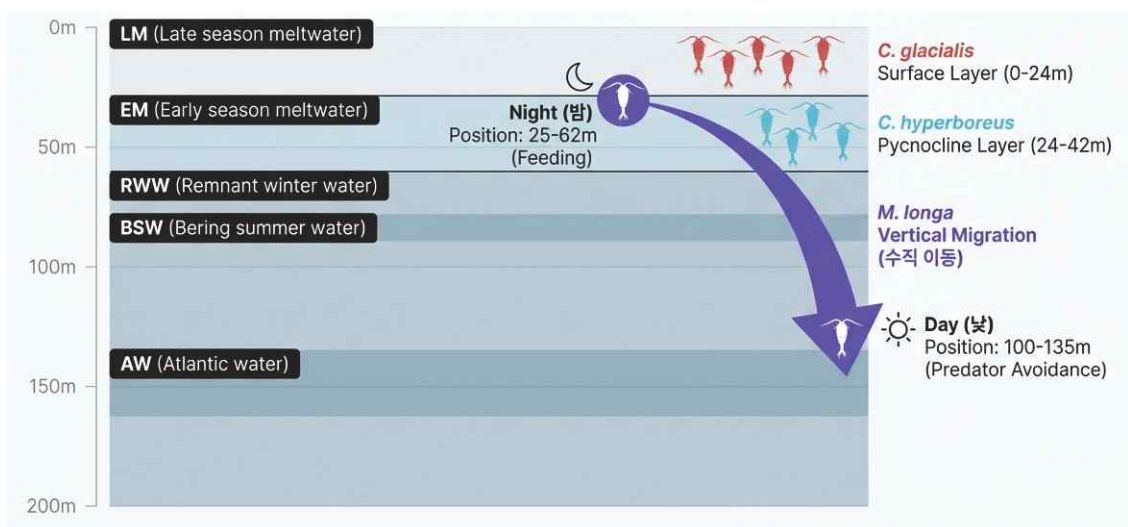


그림 13. 서북극해 동 동물플랑크톤 주요종(*Calanus glacialis*, *Calanus hyperboreus*, *Metridia longa*)의 수직 분포 특성 모식도

3절. eDNA활용 북극해 동물플랑크톤 선진화 연구

2025년 북극해에서 기존의 동물플랑크톤 봉고네트 수행과 함께 Multi-Net을 테스트하고 파 일럿 연구를 수행했다.

1. 환경 데이터 (eDNA)를 활용한 동물 군집 조사에 적합한 프라이머 탐색

종을 동정하기 위해서는 가장 형태적 분류를 수행할 수 있고 분자적 동정을 할 수 있다.

eDNA 기법은 DNA 바코딩 기술을 통해 메타바코딩(한 번에 여러종을 타겟팅)으로 진행하는데 물과 토양 등 환경시료에서 데이터를 얻는 방식이다. 분자동정을 위한 염좌를 선택하는 기준은 먼저, 동정에 사용할 생물이 속해있는 생물분류군(원핵생물 또는 무척추 동물 등)의 모든 개체가 다 가지고 있는 유전자. 둘째, 적당한 길이의 유전자이다 (너무 짧으면 의미가 없고 너무 길면 분석이 어려우므로 적당한 길이를 가져야 하는데 보통 1-2 kb 정도의 길이가 많이 사용된다.). 본 연구에서는 무척추동물 연구에서 가장 많이 사용하고있는 미토콘드리아의 COI 염좌를 타겟으로 연구를 수행하였다. COI 염좌의 유전자를 자르는데 다양한 프라이머가 개발되어왔는데 선행연구를 조사한바(표 3) COI 프라이머인 mlCOIintF-XT와 jgHCO2198을 선정하였다. 본 프라이머는 Leray et al. (2013)에 개발된 단편 COI 프라이머 (mlCOIintF/jgHCO2198)의 북극해 최근 연구에 적용된 변형 버전이다. 종별로 염좌에 변이가 조금씩 있는데 이 때문에 프라이머가 잘 안 붙어 안 잘라지기도 한다. 최근 사용된 프라이머는 본 연구 해역의 생물군에서 발견되었던 이러한 단점을 보완한 프라이머라고 할 수 있다.

표 3. COI 염좌에 사용되는 프라이머와 관련 정보

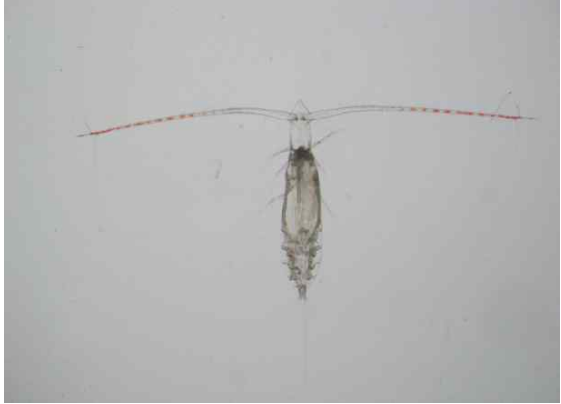
표적 염좌	표적 영역 (Fragment Size)	프라이머 이름	프라이머 서열 (5' → 3')	관련 연구 (발표 연도)
미토콘드리아 COI	~313 bp	mlCOIintF-XT (Forward)	GGWACWRGWTGRACWITI TAYCCYCC	Boyse et al. (2025), Verhaegen et al. (2025)
		jgHCO2198 (Reverse)	TAIACYTCIGGRTGICCRAAR AAYCA	
		mlCOIintF (Forward)	GGWACWGGWTGAACWGT WTAYCCYCC	
미토콘드리아 COI	313 bp	jgHCO2198 (Reverse)	TAIACYTCIGGRTGICCRAAR AAYCA	Questel et al. (2021), Sevellec et al. (2021)

2. eDNA 연구를 위한 Reference 시퀀스 확보 및 등록

확보한 종들의 시퀀스를 Gene Bank에서 매치해서 종을 판별하게되는데 Reference 시퀀스가 Gene Bank에 등록되어있지 않다면 해당종으로 판별되지 않고 가장 유사한 종으로 판별이 된다. 특히 극지 해역의 종들의 경우에는 비교적 분자적 연구가 활발하지 않아 Reference 시퀀스가 등록되지 않은 종들도 많다. 이에 eDNA 연구를 위하여 서북극해에서 출현하는 동물플랑크톤 중 이미지 사진과 함께 주요종에 대한 시퀀스를 확보하였다. 해당 시퀀스 들은 무척추동물에서 널리 DNA barcoding 용으로 사용하고 있는 미토콘드리아 COI 염좌에서 추출하여 DB를 구축하고 Gene Bank (NCBI)에 등록되지 않은 종은 등록하였다 (표 4).

표 4. 서북극해 주요 동물플랑크톤 리스트, 사진, 그리고 COI sequence 정보

종 명	COI sequence
<i>Calanus glacialis</i> 	GGTACTGGTTGAACTGTATACCCTCCCCTATCAAGTAATATTGCAC ATGCGGGGGCTTCTGTGGATTTTGCTATCTTCTCCCTGCACCTTAGC CGGAGTTAGCTCGATCTTGGGTGCTGTAAATTTTATTAGTACTTTG GGGAACCTTCGTGTGTTTGGTATACTTTTAGACCGTATGCCACTAT TTGCTTGGGCGGTACTCATTACCGCTGTCCTTCTCCTATTATCATT ACCCGTCCTAGCAGGAGCTATCACCATATTATTAAACAGATCGAAAC CTAAATACGACCTTCTATGACGTGGGGGGGGGAGATCCTATCTTA TACCAGCACCTATTTGATTCTTCGCCATCCCGAGGTCTA
<i>Calanus hyperboreus</i> 	GGAAGTGGTTGAACTGTTTACCCTCCGCTATCGAGAAATATTGCAC ATGCAAGGGGCATCCGTAGATTTTCGTATTTTCTCTTCATTGGC CGGGGTCAGATCAATTCTGGGGGCACTGAACCTTTATTAGAACACTG GGCAATTTGCGGGTATTTGGTATATTATTAGACCGAATGCCACTGT TTGCTTGAGCTGTTTAACTACTGCAGTCTTATTATTATTGTCACT ACCGGTATTAGCCGGGGCCATTACAATACTGTTAACCGATCGGAAT TTGAATACTTCATTCTATGATGTGGGCGGTGGTGGAGATCCTATTT TATACCAGCACTTGTTTTGATTTTGGCCACCCCGAAGTCTA
<i>Paraeuchaeta glacialis</i> 	TACTCTATATTTAATAGCTGGTGATGATCCGGTATAGTCGGAACG GGACTTAGAATAATTATTCGGTTAGAATTAGGCCAAGCAGGCTCTT TAATTGGTGATGATCAAATTTATAATGTTATTGTGACAGCTCATGC ATTTATTATAATTTTTTTATAGTTATACCTATTTCTTATTGGAGGG TTTGGTAATTGATTAGTGCCTTTAATATTAGGGGCTGCAGATATGG CTTCCCTCGTATAAATAATATAAGATTTTGATTCTTTATACCTGC CCTAATTATACTTTTATCTAGATCTTTGTAGAAAAGAGGGCTGGG ACAGGTGAACAGTATATCCTCCCTATCTAGAAAATATTGCGCATG CAGGAGGATCGGTAGATTTTGTATTTTCTTTACATTTAGCCGG AGTTAGATCTATTTAGGGGCTGTAAATTTTATTAGGACCTTAGGT AATTTACGAGTGTGGTATACTATTAGACCGAGTTCCTTTATTTG CGTGATCTGTATTAATCACGGCTGTCTCTTATTATTATCTTTACC TGTATTGGCCGGGCTATTACTATATTGTTGACAGACCGAAATTA AATACAACCTTTTATGATGTGGGGGGTG
<i>Metridia longa</i> 	TTGAGCTAGGCCAACCCGGCTCCCTAATTGGAGACGACCAAATCTA TAATGTTGTGCGTAACAGCCCATGCCTTTATTATAATTTTTTTATG GTAATACCTATCTTAATTGGAGGCTTTGGAACTGGCTGGTGCCCC TGATGTTAGGGGCTGCGGATATGGCATTCCCCGGTTAAATAATAT AAGGTTCTGATTCTTAGTCCCCGCTCTTATTCTCTGTAAACAAGG GCCTTGGTAGAAAGAGGGGCAGGAACAGGCTGAACGTTTATCCTC CCCTGGCCAGAAATGTGGCACACGCAGGAAGTTCTGTAGACTTTGC TATCTTCTCTTCACTTAGCAGGGGTCTCCTCAATCTTAGGGGCT ATTAACCTTTATTAGGACTCTGGGAAACCTTCGTGTCTTTGGCATAT TCCTAGATCGAATACCCCTGTTTCGATGAGCAGTCTTATTACAAC AATTTTACTT

<i>Eucalanus bungii</i> 	GGTACTGGTTGAACTGTTTATCCCCACTATCAAGAAATGTCGCC ACGCTGGAGCTTCAGTGGATTTTGCAATTTTCTCACTTCACCTGGC AGGTGTAAGATCCATTTTAGGCGCTGTCAATTTTATTAGGACGGTA GGAAATCTTCGAGTTTGGCATGCTTCTGGACCGGATACCTCTGT TTGCCTGAGCTGTCGTGATTACAGCGGTCTTACTTCTACTCTCCCT CCCTGTGCTAGCCGGAGCTATTACTATGCTACTCACTGACCGTAAC CTCAACACCTCCTTCTACGACGTAGGTGGTGGCGGGGATCCTATTT TATACCAGCACTTGTTTGGATTCTTTGGCCACCCGAGGTCTA
<i>Neocalanus cristatus</i> 	TTTAAGAATAATCATTTCGGCTAGAGCTCGGTGAGCGGGCTCATTA ATCGGTGATGATCAGATTATAATGTAGTAGTTACTGCTCACGCAT TTATCATAATTTTTTTATGGTATTACCTATTTTAATTGGAGGGTT TGGTAACCTGGCTAGTGCCACTAATTTGGGTGCGGCAGACATGGCA TTCCCCGTATAAATAATATAAGGTTCTGATTCTTGATACCAGCAT TAATTATACTATTATCTAGCTCTTAGTGGAAGTGGAGCAGGAAC CGGTGTAACGGGTACCCTCCCTATCTAGTAATATTGCTCATGCT GGCGGGTCTGTGGATTTGCTATTTCTCATTACATCTTGCGGGTG TGAGGTCTATTTAGGTGCTGTAAATTTATTAGAACCTTAGGAAA CTTGCGGGTATTTGGAATACTATTAGATCGGATACCTCTTTTGCC TGGGTGTAATTTACTGCGCTCTGCTACTATTATCTCTACCTG TATTAGCTGGGGCTATTACAATACTACTCACAGATCGTAACCTAAA TACCTCATTTATGATGTCGGGGGGGTGGAGATCCTATCTTATAC CAACACTTGTTT
<i>Thysanoessa longipes</i> 	GCATGAGCTGGTATAGKAGGAACCTCATTAAAGCTTATTATTCGAG CTGAATTAGGACAWCCAGGARGTCTTATTGGAGATGATCAAATTT ATAACGTAGTARTTACWGCACATGCTTTTGTGATAATTTTTTTAT AGTAATACCTATCATAATTGGAGGATTTGGTAATTGATTGGTTCCC CTTATATTAGGAGCCCCAGATATAGCATTTCCACGAATAAATAATA TGAGATTTTGACTTCTTCCCCCTTCACTAACCTTATTATTAGGAAG AGGACTTGTAAGAAAGAGGTGTAGGAACAGGATGGACAGTCTACCCT CCTTGTCAGCAGGTATTGCACATGCTGGAGCTTCACTGATATAG GAATTTTTCTCTCATATTGCAGGTGCTTCTTATTTTAGGAGC TGTAATTTTCACTACTACAGTTATTAATATACGATCAGCTGGAATT ACAATAGACCGAATCCCATTATTGTATGATCAGTTTTATTACGG CTATTTTACTTTTACTATCTCTGCCAGTTCTAGCTGGAGCTATTAC GATACTTTTAACAGATCGTAATTTAAATACATCTTTTTTGATCCT GCTGGAGGAGGAGACCCTAT
<i>Clione limacina</i> 	GCCTTTTCTGTTTGGATTGCAATAGAATTAGGATCTACTACCATCA TTCTAGGTTCTCCTCATTTATACAATGTACTGGTTACAGCCCATGC TTTTGTTATAATTTCTTCTTTGTAATGCCTGTTTAATTGGGGGG TTTGGAAATTGAATACTACCTCTATTAGTAGGTGCTGCTGATATGG CGTTCCCTCGCCTAAACAACATGAGATTCTGGTTTCTTCTCCTGC AATAATTCTATTGCTAGTATCTTCTTTAGTAGAGGGAGGAGTGGGT ACAGGTTGAACTGTTTACCCCCACTAAGATCGTTAGTAGGACATA ATAACCACTCTGTTGATCTAGCTATTTTCTTTACACTAGCTGG TATTAGGTCTATTTAGGTGCAGTAAATTTTATTACTACTATCTTA AATATACGAGCCCCGAGGTAGCTGAGAACGACTATCTATTTTG TGTGCTCTTTTGTGACAACAGTTCTTCTACTTTTATCTCTTCC TGTATTGGCAGGAGCTATCACTATACTCCTTACTGACCGTAATTC AATACAGGGTTCTTTGACCTGGGGCCGGTGGAGACCCTATTTTAT TTCAACATTATTT

<i>Limacina helicina</i> 	ACAACTATATAATGTAATTGTAACATCATGCATTAATTATAAATT TTCTTTTTTATTATACCAATAGTAATTGAAGGATTGGGAATTGAA TATTACCTTTATATTTAAACATCCCAGATATAATTTTCCTCGTTT AAATAACTTAAGTTTTTGATTGTTACCTTGTTTCATTCTTAATACTA GTAATTCATCTATAATAAGAATAGGCGCAGGATTAGGATGAACATA TATACCCACCATTANNAGTAATATAGGTCACATAACTCAAAGAG TAGATTTTTGTATTTTTTCATTACATTTAGCAGGTTTATCATCAAT TATTGGGGCAATCAACATAATTACAACAATTATAGTAAGACGTTCA AAAATAATAACACTATCTCGAATAAGATTATTTATGAAGAATAT TAATTACTTTAATTTTATTACTATCCTTACCTGTACTTGCAGG TGCTATCACAATACTATTACTAGATCGTAATTTTAACTACATTT TTTGATCCTGTAGGAGGAGGTGATCCA
<i>Themisto libellula</i> 	TGATCAGATTTATAATGTTATAGTGACAGGGCACGCTTTTATTATA ATTTTTTTTATAGTTATACCTATT ATAATTGGGGGTTTGGTAATTGACTTGTTCTTTAATGTTAGGGA GTGTAGATATAGCTTTTCCTCGTA TAAATAACATAAGGTTTTGATTATTAGTTCCTTCTTTTACTATT AGCTTTAAGTANAATAGTGAGAG AGGCGTAGGGGCTGTTGGACTTTATACCTCCTCTATCTTCTTCT ATAGGCCACAGAGGTTCTGCTGTT GATGTTGCTATTTTTCTTTACATTTAGCAGGTGTTTCTTCTATTTT AGGAGCTATTAATTTTATACTA CTATTTTAAATATACGAAGAAGAAGGTTTAAATATTTTATATAAG TCTATTTGTTGAGCTGTTTTAT CACAGCTATTTTGTACTATTATCGTTACCTGTATTAGCAGGGGGG ATTACTATACTTTTATTAGATCGG AATTTAAACACTTCTTTTTTAACCCTATGGGAGGAGGGG
<i>Gonatus fabricii</i> 	TTTGAGCAGGCCTGCTAGGGACCTCCCTAAGCCTAATAATTGCAAC TGAATTAGGGCAACCTGGCTCTTTACTAAACGACGATCAACTCTAT AATGTTGTAGTTACAGCCCATGGATTATCATAATTTTTTTCTAG TAATACCTATTATAATTGGTGGATTGGTAAGTACTGCTCCCTT AATATTAGGAGCCCGACATAGCTTTTCCTCGAATAAATAATATA AGATTTTGACTATTACCCCTTCTTAACACTATTGTTAGCTTCCT CAGCCGTTGAAAGAGGGGACAGGATGAACAGTGTACCCCCC TCTTTCCAGAAATTTATCTCATGCAGGTCTTCAGTTGACTTAGCC ATTTTTTCTCTACATTTAGCAGGTGTGCTTCTATTCTAGGGCCA TTAATTTCTACTACAATTTTAAATATACGATGAGAAGGATTACC AATAGAACGATTACCTCTCTTTGCTTGATCAGTRTTTATTACCGCA ATTTTATTACTTCTATCTCTCCCTGTTCTAGCCGAGCTATTACTA TATTATTAAGTATCGAAACTTTAATACAACCTTTTTTGACCCAAG GGGA

3. eDNA 통한 북극해 조사 연구 수행

북극해의 eDNA 연구를 위하여 2025 NOBOS 항차의 샘플을 구하여 분석을 진행하였다. NABOS 항차는 2025.08.19. 부터 2025.10.09.까지 미국 해양경비대 소속 힐리호에 승선하여 북극 동시베리아해 및 랍테브해에서 해양화학 분야와 생물 (eDNA) 현장 조사를 수행하였으며, 승선자 전미해 박사에게 샘플링을 요청하여 eDNA 분석용 해수 필터샘플을 확보하였다. 본 항차에서는 동시베리아해 및 랍테브해 44개 정점에서 CTD 작업, 해양장기계류 관측시스템 9기 회수, 해양장기계류 관측시스템 3기 재설치, 기상부이 및 ITP 설치, 해빙캠프 등을 수행 하였다(그림 14). CTD 작업 정점 중 21개 정점에서 eDNA 샘플링을 수행했고, 해당 정점

에서 동물플랑크톤 채집은 승선한 미국 연구팀에서 수행하였다(그림 15).

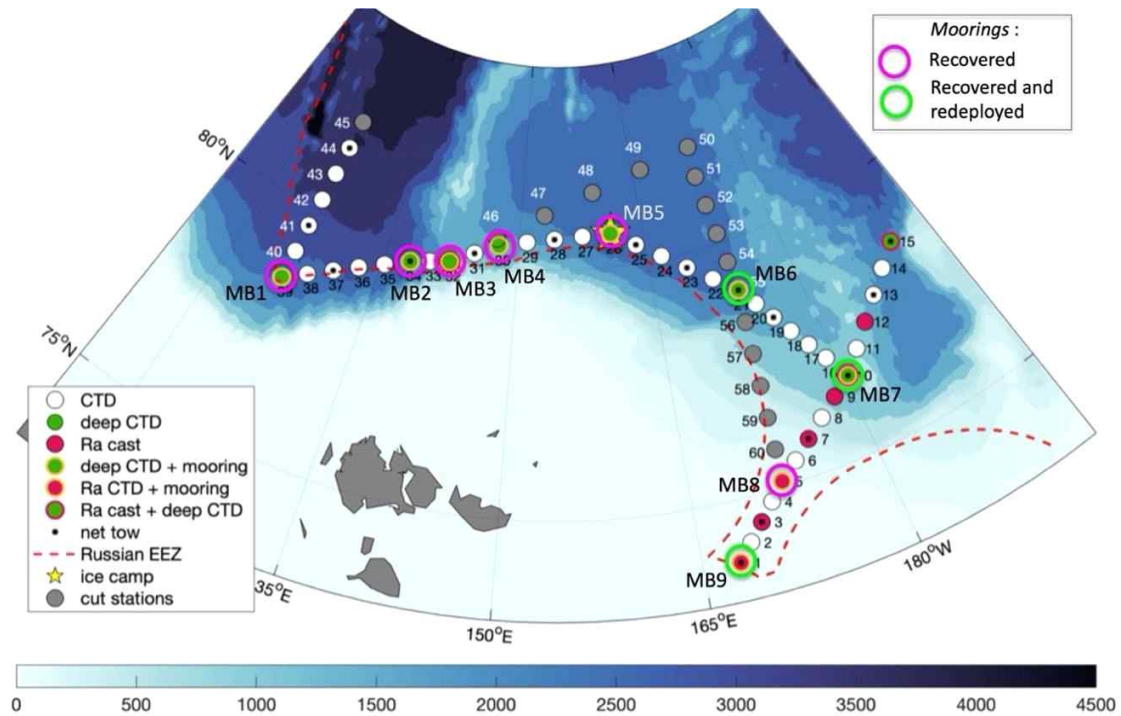


그림 14. 2025 NObOS 연구항차의 연구정점 지도

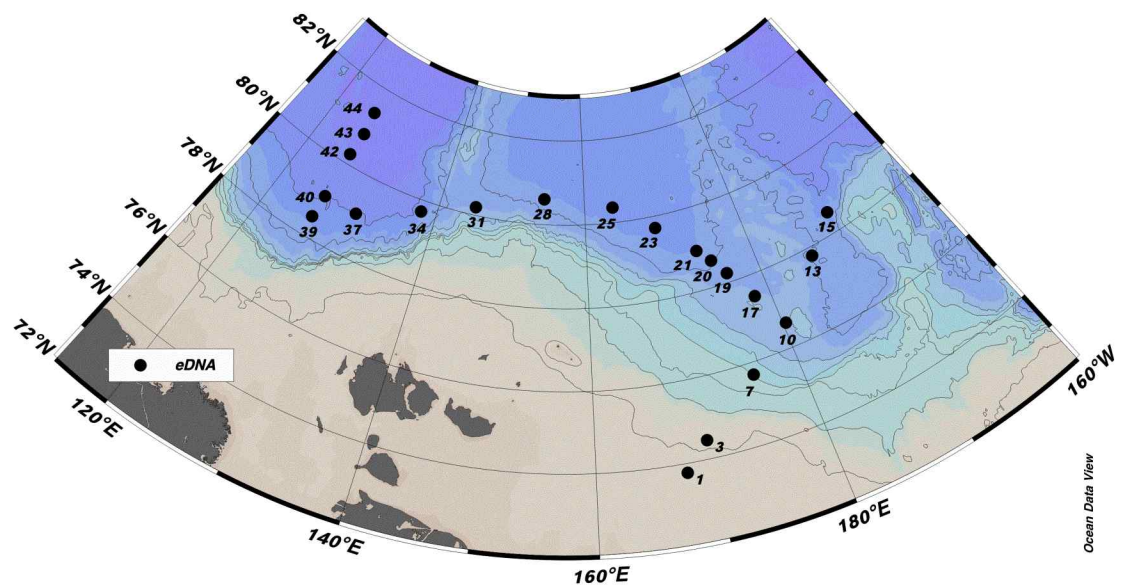


그림 15. 2025 NObOS 연구항차의 eDNA 시료 샘플링 정점 지도

가. eDNA 분석을 위한 해수 샘플링 방법

해수의 샘플링은 2명이 교대로 진행하기 때문에 에러를 최소화하기 위해 아래와 같이 매뉴얼화 하여 샘플링을 수행했다.

- ① 각 정점에서 CTD 니스킨 바틀에서 2.5L의 해수를 (미리 세척된) 4L 채집병에 직접 채취한다.
- ② 2L의 시료를 0.45μm 멤브레인 필터로 여과한다.
- ③ 각 정점에서 채취하기 전에 필터 세트를 증류수로 세척한다.
- ④ 여과 후, 멤브레인을 두 번 접어 미리 라벨한 극저온 보관용 바이알에 넣는다.
- ⑤ 라벨에는 ID, 정점, 수심, 여과량(예: NABOS2025, st1, surf, 2L)을 미리 기재한다.
- ⑥ 필터는 추가 처리 전까지 -20°C에서 보관한다.
- ⑦ 날짜, 시간, 정점 좌표, 수심, 여과량 등 모든 관련 메타데이터는 시료 추적 및 데이터 관리를 위해 Excel 파일에 기록한다.

나. gDNA 추출, 시퀀싱 분석 방법

시퀀싱 라이브러리는 표적 영역을 증폭하기 위해 Illumina Metagenomic Sequencing Library 프로토콜에 따라 준비하였다. gDNA 5 ng을 사용하여, 표적 F/R PCR 프라이머를 각각 500 nM 농도로 하고 TaKaRa Ex Taq HS DNA polymerase(Takara Bio, Shiga, Japan)를 이용해 PCR 증폭을 수행하였다. 1차 PCR의 사이클 조건은 95°C에서 10분간 열 활성화 후, 94°C 1분, 45°C 1분, 72°C 1분의 조건으로 35사이클을 수행하였으며, 이후 72°C에서 5분간 최종 신장 반응을 수행하였다. 1차 증폭에 사용된 프라이머 쌍은 Illumina adapter overhang 서열을 포함하고 있으며, mlCOLintF / jgHCO2198 프라이머를 이용하였다 (표 3).

1차 PCR 산물은 AMPure beads(Agencourt Bioscience, Beverly, MA)를 이용해 정제하였다. 정제 후, 1차 PCR 산물 10 μl를 사용하여 NexteraXT Indexed Primer를 포함한 최종 라이브러리 구축을 위한 2차 PCR을 수행하였다. 2차 PCR의 사이클 조건은 95°C에서 3분간 열 활성화 후, 95°C 30초, 55°C 30초, 72°C 30초의 조건으로 10사이클을 수행하였으며, 이후 72°C에서 5분간 최종 신장 반응을 진행하였다. PCR 산물은 AMPure beads를 이용해 다시 정제하였다. 최종 정제된 산물은 PicoGreen 시약을 사용하여 VICTOR Nivo™(Perkin Elmer)로 정량하였고, TapeStation D1000 ScreenTape(Agilent Technologies, Waldbronn, Germany)를 이용해 품질을 평가하였다. 라이브러리는 농도 보정을 통해 균등화한 후 혼합하였으며, qPCR Quantification Protocol Guide에 따라 qPCR을 이용해 정량하였다. 이후 MiSeq i100 플랫폼을 사용하여 시퀀싱을 수행하였다.

다. Metagenome 분석

Illumina paired-end amplicon reads는 QIIME 2(release 2024.2.0)를 사용하여 진행하였다. Reads는 Trimmomatic v0.39를 사용해 어댑터 서열과 낮은 품질의 염기를 제거하여 전처리하였으며(4 bp 기준 평균 Phred 품질 점수 ≥ 20 , 길이 ≥ 50 bp), 이후 분석에 사용하였다. Amplicon sequence variants(ASVs)는 QIIME 2 DADA2 플러그인 v1.36.0을 이용해 생성하

었고, truncation 파라미터로 --p-trunc-len-f 270 및 --p-trunc-len-r 210을 적용하였다. 키메라 시퀀스는 QIIME 2의 vsearch 기반 UCHIME 구현을 사용하여 제거하였으며, 병합된 서열 중 400 bp 미만인 서열은 제외하였다.

ASV의 분류학적 동정은 blastn v2.15.0+를 사용하여 수행하였고, -perc_identity 97, -qcov_hsp_perc 80, -evaluate 0.001, -max_target_seqs 1 옵션을 적용하여 NCBI RefSeq 16S 데이터베이스(RESCRIPT 플러그인을 이용해 2024년 5월 21일에 구축)를 대상으로 식별하였다.

Alpha 및 beta diversity은 QIIME 2 diversity 플러그인을 사용하여 계산하였고, Jaccard 및 Bray - Curtis 거리 행렬에 기반하여 주좌표분석(PCoA)을 수행하였다. UPGMA 계통수는 phangorn R 패키지 v2.12.1을 사용하여 구축하였다. 상대적 풍부도가 가장 높은 상위 30개 분류군 간 Pearson 및 Spearman 상관계수는 Hmisc R 패키지 v5.2.0을 사용하여 계산하였다. 네트워크 플롯은 qgraph R 패키지 v1.9.8을 사용하여 생성하였다. 기능적 프로파일(functional profiles)은 PICRUSt2 v2.6.2를 사용하여 기본 설정(default settings)으로 예측하였다.

라. eDNA 분석결과

COI 유전자를 이용한 eDNA 메타바코딩 분석 결과, 총 27개 문(phylum)에 속하는 631개 진핵생물 종이 검출되었다. 모든 시료에서 다수의 분류군이 동시에 출현하여, 조사 해역의 생물군집이 높은 분류학적 다양성을 보이는 것으로 나타났다 (그림 16).

문 수준에서 볼 때, 절지동물문(Arthropoda)이 모든 시료에서 가장 높은 상대적 풍부도를 차지하며 우점하는 경향을 보였다. 절지동물문은 시료 간 변동은 있으나 전반적으로 전체 군집의 상당 비율을 구성하여, 조사 해역 생태계에서 핵심적인 생물군임을 시사한다. 그 다음으로는 연체동물문(Mollusca)과 극피동물문(Echinodermata)이 주요 분류군으로 나타났으며, 일부 시료에서는 이들 분류군의 상대적 기여도가 크게 증가하였다.

척삭동물문(Chordata), 윤형동물문(Rotifera), 환형동물문(Annelida), 선형동물문(Nematoda) 등 동물플랑크톤 및 저서·중형 생물군에 해당하는 문들도 다수의 시료에서 안정적으로 검출되었다. 이는 본 분석이 특정 분류군에 편중되지 않고, 다양한 크기 및 생태적 지위를 가진 생물군을 폭넓게 포착하고 있음을 보여준다.

한편, 규조류문(Bacillariophyta), 녹조류문(Chlorophyta), 홍조류문(Rhodophyta), 스트렙토식물문(Streptophyta) 등 광합성 생물군 역시 일부 시료에서 의미 있는 상대적 풍부도를 나타내, 조사 해역에서 1차 생산자 군집이 동물군과 함께 공존하고 있음을 확인하였다. 또한 와편모충류(Haptista), 아피복플렉사(Apicomplexa), 유글레나류(Euglenozoa) 등 원생생물 그룹도 지속적으로 검출되어, 미소 진핵생물 군집의 다양성 또한 높은 것으로 나타났다.

시료 간 비교 결과, 전체적인 분류군 구성은 유사하나 각 문별 상대적 풍부도에는 뚜렷한 변동성이 관찰되었다. 이는 국지적인 환경 조건, 미소 서식처 차이 또는 생물군의 공간적 이질성이 eDNA 신호에 반영된 결과로 해석된다.

샘플 간 군집 구조의 차이를 평가하기 위해 Bray-Curtis(상대적 풍부도 기반)와 Jaccard(존재/부재 기반) 거리 지수를 이용한 주좌표분석(Principal Coordinates Analysis, PCoA)을 수행하였다 (그림 17). 그룹 A는 비교적 연안 해역의 수심의 낮은 정점1, 3번의 시료로 해양 생물의 군집은 수심의 큰 영향을 받기 때문에 그룹을 나누어 분석을 실시했다.

Bray - Curtis 거리 기반 PCoA 결과(그림 17, 좌), 제1축과 제2축은 각각 전체 변동의 20.67%와 16.45%를 나타냈다. 분석 결과, 샘플은 그룹 A와 그룹 B로 비교적 뚜렷하게 분리되는 경향을 보였으며, 특히 제2축을 따라 두 그룹 간 차이가 명확하게 나타났다. 이는 두 그룹 간 군집의 상대적 풍부도 차이가 주요한 분산 요인으로 작용하고 있음을 시사한다. 그룹 B는 샘플링 해역을 확인해본결과 나뉘어진 군집의 분포 특성은 해역적으로는 동서로 나뉘어 크게 서쪽의 동시베리아 군집, 그리고 동쪽의 적치해 군집으로 나뉘었고, 위도에 따라서 거리가 벌어져 총 4개의 군집으로 나뉠 수 있었다 (그림 18).

Jaccard 거리 기반 PCoA 결과(그림 17, 우)에서도 Bray - Curtis 결과와 유사하게 그룹 A와 B는 좌표 공간상에서 분리되는 패턴을 보였으며, 이는 두 그룹 간 종 조성(species composition)의 차이가 명확함을 의미한다. 특히 Jaccard 분석에서의 분리는 상대적 풍부도의 영향이 배제된 상태에서도 유지되어, 군집 차이가 단순한 우점종의 변화뿐 아니라 출현 종 자체의 차이에서 기인함을 보여준다.

종합하면, Bray - Curtis와 Jaccard 두 분석 방법 모두에서 그룹 간 분리가 일관된 경향이 관찰되었으며, 이는 조사 대상 샘플들이 해역별로 위도별로 상이한 생물군집 구조를 가진다는 점을 명확히 보여준다. 이러한 결과는 그룹 간 환경 조건 또는 생태적 요인의 차이가 진핵생물 군집의 구성과 풍부도 모두에 영향을 미쳤음을 시사한다.

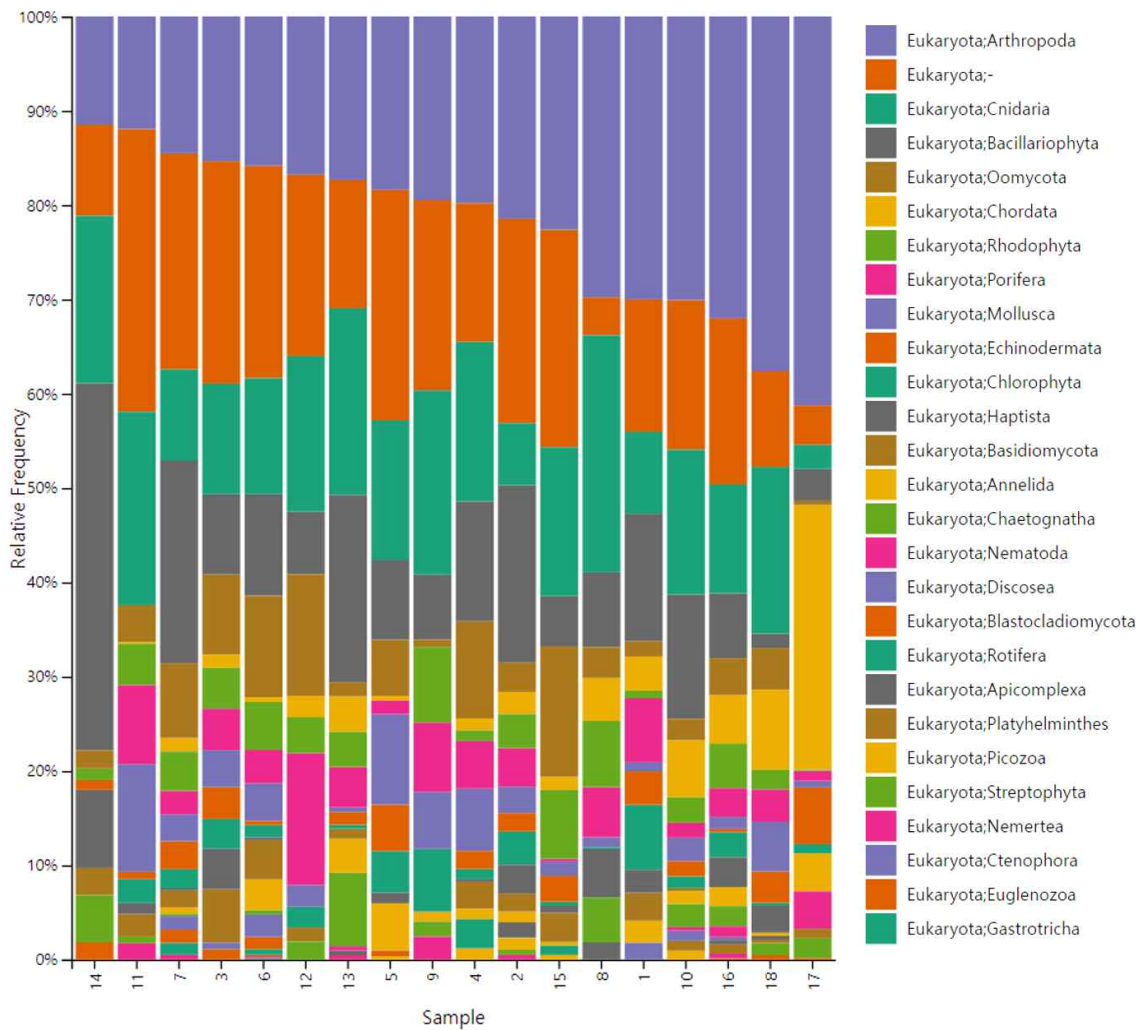


그림 16. eDNA 메타바코딩을 이용한 분류군(문 수준)의 상대적 풍부도 분석 결과. 27개 문, 631개 종(진핵생물, COI 유전자)이 검출됨.

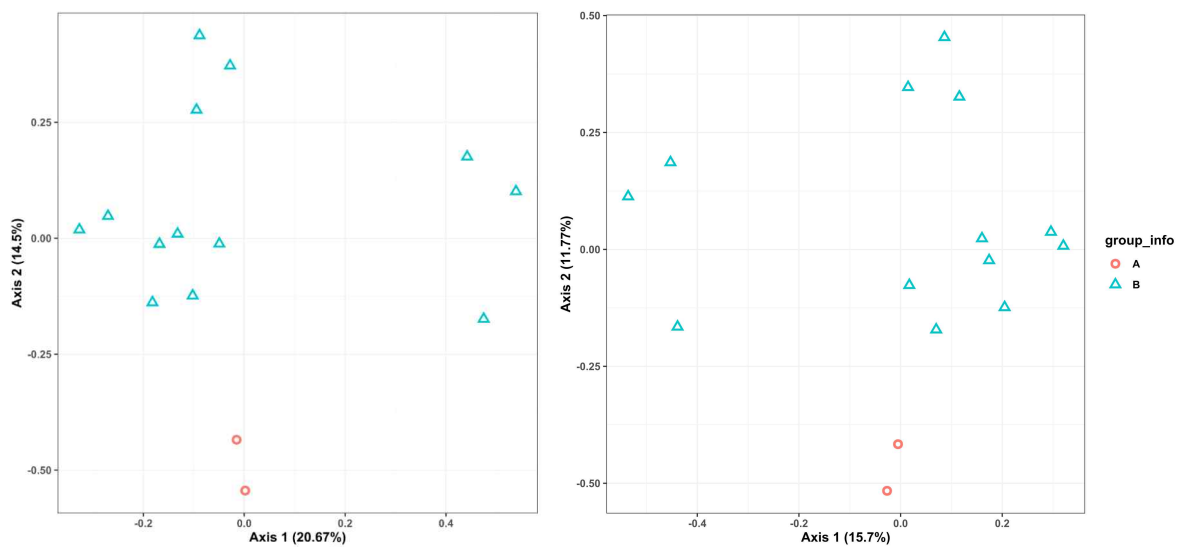


그림 17. Principal Coordinates Analysis(PCoA)의 결과로, Bray Curtis (좌), Jaccard(우) 방법을 통해 샘플간 거리를 이용한 군집간 거리(COI, NCBI)

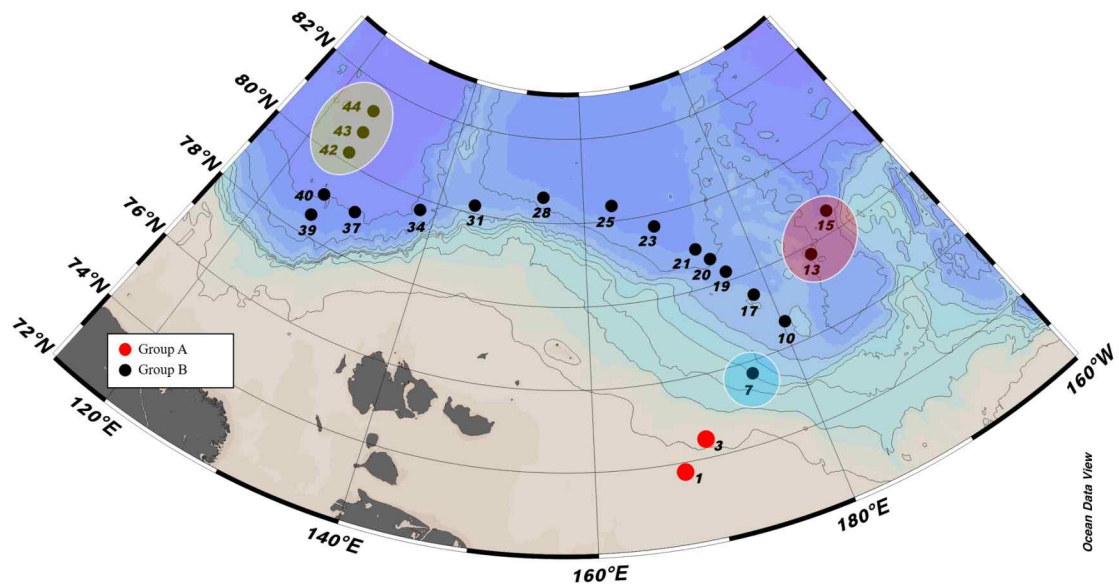


그림 18. PCoA의 결과 군집분포도. Group A 는 연안 군집, Group B는 외양 군집. 그룹 B는
해역별로 크게 4개의 군집으로 나눌 수 있음.

제 4 장 연구개발목표 달성도 및 대외기여도

1절. 연구개발 목표 달성도

본 연구의 개발 목표와 추진계획에 근거하여 해당 내용을 95% 이상 수행하였다.

구 분	연구 개발 목표	연구개발 내용 및 범위	달성도
1차년도 (2025)	○ MultiNet 활용 동물플랑크톤 수직 분포 선진화 연구	- 다중플랑크톤 채집기 (MultiNet Midi) 아라온에 적용 및 수심별 동물플랑크톤 채집, 수직분포 연구 수행	100%
		- UVP6, EK80 등 수심별 이미지 데이터, 음향 데이터 등과 공동연구 발굴 및 파일럿 연구 수행	75%
	○ eDNA 활용 동물플랑크톤을 포함한 해양생물 군집 조성 조사 선진화 연구	- 환경 데이터 (eDNA)를 활용한 동물 군집 조사에 적합한 프라이머 탐색	100%
		- eDNA 연구를 위해 Gene Bank(NCBI 등)에 Reference 시퀀스 등록	100%
		- 알, 유생, 연체동물 등 기존 연구공백을 eDNA 데이터를 통한 조사 연구 수행	100%
합계			95%

세부연구분야	월 단위 추진계획 (2025년 3월~2025년 12월)										수행여부
	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	
- eDNA 분석, 멀티넷 장비 구매 추진											100%
- 데이터핸들링, 장비 세팅											100%
- 학회참가 및 논문 작성											100%
- 보고서 작성											100%
합계											100%

2절. 본 연구의 기존 연구 대비 효과

구분	기존 연구 (봉고네트 등)	현재 연구 (Multi-Net, eDNA)	대비 효과 및 성과
채집 범위 및 정밀도	수직 인양 방식으로 수심 200m 이내 한정된 정보 제공,	수심 3,000m까지 구간별 정밀 채집 체계 확립,	수직 분포 정보의 공백 해소 및 심해 생물 시료 확보,
운용 기술	데이터 케이블 호환 문제로 다중 채집 장비 운용 제한,	전용 허브 제작을 통한 실시간 조종 및 자동 개폐 시스템 구축,	장비 운용의 기술적 난제 해결 및 실시간 관측 실현,
분석 대상	전통적 형태 동정에 의존하여 알, 유생, 젤라틴형 생물 저평가,	eDNA 메타바코딩 도입 (27개 문 631종 진핵생물 검출),	식별이 어려운 초기 생활사 및 손상되기 쉬운 생물종 탐지 정확도 제고 ,
데이터 활용성	음향·이미지 데이터의 생물학적 검증 근거 부족	실물 시료 기반 EK80 음향 및 UVP6 자료의 상호 검증 ,	생태계 진단의 정확성 및 신뢰도 향상 ,

기존의 봉고네트(Bongo Net) 방식이 수심 200m 이내의 한정된 정보만을 제공하여 수층별 미세 구조나 수괴별 군집 특성을 파악하는 데 한계가 있었던 것과 달리, 본 연구에서는 Multi-Net 시스템을 도입하여 수심 3,000m까지 구간별 정밀 채집 체계를 확립함으로써 수직 분포 정보의 공백을 완전히 해소하였다. 특히, 아라온호의 데이터 케이블 호환성 문제를 해결하기 위해 전용 허브를 직접 제작하여 실시간 조종 및 자동 네트 개폐 시스템을 구축함으로써, 기술적으로 불가능했던 심해 구간의 생물 시료 확보를 실현하였다. 이러한 수직분포에 대한 정밀 채집 성과는 기존 EK80 음향 장비에서 관찰되던 DVM 신호가 어떤 특정 생물종에 의한 것인지 파악하기 어려웠던 한계를 극복하게 해주었다. 즉, Multi-Net을 통해 확보된 실물 시료

데이터는 EK80 음향 및 UVP6 이미지 데이터의 생물학적 해석 정확성을 검증하는 결정적 근거가 되었으며, 이는 북극 해양생태계를 입체적으로 진단할 수 있는 선진화된 관측 체계를 구축했음을 의미한다.

3절. 대외기여도

1. CAOFA 국제 미팅, ESSAS 국제학술대회 참석 및 발표

가. CAOFA 미팅 참석 및 노르웨이 극지연구소(NPI)방문 연구협의

- 2025년 6월 1일부터 7일까지 노르웨이 트롬소에 방문하여 3일-5일 열린 중앙북극해공해상 비규제어업방지협정(CAOFA) 제4차 당사국총회에 정부대표단으로 참석하고, 북극생태계 수산연구 내용을 공유했다. 또한, 노르웨이 극지연구소(NPI)에 방문하여, 북극 해양생태계 연구내용 eDNA 연구동향, 연구 방법, 노하우 공유 및 지속적인 연구협력을 약속했다.

나. 국제극지학술대회 2025 ESSAS 참석 및 연구내용 발표

- 2025년 6월 24일-26일 일본 도쿄에서 열린 국제극지학술대회 ESSAS에서 북극해 생태계 파트 좌장을 맡고, 동물플랑크톤 연구 내용을 발표함. 동물플랑크톤 연구선진화를 위해 최신 연구동향을 파악하고, 특히 일본 홋카이도 대학과의 공동연구를 통해 북극해 동물플랑크톤 데이터 합성 연구를 발표하고 관련 연구 논문화 작업 논의 등 긴밀한 연구협력을 수행했다.

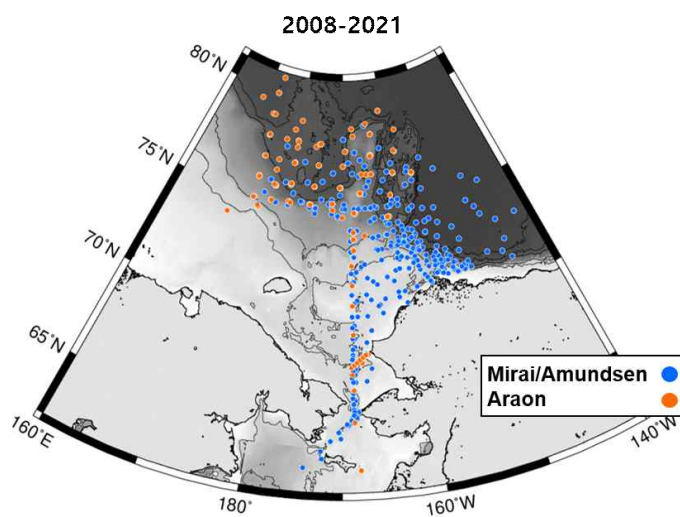
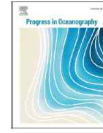


그림 19. 북극해 동물플랑크톤 한일 공동 데이터 통합
해역

2. 2025년 전반기 SCI(E) 저널에 국제 합성 논문 투고, 2026년 1월호 출간.

- 2008년부터 2021년까지 한국과 일본의 동물플랑크톤과 환경 데이터를 통합 분석하여 본 해역에서의 수산 먹이생물의 변동을 확인하고 관련 논문을 PiO 저널에 게재했다. Kim et al. 2026. *PROGRESS IN OCEANOGRAPHY* (I.F. 3.8; MrnIF 90% (2023)).



Synthesis of spatiotemporal variability in western Arctic zooplankton communities from summer to fall during 2008–2021

Jee-Hoon Kim^a, Yuya Hibino^b, Eun Jin Yang^a, Kyoung-Ho Cho^a, Hyoung Sul La^a,
Sung-Ho Kang^a, Jeong-Hyun Kim^a, Hyeju Yoo^a, Jong-Kuk Moon^a, Yoshiyuki Abe^c,
Nanami Hosoda^b, Atsushi Yamaguchi^{b,d}, Kohei Matsuno^{b,d,e}

^a Division of Ocean & Atmosphere Sciences, Korea Polar Research Institute, Incheon 21990, Republic of Korea

^b Faculty/Graduate School of Fisheries Sciences, Hokkaido University, 3-1-1 Minato-cho, Hakodate, Hokkaido 041-8611, Japan

^c Integrated URA Office, Hokkaido University, Sapporo, Hokkaido 001-0021, Japan

^d Arctic Research Center, Hokkaido University, Kita-21 Nishi-11 Kita-ku, Sapporo, Hokkaido 001-0021, Japan

^e Field Science Center for Northern Biosphere, Hokkaido University, 3-1-1, Minato-cho, Hakodate, Hokkaido 041-8611, Japan

그림 20. *PROGRESS IN OCEANOGRAPHY*에 게재된 Kim et al. 2026 논문

Acknowledgements

This research was supported by Korea Institute of Marine Science & Technology Promotion (KIMST) grant funded by the Ministry of Oceans and Fisheries (KIMST RS-2021-KS211500, Korea-Arctic Ocean Warming and Response of Ecosystem, KOPRI), the international cooperation program managed by the National Research Foundation of Korea (NRF-2023K2A9A2A08000241), and grants from the Korea Polar Research Institute (PE25300). This study was also funded by the Arctic Challenge for Sustainability (ArCS) (Program Grant Number JPMXD1300000000), the Arctic Challenge for Sustainability II (ArCS II) (Program Grant Number JPMXD1420318865) and the Arctic Challenge for Sustainability III (ArCS III; JPMXD1720251001) projects. This work was partially supported by the Japan Society for the Promotion of Science (JSPS) KAKENHI, Grant Numbers JP22H00374 (A), JP21H02263 (B), JP20K20573 (Pioneering), JP19H03037 (B), JP18K14506 (Early Career Scientists), JP17H01483 (A), and JSPS Bilateral Program Number JPJSBP120238801.

그림 21. 게재된 Kim et al. 2026 논문의 본 과제의 사사

3. 미디어 등 대중홍보를 통해 성과를 발표하고 대중의 관심과 인식 제고
 - 2025년 9월 16일 방송분 PD수첩_코드레드 기후의 청구서에 출연하여 북극해 기후변화로 동물의 북상을 인터뷰하고 방영되었다.
 - 관련 출간된 연구논문을 보도자료를 만들어 홍보했다.

제 5 장 연구개발결과의 활용계획

1절. 과학적·기술적 활용 방안

1. 북극 해양 생태계 감시 체계의 고도화

- 본 연구에서 도입한 Multi-Net 정밀 채집 시스템은 수심 3,000m까지의 구간별 시료 확보를 가능하게 하여 동물플랑크톤 수직 분포의 정보 공백을 해소하는 결과를 가져온다. 이를 통해 확보된 실물 시료 데이터는 UVP6 이미지 센서나 EK80 음향 장비 자료의 생물학적 해석 정확성을 검증하는 핵심 자료 및 근거가 된다. 때문에 앞으로 UVP6와 음향연구팀에 자료를 제공하여 다음 논문을 준비할 예정이다. 또한, eDNA 분석 기술은 전통적 네트 채집에서 손상되기 쉬운 젤라틴형 플랑크톤이나 식별이 어려운 알과 유생의 분포를 파악하는 데 기여하여 플랑크톤 군집의 정확한 데이터를 제공한다. 실제로 동물플랑크톤 군진에서 저평가되고 있는 생물들의 정보까지 포함하기 때문에 이러한 공백을 메꾸는 북극해 eDNA 논문을 작성중에 있다. 또한, 북극해 CAOFA 국제 공동 모니터링 표준에 eDNA 항목이 포함될 예정으로 본 연구에서 습득한 기술과 노하우를 활용해 매년 조사할 예정이다.

2. 국제 공동 연구 네트워크 강화 및 데이터 통합

- Multi-Net과 eDNA로 축적된 데이터는 미국(PAG, DBO), 일본(ArCS II), 독일(MOSAic) 등 북극 연구 선도국들과 공동연구를 계획하고 있다. 일본 홋카이도 대학팀과 데이터 합성 연구를 통해 논문을 게재했고, 2번째 후속 논문도 투고했다. PAG와 DBO에 적극적으로 참여하고 있으며 관련 데이터를 미국과 독일측과 공동연구를 위해 데이터 채집 방법부터 통일했다. 북극해의 넓은 해역의 데이터를 통합하여 CAOFA 관련 미래 북극수산물이 북상할 것인지 먹이생물도 증가해서 수산물이 증가할 것인지 SDM 모델을 통해 미래 분포 예측 연구를 논의중에 있다. 또한, 한국과 일본의 장기 데이터를 통합 분석한 논문은 북극 온난화에 따른 어류의 시공간적 변동 메커니즘을 규명, 예측하는 연구의 필수적인 자료로 수산 생태 모델 연구팀과 공동연구를 진행할 계획이다.

2절. 정책적·전략적 활용 방안

1. CAOFA 대응 및 수산 주권 수호

- 확보된 정밀 데이터는 중앙 북극 공해 어업 방지 협정(CAOFA) 과학협력회의(SCG)에서 요구하는 과학적 근거로 제출 될 것이다. 이는 향후 북극 공해상의 수산 자원 배분 및 어획 할당량(Quota) 협상에서 한국의 과학적 기여도를 입증하고 국가적 자원 주권을 강화하는 강력한 수단을 가져온다.

2. 기후 위기 대응 정책 수립 지원

- 동물플랑크톤의 북상 및 군집 구조 변화 데이터는 환경 변화의 선행 지표로서 국가 기후 변화 정책 수립에 정보를 제공하게 될 것이다. 이러한 과학적 자산은 한국이 북극 해양 환경 연구의 글로벌 허브로 자리 잡고 국제 협상 테이블에서 주도적인 목소리를 내는 기반이 될 것이다.

3절. 경제적·산업적 활용 방안

1. 신규 생물 자원 발굴 및 바이오산업 육성

- 연구 과정에서 발견된 북극해 특이 생물이나 미기록 종에 대한 정보는 해양 바이오산업의 원천 소재로 활용될 수 있다. 극한 환경에 적응한 생물의 유전적 특성을 활용한 신물질 개발은 미래 생명공학 분야에서 국가 산업 경쟁력을 제고하는 결과를 가져온다.

2. 지속 가능한 어업 및 해양 자원 관리

- eDNA 기술을 통해 수산 자원의 먹이망 구조를 실시간으로 감시함으로써 효율적인 어장 관리 정책을 지원하게 할 수 있다. 이는 국내 수산업의 경쟁력을 강화하고 북극해 환경 변화에 따른 미래 자원의 가치를 선제적으로 평가하는 기회를 가져온다.

4절. 사회적 기여, 성과 확산 및 후속 연구 추진계획

1. 대중의 기후 변화 인식 제고

- 미디어 홍보 및 신문 기사화 활동을 통해 북극 온난화의 심각성을 알리고 환경보호에 대한 대중적 공감대를 형성하게 될 것이다. 이는 정부의 극지 연구 정책에 대한 지지 기반을 강화하는 결과를 가져온다.

2. 차세대 해양과학 전문 인력 양성

- 일본 홋카이도 대학, 독일 AWI 등과의 기술 교류를 통해 습득한 채집 노하우, 종 분류 기술, 영상 분석 기술은 후속 세대 연구원들에게 전수 된다. 실제로 UST 박사과정 학생들도 현장 연수에 참여하였으며, 이러한 교육적 가치는 국내 해양 과학계의 기술적 수준을 국제적 수준으로 유지하고 미래 연구의 방향성을 제시하는 동력이 될 것이다.

3. 연구 성과 학회발표 및 홍보

- 2026년 3월 **CAOFA SCG** 국제미팅에서 대한민국 정부대표단으로 참석하여 다른 북극권 국가 정부대표단들에게 한국의 북극해 수산생물 및 먹이생물인 동물플랑크톤 연구 현황 및 성과를 발표할 때 본 연구 내용을 홍보할 예정이다. 또한, 덴마크에서 개최 예정인 **2026 ASSW** 북극해 연구 학회 참석 예정으로 관련 연구 내용을 발표하고 홍보 활용 예정이다.

4. 후속 연구 추진 계획

- 본 신진연구의 성과를 발판 삼아, 연구재단과제에 지원하고, 북극 해양생태계 변화에 대한 대응력을 국제적 수준으로 격상시키기 위한 후속 연구 로드맵을 다음과 같이 추진하고자 한다.

가. 북극 공해상 수산자원 주권 확보를 위한 조사 해역 확장

- 지리적 범위 확대: 이번 연구에서 데이터를 확보한 척치해, 동시베리아해, 랍테브해를 기점으로, 기후 온난화에 따른 생물종의 주요 북상 경로인 북극 중앙 해역(Central Arctic Ocean)으로 조사 범위를 확장할 계획이다.
- 과학적 근거 마련: 확장된 해역의 정밀 데이터를 축적함으로써 CAOFA(중앙 북극 공해 어업 방지 협정) 과학협력회의(SCG)에서 한국의 과학적 기여도를 입증하고, 향후 수산물

어획 할당량(Quota) 배분 시 유리한 위치를 점하기 위한 전략적 자산으로 활용할 예정이다.

나. 국제 협력 네트워크 다각화 및 데이터 표준화

- 협력 국가 및 기관 확대: 일본(미라이Ⅱ, 홋카이도 대학)과의 협력을 지속하는 동시에, 미국(PAG, DBO) 및 독일(AWI) 등 북극 연구 선도국들과의 파트너십을 강화할 예정이다.
- 관측 방법론의 통일: 북극 공해상의 다국적 공동연구 수행을 위해 미국, 독일 측과 데이터 채집 방법(Standard Operating Procedures)을 통일하여 분석 결과의 상호 호환성과 신뢰성을 확보할 것이다.

다. eDNA 기반 입체적 생태계 진단 및 예측 모델(SDM) 고도화

- 통합 모니터링 체계: 본 연구에서 검증된 mlCOIintF-XT 프라이머와 레퍼런스 시퀀스를 등록한 NCBI Gene Bank를 바탕으로 eDNA, 그리고 멀티넷(Multi-Net), 이미지(UVP6), 음향(EK80) 자료가 통합된 입체적 모니터링 시스템을 구축해 연구할 예정이다.
- 미래 분포 예측: 고해상도 eDNA 정보를 중심으로한 데이터를 바탕으로 환경 변화에 따른 주요 수산종 및 먹이생물의 시공간적 변동을 예측하는 종 분포 모델(Species Distribution Modeling, SDM) 연구를 수행하여 북극해 수산생물 복상 예측 정밀도 향상에 기여할 것이다.

제 6 장 연구개발과정에서 수집한 해외과학기술정보

홋카이도 대학 동물플랑크톤 연구실의 Kohei Matsuno 교수로부터 동물플랑크톤 연구 분석 기술을 배우고 아래 정보를 전수 받았다.

1. ZooScan, FlowCam

While scientist, students and staff from KOPRI were staying at Faculty of Fisheries Sciences of Hokkaido University, I provided a lecture regarding plankton imaging analysis in my laboratory. ZooScan is a powerful tool for imaging analysis of zooplankton. I explained measurement system of ZooScan with showing rough procedure of sample analysis. Additionally, I explained the useability of size associated with taxon information for discussing secondary production and energy flow to higher trophic levels.



FlowCam is a sophisticated machine for microplankton imaging analysis. I explained the machine system and showed whole procedure of sample analysis using the FlowCam. I collected water sample from Hakodate Bay, and concentrated with reverse filtration. The sample inserted into the FlowCam, and taken several handed images in 2-3 minutes. Then, I explained image sorting in the system for extracting data including size, shape parameters, color index and so on. I also exhibited *Karenia* (famous harmful algae) cells collected from Hakodate Bay, and explained how save the analysis time using the FlowCam in case of certain species dominant situation such as harmful algae bloom. This information will help making monitoring plan of phytoplankton including harmful species in the ocean.

2. CPICS

CPICS is cable to capture *in-situ* zooplankton images in ocean. In the lecture, I firstly explained the instruction system and operation protocol. From my field experiences, I suggest that suitable operation procedure, for example, surface towing is not recommended due to many bubbles rather than vertical or oblique tows. Towing speed and duration must be adjusted to ocean condition including zooplankton density and scientific objectives. Then, I showed zooplankton images taken from latest cruise in Hokkaido University, and explained what kind of parameters (distributed depth, size, temperature, salinity, oxygen concentration and fluorescence) are available by the tool. Before purchase these kinds of imaging machine, it is very important to know the useability (how clear and



resolution of the images) because it will help making a new scientific plan with high feasibility.

3. Zooplankton microscopic identification

Using Arctic zooplankton fixed samples, I taught species and development stage identification of copepods under dissecting microscopes. Species identification technique is basic but having high potential to extend scientific approaches. Once they can identify the specimen into species with each stage, it makes easier to access biological studies like life cycle, metabolic activity, behavioral ecology.



제 7 장 참고문헌

- Ashjian, C. J., Campbell, R. G., Welch, H. E., Butler, M., & Van Keuren, D. (2003). Annual cycle in abundance, distribution, and size in relation to hydrography of zooplankton in the western Arctic Ocean. *Deep-Sea Research Part I: Oceanographic Research Papers*, 50(10 - 11), 1235 - 1261.
- Beaugrand, G., Edwards, M., Raybaud, V., Goberville, E., & Kirby, R. R. (2013). Future vulnerability of marine biodiversity compared with contemporary and past changes. *Nature Climate Change*, 3(8), 737 - 743.
- Benoit-Bird, K. J., & Lawson, G. L. (2016). Ecological insights from pelagic habitats acquired using active acoustic techniques. *Annual Review of Marine Science*, 8, 463 - 490.
- Biard, T., Stemmann, L., Picheral, M., Mayot, N., Vandromme, P., Hauss, H., ... Gorsky, G. (2016). In situ imaging reveals the biomass of giant protists in the global ocean. *Nature*, 532(7600), 504 - 507.
- Blachowiak-Samolyk, K., Kwasniewski, S., Richardson, K., Dmoch, K., Hansen, E., Hop, H., ... Falk-Petersen, S. (2008). Arctic zooplankton do not perform diel vertical migration (DVM) during periods of midnight sun. *Marine Ecology Progress Series*, 357, 101 - 116.
- Bucklin, A., Lindeque, P. K., Rodriguez-Ezpeleta, N., Albaina, A., & Lehtiniemi, M. (2016). Metabarcoding of marine zooplankton: Prospects, progress and pitfalls. *Journal of Plankton Research*, 38(3), 393 - 400.
- Crawford, R. E., Muir, A. M., & Stewart, T. J. (2021). Applications of environmental DNA for marine ecosystem monitoring: A review. *ICES Journal of Marine Science*, 78(4), 1234 - 1247.
- Deiner, K., Bik, H. M., Mächler, E., Seymour, M., Lacoursière-Roussel, A., Altermatt, F., ... Bernatchez, L. (2017). Environmental DNA metabarcoding: Transforming how we survey animal and plant communities. *Molecular Ecology*, 26(21), 5872 - 5895.
- Ershova, E. A., Kosobokova, K. N., & Hopcroft, R. R. (2015). Seasonal dynamics and vertical distribution of mesozooplankton in the western Arctic Ocean. *Polar Biology*, 38(12), 1851 - 1874.
- Falk-Petersen, S., Mayzaud, P., Kattner, G., & Sargent, J. R. (2009). Lipids and life strategy of Arctic *Calanus*. *Marine Biology Research*, 5(1), 18 - 39.
- Hoel, A. H. (2021). The agreement to prevent unregulated high seas fisheries in the central Arctic Ocean: A science-based approach to fisheries governance. *Marine Policy*, 129, 104564.
- Hopcroft, R. R., Kosobokova, K. N., & Pinchuk, A. I. (2010). Zooplankton community

- patterns in the Chukchi Sea during summer 2004. *Deep-Sea Research Part II: Topical Studies in Oceanography*, 57(1 - 2), 27 - 39.
- Hunt, G. L., Jr., Coyle, K. O., Eisner, L. B., Farley, E. V., Heintz, R. A., Mueter, F., ... Stabeno, P. (2016). Climate change in the southeastern Bering Sea: Impacts on pollock stocks and implications for the oscillating control hypothesis. *Fisheries Oceanography*, 20(2), 139 - 156.
- Kim, J. H., Hibino, Y., Yang, E. J., Cho, K. H., La, H. S., Kang, S. H., ... Matsuno, K. (2025). Synthesis of spatiotemporal variability in western Arctic zooplankton communities from summer to fall during 2008 - 2021. *Progress in Oceanography*, 103634.
- Kosobokova, K. N., Hopcroft, R. R., & Hirche, H. J. (2011). Patterns of zooplankton diversity through the depths of the Arctic's central basins. *Marine Biodiversity*, 41(1), 29 - 50.
- Leray, M., Yang, J. Y., Meyer, C. P., Mills, S. C., Agudelo, N., Ranwez, V., ... Machida, R. J. (2013). A new versatile primer set targeting a short fragment of the mitochondrial COI region for metabarcoding metazoan diversity: Application for characterizing coral reef fish gut contents. *Frontiers in Zoology*, 10, 34.
- Overland, J. E., Wang, M., Walsh, J. E., & Stroeve, J. C. (2019). Future Arctic climate changes: Adaptation and mitigation time scales. *Earth's Future*, 7(1), 1 - 13.
- Sameoto, D., Wiebe, P., Runge, J., Postel, L., Dunn, J., Miller, C., & Coombs, S. (2000). Collecting zooplankton. In R. Harris et al. (Eds.), *ICES Zooplankton Methodology Manual*(pp. 55 - 81). Academic Press.
- Stat, M., Huggett, M. J., Bernasconi, R., Dibattista, J. D., Berry, T. E., Newman, S. J., ... Bunce, M. (2017). Ecosystem biomonitoring with eDNA: Metabarcoding across the tree of life in a tropical marine environment. *Scientific Reports*, 7, 12240.
- Stefanni, S., Stanković, D., Borme, D., de Olazabal, A., Juretić, T., Pallavicini, A., & Tirelli, V. (2018). Multi-marker metabarcoding approach to study mesozooplankton at basin scale. *Scientific Reports*, 8, 12085.
- Tiller, R., Nyman, E., Richardsen, R., & Eriksen, E. (2019). The central Arctic Ocean fisheries agreement: A science-based agreement for sustainable governance. *Ocean & Coastal Management*, 168, 51 - 59.
- Wassmann, P., Duarte, C. M., Agustí, S., & Sejr, M. K. (2011). Footprints of climate change in the Arctic marine ecosystem. *Global Change Biology*, 17(2), 1235 - 1249.
- Wiebe, P. H., Ashjian, C. J., Gallager, S. M., Davis, C. S., Lawson, G. L., & Copley, N. J. (2013). MOCNESS: Design, operation, and performance. *ICES Journal of Marine Science*, 70(3), 544 - 554.
- Young, O. R. (2016). The Arctic Council at twenty: How to remain effective in a rapidly

changing environment. *Global Environmental Politics*, 16(1), 117 - 124.

뒷 면

(국내 과제용)

주 의

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