

2020년도 시민과학폴씨 1기
최종 결과보고서

고리도롱뇽을 대상으로 한 도심 그룹과 산림
그룹간의 집단유전학적 비교연구
- 도시화에 의한 고리도롱뇽의 집단유전학적 변화 -

2020.12.

[한국야생동물유전자원은행]

전종윤·정대철(서울대학교 수의과대학원 수의생명과학전공)



재단법인 숲과나눔

동아사이언스

고리도롱뇽을 대상으로 한 도심 그룹과 산림 그룹간의 집단유전학적 비교연구

- 도시화에 의한 고리도롱뇽의 집단유전학적 변화 -

[한국야생동물유전자원은행]

전종윤·정대철(서울대학교 수의과대학원 수의생명과학전공)

1. 서론

도시화(Urbanization)는 야생동물의 서식지 이용 변화, 도로 건설에 의한 야생동물의 로드킬과 이에 따른 개체군의 감소(직접적인 영향; Riley et al., 2003; Ordeñana et al., 2010; Lewis et al., 2015)이나 야생동물의 서식지를 파편화 및 고립화시킴으로써 야생동물 개체군 사이의 이동을 제한(간접적인 영향; Hitchings and Beebee, 1997; McManus et al., 2015)시키는 등의 영향을 미치는 것으로 알려져 왔다. 이러한 이동의 제한은 유전적 교류의 감소로 이어져 시간이 지남에 따라 유전적 분화, 나아가서는 이소적 종분화로까지 나아가게 된다(Marsh et al., 2008; Peterman et al., 2013; McManus et al., 2015; Escoriza et al., 2016; Wilk et al., 2020). 이뿐만 아니라 파편화된 각 개체군 내에서 근친교배를 증가시켜 유전적 다양성 역시 낮추게 된다(Johansson et al., 2005; McManus et al., 2015). 이러한 도시화에 의해 야생동물들이 받는 영향은 오랜 기간 우려의 대상이었으나 현재까지 충분한 연구가 수행되지 못하였다. 이는 도시화를 주제로 한 야생동물 연구를 위해서는, 기초 생태 연구가 필연적으로 우선되어야 하는 탓에 연구 진행의 우선순위에서 밀렸고, 이와 같은 선행 기초연구가 완료된 종 자체가 적었기 때문으로 파악된다. 그러나 도시화에 의해 야생동물들이 받은 영향이 점차 나타나고 도시화에 대한 인식이 높아지면서 최근에는 이에 대한 연구가 활발해지고 있는 추세이다.

특히, Hitchings and Beebee, (1997), Yamane and Nishida, (2010) 등의 연구에서 도롱뇽을 포함한 양서류들의 유전적 다양성과 유전적 교류가 도시화에 의해 감소된 바 있다. 이러한 실제적인 도시화의 영향을 고려할 때, 급속한 도시개발계획을 받아왔으며 현재도 야생동물들의 자연 서식지가 도시 지역으로 개발되어 사라지고 있는 국내의 상황(Borzée et al., 2015)에 따라, 도시화 영향에 의한 국내 사례 연구가 시급한 상황이다.

이에 따라 고리도롱뇽(*Hynobius yangi*)을 통해 도시화에 따른 집단유전학적인 영향 여부와 그 정도를 확인해보고자 하였다. 고리도롱뇽은 한국고유종이자 멸종위기 2급 야생생물로서 부산, 양산, 울산 울주군 등 경남 일부 지역에만 제한적으로 서식하고 있어 높은 멸종 위협을 받고 있는 종이다. 더욱이 서식 지역에 대한 개발 압력이 매우 높은 상황이어서 점차 서식 범위가 줄어들고 있는 실정이다. 따라서 도시화가 이 종에 미치는 영향에 대한 파악이 더욱 절실하다고 볼 수 있다. 본 연구에서는, 기존 연구에서 개발된 미소부수체 유전자 지표(microsatellite marker)들을 활용하여 도심 지역 주변에 서식하는 개체군 그룹과 비도심 지역 주변에 서식하는 개체군 그룹 사이의 집단유전학적 차이를 확인하였다.

2. 본론

1) 연구 대상 및 지역

본 연구의 대상종인 고리도롱뇽(*Hynobius yangi*)은 환경부 지정 멸종위기 2급 야생생물이자 포

획 및 채취 금지 야생생물로, 가장 일반적으로 볼 수 있는 도롱뇽(*Hynobius leechii*)과 형태적으로는 확연히 구분되지 않으나(그림 1), 도롱뇽이나 제주도롱뇽에 비해 알 주머니가 더 작고 말려 있으며 서구개치열의 모양으로 구분할 수 있다 (Kim et al., 2003; Lee and Park, 2016). 형태적 특징보다는 유전적으로 뚜렷하게 나뉘는 잠재종이다 (Kim et al., 2003; Lee and Park, 2016). 또한, 서식 범위가 부산과 양산, 울산 일부 지역으로 한정 되어있는 한국고유종이고 (Kim et al., 2003; Lee and Park, 2016), 이 지역의 도시화 압력이 높아 지속적인 서식지 감소가 이루어지고 있다.



그림 1. 고리도롱뇽의 형태

연구 지역으로는, 둘러싸는 면적과 둘레가 서로 비슷하도록 도심을 둘러싸는 6개 집단 한 그룹(도심 그룹; 구글맵 기준 면적 57.42km², 둘레 33.49km)과 산림을 둘러싸는 6개 집단 한 그룹(산림 그룹; 구글맵 기준 면적 56.64km², 둘레 31.82km)을 각각 선정하였다. 멸종위기 2급 야생생물이기 때문에 정확한 주소지와 좌표는 관련 법상 공개할 수 없으나 도심 그룹은 부산광역시 금정구1(Pop 1), 부산광역시 금정구2(Pop 2), 부산광역시 부산진구(Pop 3), 부산광역시 해운대구(Pop 4), 부산광역시 금정구3(Pop 5), 부산광역시 연제구(Pop 6)의 6개 지점으로, 산림 그룹은 경남 양산시 명동(Pop 1), 울산 울주군 외광리(Pop 2), 울산 울주군 내광리(Pop 3), 부산 기장군 용수리(Pop 4), 부산 기장군 두명리(Pop 5), 부산 기장군 용소리(Pop 6)의 6개 지점으로 선정하였다. 각 그룹의 전체 시료수 뿐만 아니라 두 그룹 내 각 개체군의 분석 개체수 역시 8~20개로 두 그룹 사이에 서로 비슷하도록 선정하였다(표 1).

표 1. 도심 그룹과 산림 그룹의 분석 개체수

도심 그룹		산림 그룹	
개체군 명	분석 개체수	개체군 명	분석 개체수
Pop 1	13	Pop 1	18
Pop 2	8	Pop 2	8
Pop 3	19	Pop 3	13
Pop 4	20	Pop 4	20
Pop 5	18	Pop 5	17
Pop 6	17	Pop 6	20
전체	95	전체	96

연구에 활용된 유전자 시료는 다 년간의 고리도롱뇽 서식지 모니터링 사업을 통해 보관되어온 기존의 시료들을 활용하였으며, 이 시료들은 환경부의 멸종위기 야생생물 포획 허가를 받아 제한된 수만을 매년 채집하였다. 유전자 시료의 채집 이후에는 원래 위치에 즉시 방사하였다.

2) 연구 방법

DNA 추출은 DNeasy Blood & Tissue Kit (Qiagen, Hilden, Germany)의 프로토콜을 따랐고, 추출 후 Epoch Microplate Spectrophotometer(BioTek, Winooski, VT, USA)를 이용해 농도를 측정 한 뒤 10~20 ng/ul가 되도록 희석하였다. DNA 추출 후에는 실험 전까지 -20℃에서 보관하였다. 실험은 기존에 개발 되어있던(미발표 데이터) 14개 미소부수체 표지자(microsatellite marker)를 활용하여 수행되었으며 실험 이후 미소부수체 유전형의 결정은 서울대학교 농생명공동기기원의 ABI 3730 XL을 이용하였다.

유전형 데이터가 확보된 이후, 도심 그룹과 산림 그룹 각각에 대하여 분석을 진행하고 비교하였다. 먼저 Arlequin 3.5.2.2 (Excoffier and Lischer, 2010)프로그램을 통해 개체군의 기본적인 유전적 다양성을 이형접합자 빈도의 기대치(expected heterozygosity; H_E)로 파악하였고, 각 개체군내 근친교배 계수(F_{IS})와 각 그룹 내의 개체군 간 유전적인 거리를 나타내는 개체군 쌍별 유전적 분화도(F_{ST}), 전체 유전적 변이 중 개체군 간의 변이 비율을 파악하는 AMOVA(Analysis of Molecular Variance), 각 그룹 내의 개체군 간 이주개체수인 개체군 쌍별 이주개체수($2N_m$)를 계산하여 두 그룹간에 비교하였다. 그리고 개체군 쌍별 유전적 분화도가 지리적 거리와 상관관계를 보이는지 파악하기 위하여 GenAlEx 6.5.03 (Peakall and Smouse, 2006)을 이용한 Mantel test를 통해 유전적 거리와 지리적 거리 사이에 양의 상관관계('Isolation by distance')가 있는지 그 여부를 확인해보았다. 각 그룹 내 개체군 사이의 개체군 쌍별 최근이주율은 BayesAss 3.03 (Wilson and Rannala, 2003)을 이용하여 1000만 번의 베이지안 반복, 100만 번의 초기값 제거를 통해 계산하였다. 이후 R의 adegenet (Jombart, 2008)패키지를 이용한 DAPC (Discriminant Analysis of Principal Components; Jombart et al., 2010)로 각 그룹 내 집단 간의 집단유전학적 구조의 분화를 시각화하였다. 또한 MSA를 통해 유전적 거리(Nei's chord distance; Nei et al., 1983)를 부트스트랩(Bootstrap) 방식으로 1000회 반복한 뒤, BARRIER 2.2 (Manni et al., 2004)프로그램을 이용해서 유전적 거리(genetic distance) 기반의 집단 간 genetic barrier의 유의성 수준으로 분절 정도를 확인하였다. 끝으로 Geneland (Guillot et al., 2005)프로그램에서 100만 번의 베이지안 반복, 10회의 시행, 1000번 반복 당 1회의 결과 저장, 총 1000개의 결과 중 100개의 초기값을 제거하여 분석을 시행하였다. 이때 각 개체들의 이동거리에 대한 자유도는 각 그룹 내의 두 지리적 개체군 사

이 거리들 중 최대값의 절반을 부여하였다.

서식지 데이터는 YK-2001PHA (LUTRON ELCETRONIC ENTERPRISE CO., LTD., Taipei, Taiwan)를 이용하여 도심 그룹과 산림 그룹의 각 3개 개체군 서식지(도심 그룹: Pop 2, Pop 3, Pop 6; 산림 그룹: Pop 1, Pop 3, Pop 6)에서 측정하였다. 데이터의 편향을 피하기 위해 각 서식지 별로 3개의 서로 다른 지점에서 수온, 수중 산성도, 수중 산소량을 측정하였다. 시민과학자들과 함께 수집한 7~10월의 서식지 데이터(수온, 수중 산성도, 수중 산소량)는 R (R Core Team, 2013)을 활용한 등분산 가정 독립표본 t 테스트를 수행해 그룹 간에 비교하였다.

3) 연구 결과

먼저 집단별 H_E 의 경우 두 그룹 모두 각각 0.615 ~ 0.705(도심 그룹, 전체: 0.685), 0.624 ~ 0.700(산림 그룹, 전체: 0.680)으로 큰 차이가 나타나지 않았다 (표 2). F_{IS} 의 경우에도 도심 그룹이 0.143 ~ 0.242, 산림 그룹이 0.103 ~ 0.274로 큰 차이는 나지 않았으나 도심 그룹의 경우에서 대체적으로 좀 더 크게 나오는 경향성을 보였다 (표 2).

표 2. 도심 그룹(a)과 산림 그룹(b)의 유전적 다양성(H_E)과 근친교배 계수(F_{IS})

(a)	Pop	H_E (SD)	F_{IS}	(b)	Pop	H_E (SD)	F_{IS}
	1	0.705 (0.172)	0.196		1	0.649 (0.261)	0.151
	2	0.614 (0.268)	0.242		2	0.652 (0.213)	0.274
	3	0.630 (0.205)	0.223		3	0.624 (0.225)	0.125
	4	0.683 (0.140)	0.218		4	0.655 (0.197)	0.103
	5	0.689 (0.162)	0.143		5	0.676 (0.210)	0.138
	6	0.615 (0.216)	0.223		6	0.700 (0.204)	0.148
	전체	0.685 (0.170)			전체	0.680 (0.206)	

각 그룹 내 개체군 간의 유전자 분화의 수준인 개체군 쌍별 F_{ST} 의 경우에는 유의미한 값을 기준으로 산림 그룹이 0.021 ~ 0.036, 도심 그룹이 0.021 ~ 0.065였으며, 산림 그룹보다 도심 그룹에서, 유전적 분화의 유무를 판단하는 경험적 기준값인 0.05 이상의 값들이 많이 나타났다 (표 3).

표 3. 도심 그룹(a)과 산림 그룹(b)의 개체군 쌍별 F_{ST}

(a)

Pop	1	2	3	4	5	6
1		4.66	10.92	12.22	4.59	12.49
2	0.063		6.45	8.76	3.52	7.93
3	0.056	0.025 ^{NS}		9.23	9.27	4.72
4	0.030	0.059	0.039		7.75	5.28
5	0.017 ^{NS}	0.062	0.055	0.054		9.13
6	0.065	0.020 ^{NS}	0.021	0.058	0.062	

대각선 아래는 F_{ST} (NS: $p > 0.05$), 대각선 위는 지리적 거리를 나타냄

(b)

Pop	1	2	3	4	5	6
1		6.67	7.65	6.08	6.13	4.03
2	0.033		9.15	10.67	12.35	2.78
3	0.021	0.025 ^{NS}		4.34	8.04	8.58
4	0.030	0.021 ^{NS}	0.017 ^{NS}		3.76	8.95
5	0.036	0.056	0.031	0.027		10.00
6	0.035	0.033	0.035	0.036	0.021	

대각선 아래는 F_{ST} (NS: $p > 0.05$), 대각선 위는 지리적 거리를 나타냄

또한 각 그룹 내 개체군 사이의 개체군 쌍별 이주개체수 역시 산림 그룹에서 8.439 ~ 28.633(평균 17.365), 도심 그룹에서 7.157 ~ 29.768(평균 13.128)로 산림 그룹에서 개체군들 사이의 이주개체수가 더 높은 것으로 나타났다(표 4, 5).

표 4. 도심 그룹(a)과 산림 그룹(b)에서의 개체군 쌍별 이주개체수

(a)

Pop	1	2	3	4	5	6
1						
2	7.450					
3	8.470	19.534				
4	15.995	7.993	12.279			
5	29.768	7.563	8.634	8.780		
6	7.157	24.924	22.841	8.053	7.485	

(b)

Pop	1	2	3	4	5	6
1						
2	14.740					
3	22.883	19.198				
4	16.324	23.556	28.633			
5	13.502	8.439	15.589	18.067		
6	13.687	14.673	13.889	13.476	23.816	

그러나 개체군의 유전적 거리와 지리적 거리 사이에는 두 그룹 모두 p 값이 0.05 이상인 0.188, 0.235로 유의미한 양의 상관관계를 나타내지는 않았다. 다만 산림 그룹에서의 결정계수(R^2)가 0.0629로 도심 그룹의 결정계수 0.0311보다 약 2배 가량 높았다(그림 2).

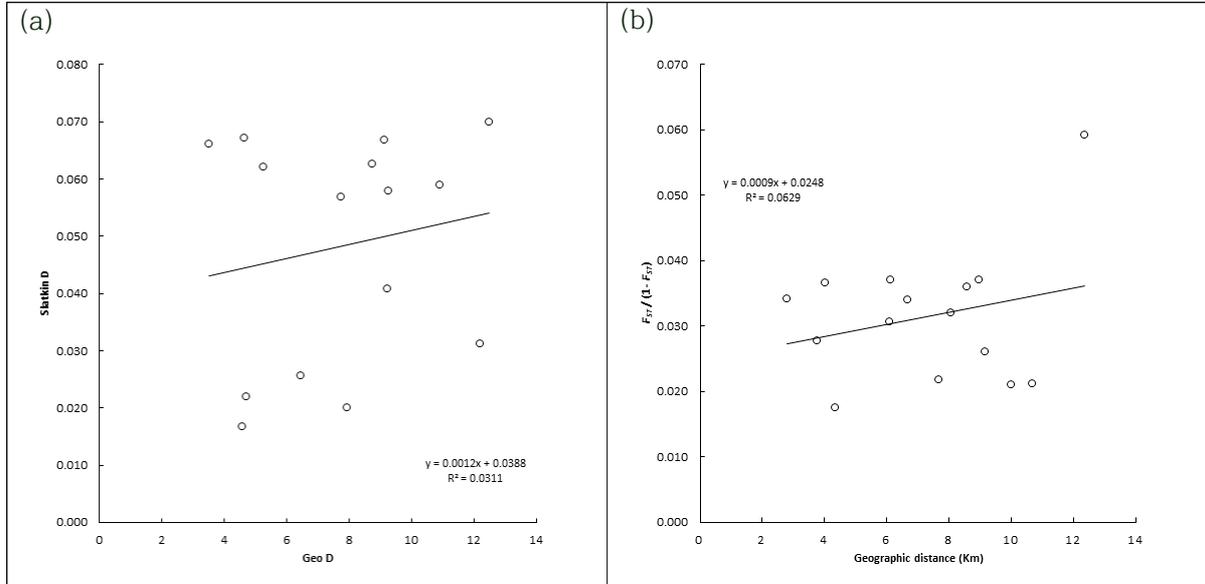


그림 2. 도심그룹(a)과 산림 그룹(b)의 유전적 거리와 지리적 거리의 상관관계

개체군 쌍별 최근 이주율 결과에서는 산림 집단에서 도심 집단보다 큰 값들이 더 많이 분포했다(표 5). 특히, 도심 집단에서는 Pop 5에서 Pop 1로, Pop 3에서 Pop 2로, Pop 3에서 Pop 6으로의 이주율만이 유의하게 커서 개별적인 이주 양상을 보였지만, 산림 집단에서는 Pop 4가 중심이 되어 이 개체군에서 다른 모든 개체군으로 이주하는 통합적인 이주 양상을 보였다.

표 5. 도심 그룹(a)과 산림 그룹(b)의 개체군 쌍별 최근 이주율

(a)

Pop	1	2	3	4	5	6
1	0.6845 (0.0171)	0.0177 (0.0168)	0.0221 (0.0208)	0.0528 (0.0648)	0.2051 (0.0706)	0.0177 (0.0167)
2	0.0233 (0.0217)	0.6908 (0.0226)	0.1824 (0.0477)	0.0276 (0.0267)	0.0526 (0.0361)	0.0233 (0.0215)
3	0.0135 (0.0130)	0.0134 (0.0130)	0.8987 (0.0371)	0.0364 (0.0290)	0.0246 (0.0195)	0.0135 (0.0129)
4	0.0128 (0.0122)	0.0128 (0.0124)	0.0330 (0.0288)	0.9075 (0.0376)	0.0210 (0.0193)	0.0128 (0.0125)
5	0.0141 (0.0134)	0.0142 (0.0137)	0.0496 (0.0382)	0.0226 (0.0253)	0.8853 (0.0473)	0.0143 (0.0135)
6	0.0146 (0.0141)	0.0145 (0.0138)	0.2363 (0.0337)	0.0187 (0.0177)	0.0345 (0.0248)	0.6814 (0.0139)

(i, j)성분의 이주율은 j열에서 i행으로의 이주율, 괄호 안의 값은 표준오차를 나타냄.

(b)

Pop	1	2	3	4	5	6
1	0.6806 (0.0133)	0.0139 (0.0132)	0.0139 (0.0133)	0.2638 (0.0270)	0.0139 (0.0135)	0.0138 (0.0132)
2	0.0239 (0.0222)	0.6907 (0.0225)	0.0237 (0.0222)	0.2141 (0.0411)	0.0237 (0.0219)	0.0239 (0.0224)
3	0.0175 (0.0167)	0.0176 (0.0169)	0.6841 (0.0167)	0.2460 (0.0333)	0.0173 (0.0166)	0.0174 (0.0167)
4	0.0128 (0.0125)	0.0128 (0.0121)	0.0128 (0.0124)	0.9362 (0.0252)	0.0128 (0.0123)	0.0127 (0.0124)
5	0.0143 (0.0137)	0.0145 (0.0136)	0.0144 (0.0137)	0.2614 (0.0276)	0.6810 (0.0137)	0.0144 (0.0136)
6	0.0131 (0.0126)	0.0131 (0.0123)	0.0128 (0.0123)	0.2684 (0.0250)	0.0129 (0.0122)	0.6796 (0.0126)

(i, j)정분의 이주율은 j열에서 i행으로의 이주율, 괄호 안의 값은 표준오차를 나타냄.

전체 유전자 변이 수준을 100%로 할 때 개체군 간의 유전자 변이 수준과 개체군 내의 개체들 간 유전자 변이 수준의 비율을 추정하는 AMOVA 결과에서는 개체군 간 유전자 변이 수준이 도심 그룹은 4.63%, 산림 그룹은 3.02%였다(표 6). 이는 산림 그룹보다 도심 그룹이 조금 더 큰 유전적 분화를 보이고 있다는 것을 의미하여 유전적 분화 여부에 대한 추가적인 분석의 필요성을 제시하였다.

표 6. 도심 그룹(a)과 산림 그룹(b)의 AMOVA 결과

(a)

Source of variation	d.f.	Sum of squares	Variance components	Percentage of variation
Among populations	5	57.209	0.22070 Va	4.63
Within populations	184	836.928	4.54852 Vb	95.37
Total	189	894.137	4.76922	
Fixation Index	$F_{ST} : 0.046$			

(b)

Source of variation	d.f.	Sum of squares	Variance components	Percentage of variation
Among populations	5	45.413	0.14266 Va	3.02
Within populations	186	852.415	4.58288 Vb	96.98
Total	191	897.828	4.72554	
Fixation Index	$F_{ST} : 0.030$			

다음으로 개체군 사이의 유전적 분화를 도식화해주는 DAPC의 경우, 두 그룹 모두 전체 6개 지리적 개체군 중 유전적 개체군의 수는 2개로 파악되었다(최적 $K = 2$). 판별 함수가 2개일 때를 보여주는 2차원 상의 분화 양상은 두 그룹 간에 뚜렷한 차이가 보이지 않았다(그림 3). 그러나 가

장 주요한 판별 함수 1개만을 남기고 1차원 상에서의 분화 양상을 보았을 때는 두 유전적 개체군 중 어느 한쪽으로 확실히 나뉘지 않는 지리적 개체군의 수가 도심 그룹의 경우 1개, 산림 그룹의 경우 3개로 산림 그룹에서 분화가 덜 된 양상을 나타내었다(그림 4).

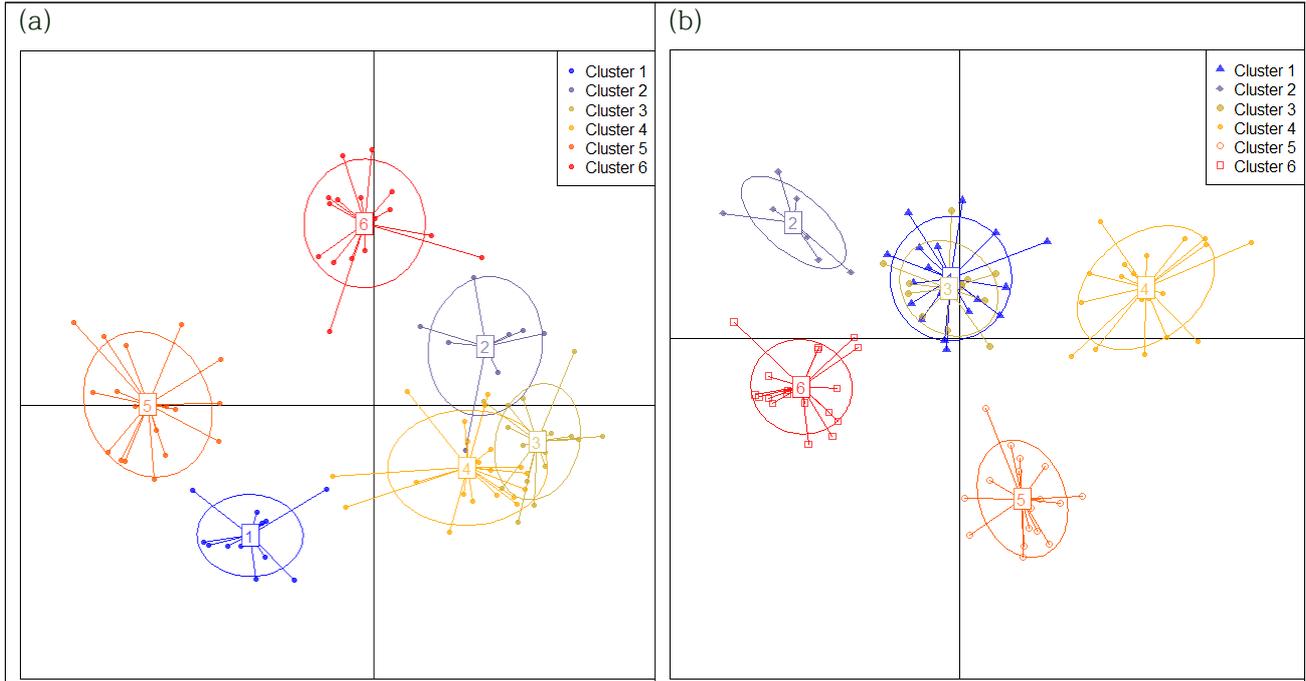


그림 3. 도심그룹(a)과 산림 그룹(b)의 2차원상 DAPC 결과

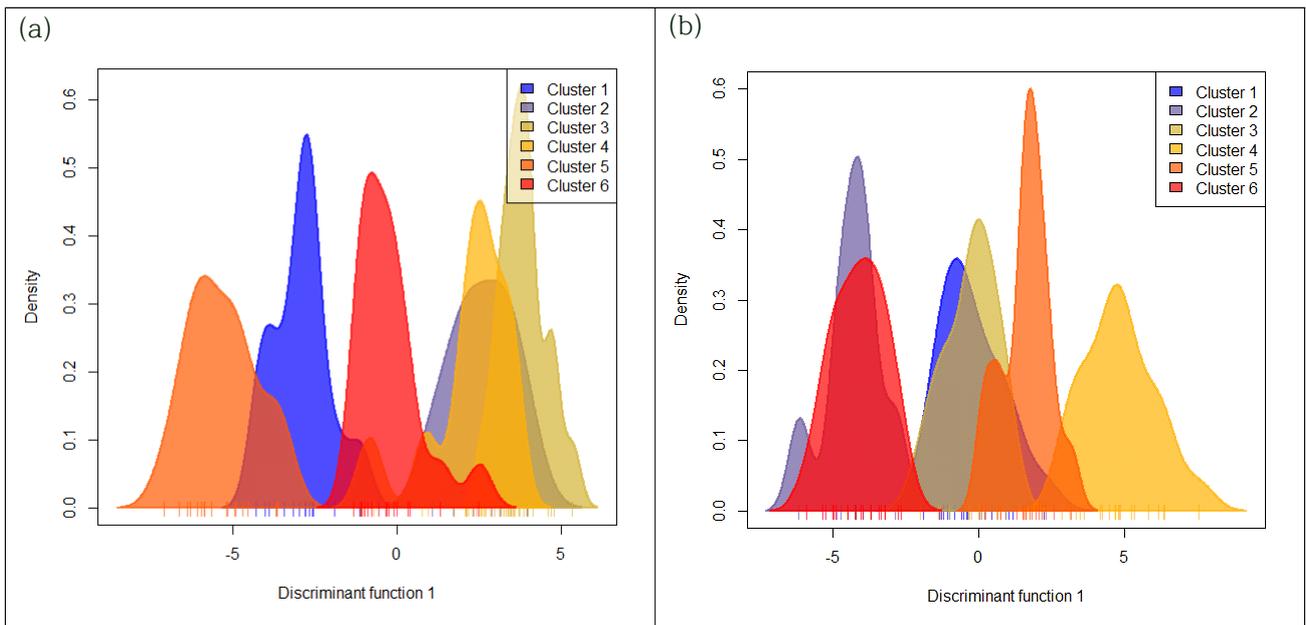


그림 4. 도심그룹(a)과 산림 그룹(b)의 1차원상 DAPC 결과

유전적 교류를 방해하는 유전적 장벽을 추정한 결과에서는 두 그룹 모두 유의성이 매우 높은 장벽이 확인되었다. 하지만 산림 그룹보다 도심 그룹에서 그 장벽의 유의성이 대체로 약간 더 높게 확인되었다(그림 5). 다만 유전적 장벽의 위치는 유전적 교류를 가로막는 도로나 시가지의 위치와 완전히 일치하지는 않았다. 도심에서 가장 높은 유의성의 유전적 장벽이 추정된 1번과 2번

개체군 사이에는 개발 지역과 그에 이어진 포장도로가 실재했으나 시가지로 분리된 개체군 사이에서는 오히려 확연한 유전적 장벽이 확인되지 않았다. 산림 그룹에서도 가장 높은 유의성의 유전적 장벽이 추정된 2번과 6번 개체군 사이에는 특별히 뚜렷한 물리적 장벽이 실재하지 않았다.

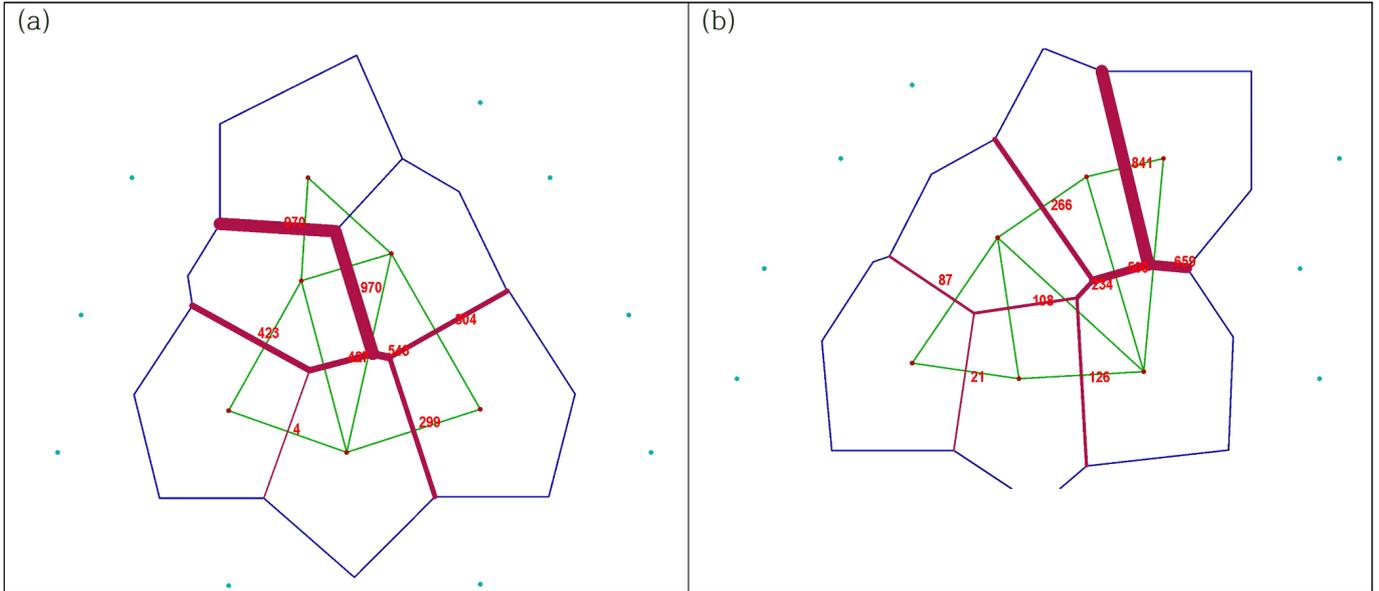


그림 5. 도심그룹(a)과 산림 그룹(b)의 유전적 장벽 추정 결과

지리적 공간 상에서 개체군들의 유전적 분화를 추정한 Geneland 결과에서는 두 그룹 모두 최적 유전적 개체군 수가 5개로 나타났다($K = 5$). 하지만 유전적 개체군의 지리적 분포에서는 도심 그룹에 비해 산림 그룹이 더 높은 정도로 뒤섞여 나타나는 결과를 보여주었다 (그림 6).

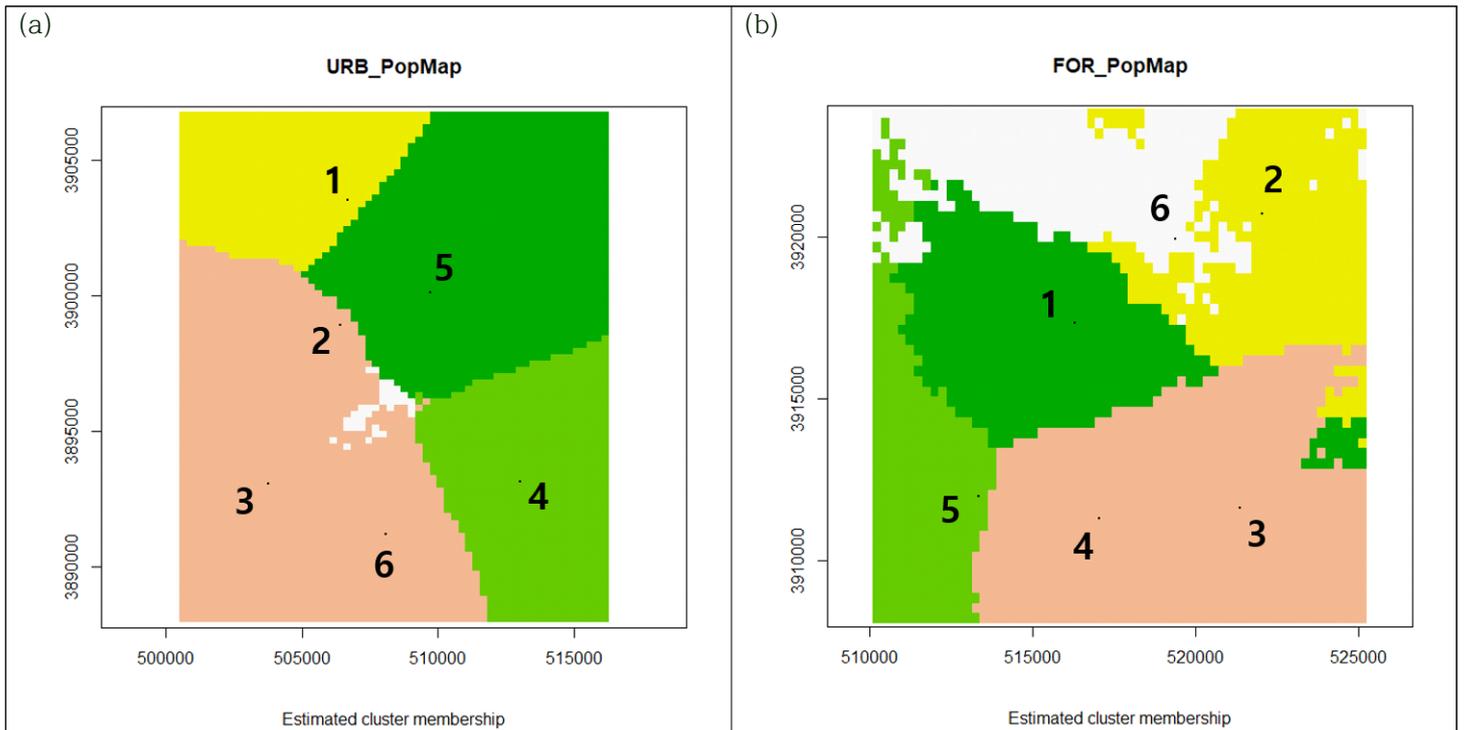


그림 6. 도심그룹(a)과 산림 그룹(b)의 공간적 개체군 분화 추정 결과

마지막으로 서식지 데이터에서는 수온, 수중 산성도, 수중 산소량 모두 도심 그룹과 산림 그룹의 서식지 간에 유의미한 차이가 나타나지 않았다 (그림 7).

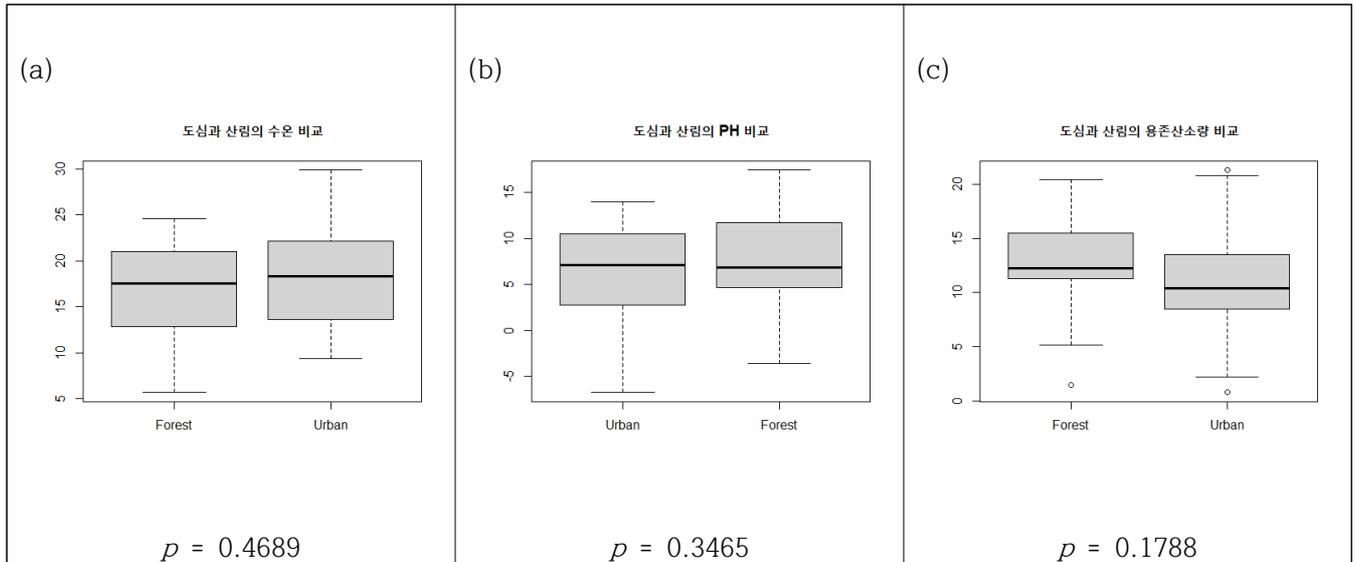


그림 7. 도심 그룹과 산림 그룹 서식지 간의 수온(a), 수중 산성도(b), 수중 산소량(c) 비교 결과

3. 결론

도심 그룹 내의 각 집단 간, 그리고 산림 그룹 내의 각 집단 간 거리가 그리 크지 않아 두 그룹 사이에 확연한 집단유전학적 지표의 차이는 나타나지 않았다. 예를 들어, 개체군들의 유전다양성이나 근친교배 정도 모두 비슷한 수준으로 추정되었다. 다만 모든 지표에서 일관적으로 도심 그룹의 수치들이 비교적 더 낮은 유전적 교류와 더 높은 유전적 분화의 징후들을 나타내었다.

개체군 쌍별 FST는 산림 그룹보다 도심 그룹에서 더 높았고, 동시에 개체군 쌍별 최근 이주율과 이주개체수는 산림 그룹보다 도심 그룹에서 더 낮아서 도심 그룹이 비교적 유전적 교류가 적고 유전적 분화가 상대적으로 큰 양상을 나타내었다. 이와 유사하게 AMOVA 결과 역시 미약하지만 도심 그룹에서 개체군 간의 유전적 변이 수준이 더 높게 나타났다. 마찬가지로, DAPC, 유전적 장벽, 공간적 개체군 분화 등 도식화된 유전적 분화 양상들 모두 일관되게 도심 그룹에서 산림 그룹보다 더 분화의 정도가 미약하지만 높게 나타나는 모습을 보였다.

그러나 서식지 데이터에서는 수온, 수중 산성도, 수중 산소량 모두 도심 그룹과 산림 그룹 간에 어떠한 유의미한 차이도 나타나지 않았다. 이는 서식지의 생태적 특성이 이러한 유전적 분화에 주요한 영향은 미치지 않았을 것임을 시사하는 결과로 볼 수 있다. 따라서, 도심 그룹의 상대적으로 낮은 유전적 교류와 상대적으로 높은 유전적 분화에는 서식지 특성보다 도시화에 따른 서식지 파편화 및 고립화가 더 크게 작용하였을 것으로 판단된다. 미래에도 이와 같은 도시화의 영향이 이어진다면 이러한 징후들이 더 뚜렷하게 나타날 것으로 예상된다.

다만 서식지 데이터의 양이 충분히 많지 않고 단기적이기 때문에 과거의 서식지 특성을 충분히 반영하기는 어렵다는 한계를 가지고 있으며, 시뮬레이션 연구가 아닌 경험적 연구의 특성상 어떠한 영향으로 인한 결과가 아니라 각 그룹 자체의 특징으로 나타난 결과일 수도 있다는 가능성을 배제하기는 어려워 보인다.

이러한 한계를 보완하기 위하여 후속 연구에서는 지속적인 데이터 수집이 필요할 것으로 보이

며, 일정 기간 후 같은 방법론을 이용한 연구를 통해 그 변화 양상을 비교하는 유전적인 모니터링이 필요할 것으로 보인다.

결론적으로, 본 연구의 결과 실제로 도시화가 유전적 교류를 저해하고 이에 의해 유전적 분화를 촉진할 수 있다는 가능성이 국내의 야생생물 연구 중 처음으로 확인되었다는 점에서 그 의의가 있다고 할 수 있다. 기존의 부산광역시를 대상으로 한 도시화 연구 중 다른 분류군에서 생물다양성이 낮아지거나(Lee et al., 2000; Park, 2005), 군집 구성이 단순화되는 사례들은 보고된 바 있었으나 유전자 수준에서 서식지 파편화의 영향을 규명한 연구는 수행되어오지 않았다. 추가적인 연구를 통해 유전자 수준에서 국내 도시화의 영향에 대한 이해를 높일 필요가 있으며, 멸종위기 야생생물인 고리도롱뇽의 미래 보전 정책을 수립함에 있어 도시화로 인해 파편화된 서식지 간의 연결성이 중요하게 고려 되어야할 것이다.

참고문헌

- Borzée, A., Ahn, J., Kim, S., Heo, K., Jang, Y., 2015. Seoul, keep your paddies! Implications for the conservation of hylid species. *Evol. Divers.* 31, 176 - 181.
- Escoriza, D., Gutiérrez-Rodríguez, J., Ben Hassine, J., Martínez-Solano, I., 2016. Genetic assessment of the threatened microendemic *Pleurodeles poireti* (Caudata Salamandridae), with molecular evidence for hybridization with *Pleurodeles nebulosus* *Conserv. Genet.* 17, 1445 - 1458. <https://doi.org/10.1007/s10592-016-0875-9>
- Excoffier, L., Lischer, H.E.L., 2010. Arlequin suite ver 3.5: A new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Mol. Ecol. Resour.* 10, 564 - 567.
- Guillot, G., Mortier, F., Estoup, A., 2005. GENELAND: a computer package for landscape genetics. *Mol. Ecol. Notes* 5, 712 - 715.
- Hitchings, S.P., Beebee, T.J.C., 1997. Genetic substructuring as a result of barriers to gene flow in urban *Rana temporaria* (common frog) populations: implications for biodiversity conservation. *Heredity (Edinb.)* 79, 117 - 127.
- Johansson, M., Primmer, C.R., Sahlsten, J., Merila, J., 2005. The influence of landscape structure on occurrence, abundance and genetic diversity of the common frog, *Rana temporaria*. *Glob. Chang. Biol.* 11, 1664 - 1679.
- Jombart, T., 2008. adegenet: a R package for the multivariate analysis of genetic markers. *Bioinformatics* 24, 1403 - 1405.
- Jombart, T., Devillard, S., Balloux, F., 2010. Discriminant analysis of principal components: A new method for the analysis of genetically structured populations. *BMC Genet.* 11. <https://doi.org/10.1186/1471-2156-11-94>
- Kim, J.-B., Min, M.-S., Matsui, M., 2003. A new species of lentic breeding Korean salamander of the genus *Hynobius* (Amphibia, Urodela). *Zoolog. Sci.* 20, 1163 - 1169.
- Lee, J., Park, D., 2016. The Encyclopedia of Korean Amphibians. Eonature, Seoul.
- Lee, S.C., Kim, I.S., Bae, J.S., Jin, B.R., Kim, S.E., Kim, J.K., Yoon, H.J., Yang, S.R., Lim, S.H., Sohn, H.D., 2000. Mitochondrial DNA sequence variation of the firefly, *Pyrocoelia rufa* (Coleoptera: Lampyridae), in Korea. *Korean J. Appl. Entomol.* 39, 181 - 191.
- Lewis, J.S., Logan, K.A., Alldredge, M.W., Bailey, L.L., VandeWoude, S., Crooks, K.R., 2015. The effects of urbanization on population density, occupancy, and detection probability of wild felids. *Ecol. Appl.* 25, 1880 - 1895.
- McManus, J. S., Dalton, D. L., Kotze, A., Smuts, B., Dickman, A., Marshall, J. P., Keith, M., 2015. Gene flow and population structure of a solitary top carnivore in a human-dominated landscape. *Ecol. Evol.* 5, 335 - 344.
- Manni, F., Guérard, E., Heyer, E., 2004. Geographic patterns of (genetic, morphologic, linguistic) variation: how barriers can be detected by “Monmonier’s algorithm.” *Hum. Biol.* 76, 173 - 190.
- Marsh, D.M., Page, R.B., Hanlon, T.J., Corritone, R., Little, E.C., Seifert, D.E., Cabe, P.R., 2008. Effects of roads on patterns of genetic differentiation in red-backed salamanders, *Plethodon cinereus*. *Conserv. Genet.* 9, 603 - 613.
- Nei, M., Tajima, F., Tateno, Y., 1983. Accuracy of estimated phylogenetic trees from molecular data. *J. Mol. Evol.* 19, 153 - 170.
- Ordeñana, M.A., Crooks, K.R., Boydston, E.E., Fisher, R.N., Lyren, L.M., Siudyla, S., Haas, C.D., Harris, S., Hathaway, S.A., Turschak, G.M., 2010. Effects of urbanization on carnivore species distribution and richness. *J. Mammal.* 91, 1322 - 1331.
- Park, S.H., 2005. The impact on the ant communities by urbanization of Busan Metropolitan City. Kosin University, Busan.
- Peakall, R.O.D., Smouse, P.E., 2006. GENALEX 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Mol. Ecol. Notes* 6, 288 - 295.
- Peterman, W.E., Feist, S.M., Semlitsch, R.D., Eggert, L.S., 2013. Conservation and management of peripheral populations: Spatial and temporal influences on the genetic structure of wood frog (*Rana sylvatica*) populations. *Biol. Conserv.* 158, 351 - 358.
- R Core Team, 2013. R: A language and environment for statistical computing [WWW Document]. R Found. Stat. Comput. Vienna, Austria. URL <http://www.r-project.org/>
- Riley, S.P., Sauvajot, R.M., Fuller, T.K., York, E.C., Kamradt, D.A., Bromley, C., Wayne, R.K., 2003. Effects of urbanization and habitat fragmentation on bobcats and coyotes in southern California. *Conserv. Biol.* 17, 566 - 576.
- Wilk, A.J., Donlon, K.C., Peterman, W.E., 2020. Effects of habitat fragment size and isolation on the density and genetics of urban red-backed salamanders (*Plethodon cinereus*). *Urban Ecosyst.* 23, 761 - 773.
- Wilson, G.A., Rannala, B., 2003. Bayesian inference of recent migration rates using multilocus genotypes. *Genetics* 163, 1177 - 1191.
- Yamane, A., Nishida, S., 2010. Fine-scale spatial genetic structure and genetic diversity among clouded salamander (*Hynobius nebulosus*) populations. *Curr. Herpetol.* 29, 79 - 90. <https://doi.org/10.3105/018.029.0203>