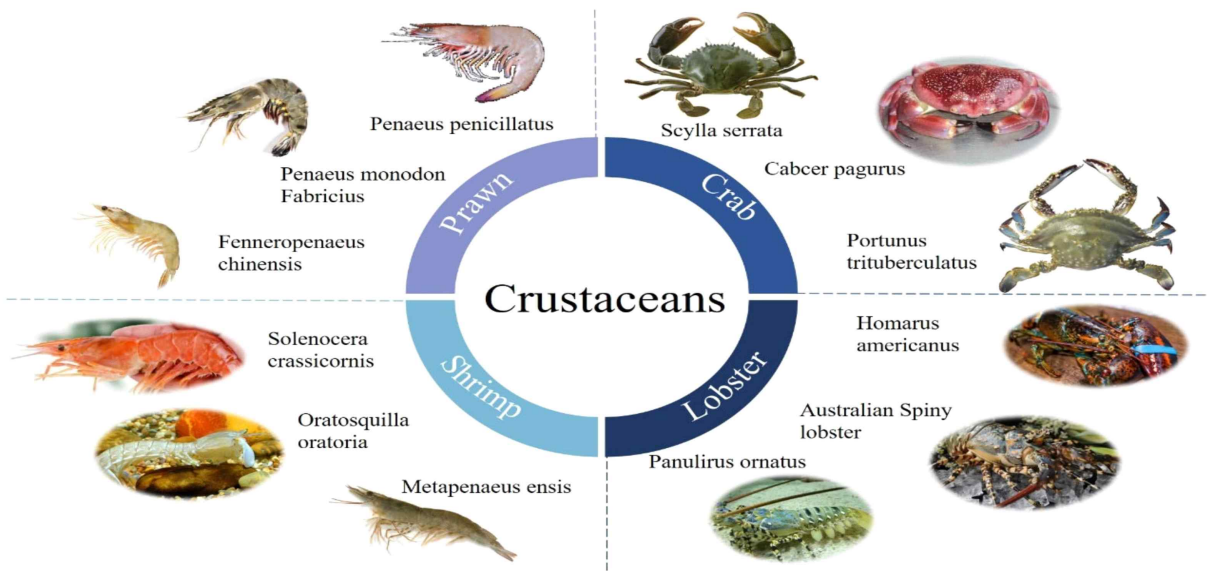


생물정보학·개체군유전학·계통분류학 기반 갑각류 연구의 통합적 고찰

한승민¹, 백종원¹, 김경민², 고설희², 강성훈³, 정유석³, 김창배¹, 황의욱², 박진호³
[¹상명대학교 생물정보학연구소, ²경북대학교 개체군유전학연구소, ³전북대학교 동물계통분류학연구소]

1. 서론

갑각류(Crustacea)는 절지동물문(Arthropoda)에 속하는 주요 분류군으로, 현재까지 약 15만 종이상이 존재하는 것으로 추정되며(Behringer & Duermit-Moreau, 2021), 공식적으로 기술된 종은 약 4만 2천 종에 불과하다. 갑각류는 연안에서 심해에 이르기까지 다양한 수생태계에 서식하며, 포식자·피식자·분해자로서 어류, 수서곤충, 플랑크톤 등과 복잡한 먹이망을 형성하여 에너지 순환과 물질 흐름을 매개하고 수생태계의 안정성을 유지하는 핵심 구성원이다(Behringer & Duermit-Moreau, 2021; Wacker & Harzsch, 2021). 또한, 이들은 환경 변화에 민감하게 반응하기 때문에 생태학 및 환경학 연구에서 중요한 지표생물(indicator species)로 활용된다. 특히 담수 생태계의 대표적 모델생물인 물벼룩(*Daphnia*)은 수질 변화, 오염물질 축적, 기후변화 영향 평가에 널리 이용되며, OECD 시험지침에서도 독성평가의 표준종으로 지정되어 있다. 이러한 특성은 갑각류 연구가 생태계 건강성 평가 및 환경 관리의 필수적 기반임을 보여준다(De Silva & Soto, 2009; Mugwanya et al., 2022). 경제적 측면에서도 갑각류는 수산양식의 핵심 산업군으로 자리 잡고 있으며, 2022년 기준 전 세계 갑각류 생산량은 약 7,400만 톤으로 전체 수산 양식 생산 증가분의 약 24.6%를 차지한다(FAO, 2024). 새우, 게, 바닷가재 등 십각류(Decapoda)는 고부가가치 수산물로서 양식 산업뿐 아니라 식품가공, 기능성 식품 및 의약품소재(예: 키토산, 아스타잔틴) 개발에도 폭넓게 활용되고 있다(Susanto, 2021; Dawood et al., 2021). 나아가 기후변화로 인한 생태계 불안정성과 질병 확산은 양식업의 생산성을 위협하고 있어, 갑각류의 생리·면역학적 반응에 대한 연구는 지속 가능한 수산업 발전의 과학적 근거로서 중요성이 더욱 커지고 있다. 사회적 측면에서도 갑각류는 생태계 서비스 제공자이자 식량안보를 뒷받침하는 핵심 자원으로, 개체군 감소는 어류 자원의 고갈과 수질 정화 기능 약화로 이어져 수생태계 전반의 건강성을 저하시킬 수 있다. 따라서 갑각류는 오염이나 스트레스 조건에 민감하게 반응하는 생물학적 지표 생물로서 중요하게 평가될 뿐 아니라, 수산양식자원과 식품·의약품 소재로도 활용될 수 있는 상업적 가치가 높은 분류군이 포함되어 있어 환경 보건과 경제적 측면에서도 중요한 역할을 수행하며, 갑각류 연구는 생태적·경제적·환경보건적 가치가 융합된 다학제 연구 분야로서, 기후위기에 대응하고 지속가능한 수산자원 관리를 실현하기 위한 핵심적 사회적 의의를 지닌다.



<일반적인 갑각류 예시(Qu et al., 2025)>

최근 기후변화와 인위적 활동으로 인해 갑각류의 생물다양성 감소가 전 세계적으로 가속화되고 있다. 인위적 온난화로 인한 해수면 온도의 상승은 2023 - 2024년에 사상 최고치를 기록하였으며, 이는 지구 온난화의 명확한 증거로 보고되고 있다(Walther et al., 2002; FAO, 2024). 수온 상승은 갑각류의 좁은 열적 적응 범위를 초과하여 생리적 불균형, 성장 지연, 산란율 저하, 산소 소비 증가, 면역 기능 저하 등을 초래하며(Azra et al., 2018; Dawood et al., 2021), 해양 산성화와 염분 변화, 저산소, 병원체 출현 등의 복합적 요인은 개체군 붕괴를 가속화한다(Pinsky et al., 2019; Syafaat et al., 2021; Zhu et al., 2019). 담수 생태계에서도 농업 및 산업활동으로 인한 수질오염과 서식지 파괴가 심화되면서 수서 갑각류의 생존을 위협하고 있다(Mugwanya et al., 2022). 그러나 기존 연구는 특정 종이나 지역에 국한되어 수행되는 경우가 많아 갑각류 전반의 종다양성 변화와 생리적 반응에 대한 통합적 이해가 부족한 실정이다. 특히 형태학적 유사성으로 인해 은밀종(cryptic species)의 존재 가능성이 크에도 불구하고 이를 포함한 종 분류 연구가 제한적이며, 다양한 연구 기법이 독립적으로 수행되어 학제 간 융합적 접근이 미흡하다. 이러한 한계는 기후변화에 대응한 갑각류의 보전 및 관리 전략 수립을 제약하고 있으며, 이에 따라 장기적 연구 체계 구축이 시급하다.

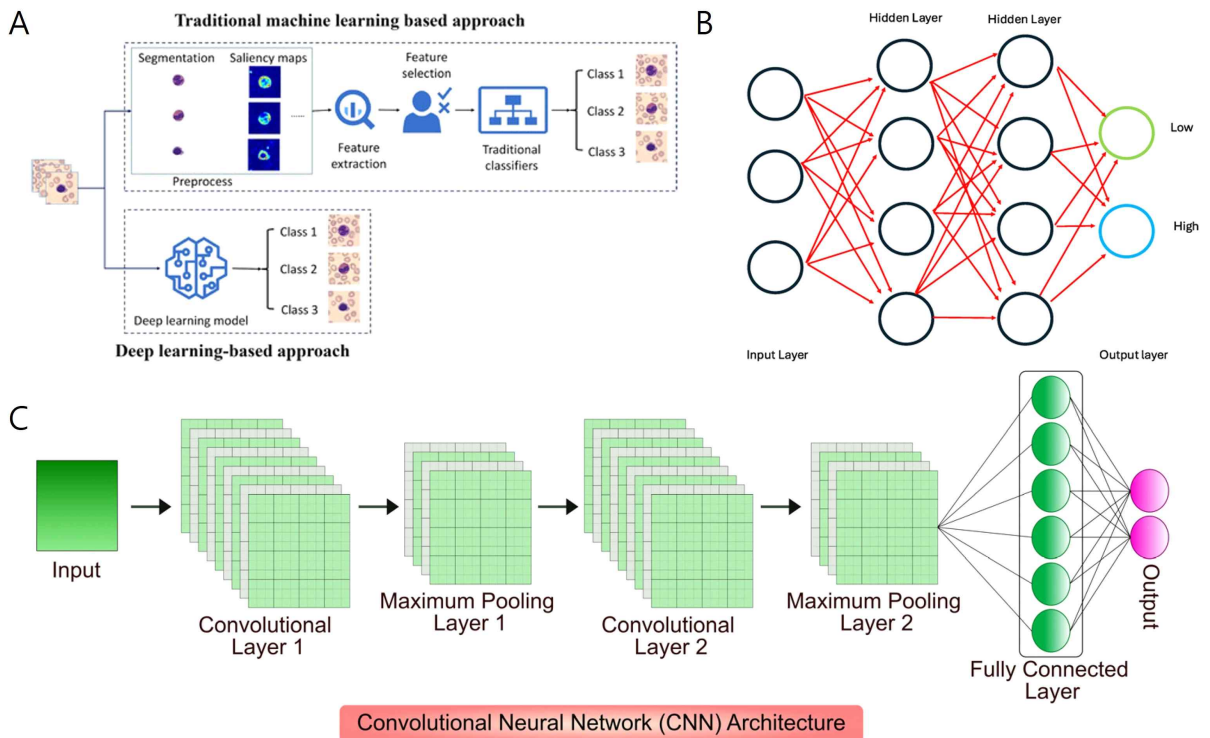
이러한 문제를 극복하기 위해서는 갑각류 연구의 기초연구 활성화와 학문 간 융합적 접근을 통한 과학적 근거 마련이 필수적이다. 갑각류의 종다양성, 유전적 다양성, 생태적 다양성에 대한 기초 자료는 기후변화 대응 및 생물다양성 보전 전략 수립의 핵심 기반으로 활용될 수 있다. 예를 들어, 개체군유전학 연구를 통해 지역 간 집단의 유전적 변이를 분석함으로써 종의 적응 능력과 유전적 취약성을 파악할 수 있으며, 생물정보학 연구를 통해 전사체 수준에서 환경 스트레스에 반응하는 주요 유전자를 규명할 수 있다. 이러한 과학적 데이터의 축적은 향후 정책적 보전 전략 수립과 지속가능한 수산자원 관리 방안 마련으로 이어질 것이다. 또한, 연구모임의 운영은 단순한 지식 교류를 넘어 연구자 간 네트워크 구축과 학제 간 협력 강화를 주요 목적으로 한다. 개별 연구자가 축적한 데이터를 통합적으로 분석하고, 다양한 전공의 연구자들이 다학제적 시각에서 토론할 수 있는 협력적 연구 환경을 조성하는 것이 중요하다. 특히 신진 연구자가 주도적으로 참여하여 연구 주제를 설계하고 외부 전문가와 협력할 수 있는 기회를 제공함으로써, 연구 역량을 강화하고 지속 가능한 학문적 생태계를 구축하는 데 기여할 수 있다.

2. 본론

1) 생물정보학 기반 갑각류 연구

(1) 생물정보학 및 인공지능 기법의 개요

최근 컴퓨터 비전 분야에서는 디지털 카메라와 스마트폰의 보급으로 인해 전 세계적으로 이미지 데이터의 양이 폭발적으로 증가하고 있다. 방대한 이미지 데이터를 효율적으로 처리하기 위해 사람의 수작업이나 전통적 통계 기법만으로는 한계가 있으며, 이에 따라 데이터의 시각적 특징을 스스로 학습하고 분류할 수 있는 인공지능(Artificial Intelligence, AI) 기법 중 딥러닝(Deep Learning) 기술이 주목받고 있다(Zeebaree et al., 2017; Mohammed et al., 2020). 딥러닝은 다층 인공신경망을 통해 이미지의 형태적 특징과 패턴을 고차원적으로 인식할 수 있으며, 특히 합성곱 신경망(Convolutional Neural Network, CNN)은 이미지 내 세부 특징을 단계적으로 추출하여 이미지 분류, 객체 인식, 이상 탐지 등에서 탁월한 성능을 보여주고 있다(Ahmed et al., 2020; Zhao et al., 2019).



<인공지능 기법의 개요>

- (A. 머신러닝 접근법과 딥러닝 기반 접근법 차이, B. 딥러닝 구조,
C. 합성곱 신경망 모식도, Ali et al., 2025)

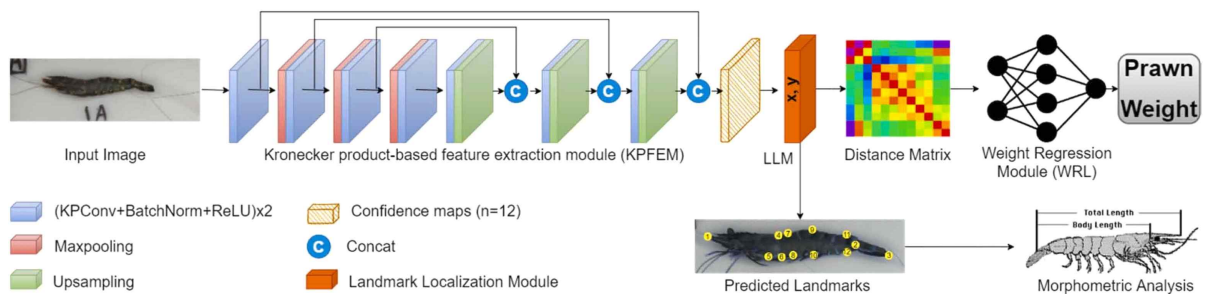
이러한 딥러닝 기반 이미지 분석 기술은 의료 영상 판독, 자율주행 환경 인식, 생태계 모니터링, 산업 자동화 등 다양한 분야에서 활용되며, 기존 머신러닝 모델을 능가하는 정확도와 효율성을 입증하였다(Mustafa et al., 2020; Dino et al., 2020; Alzakholi et al., 2020). 특히 이미지 분류, 세분화, 객체 탐지와 같은 핵심 과제에서 딥러닝 모델은 규칙 기반 알고리즘을 대체하며, 데이터의 양과 품질이 높아질수록 성능이 비선형적으로 향상되는 특성을 보인다(Haji et al., 2020; Zeebaree et al., 2020). 이는 방대한 시각 데이터를 정량적·자동화된 방식으로 처리함으로써 과학 연구의 효율성을 크게 높이는 계기가 되고 있다.

인공지능과 같은 기술적 진보는 생명과학 및 생물정보학 분야에도 빠르게 확산되고 있다. 과거에는 생물 종의 동정이나 형태 비교가 연구자의 육안 판별에 의존했으나, 이제는 딥러닝을 활용한 이미지 분석이 이를 대체하고 있다. 딥러닝 모델은 생물의 외형적 특징을 자동으로 인식하고 미세한 형태 차이까지 정량화할 수 있어 연구의 객관성과 정확도를 높이고 있으며, 나아가 자동 분류·개체 인식·생태 모니터링 등으로 확장되어 생물학적 현상을 데이터 기반으로 정밀하게 탐구할 수 있는 새로운 연구 방향을 제시하고 있다(Ahmed & Sallow, 2017; Hussein & Abdullah, 2018).

(2) 갑각류 연구에서의 생물정보학적 접근

최근 갑각류 연구는 생태학, 분류학, 생리학 등 다양한 학문 분야를 포괄하며, 데이터 기반 분석을 통해 복잡한 생물학적 특성을 통합적으로 이해하려는 방향으로 발전하고 있다. 특히 고해상도 디지털 이미지를 활용한 형태 분석 기술이 빠르게 발전하면서, 과거 연구자의 경험과 육안 판별에 의존하던 종 동정과 형태 계측이 자동화되는 추세다. 인공지능 기반의 영상 인식 기술은 개체의 형태학적 특징(체폭, 체장, 갑각 너비 등)을 자동으로 추출하고 정량화하여, 객관적인 형태 비교와 중간 변이 분석을 가능하게 한다. 이러한 접근은 생물다양성 보전 연구뿐 아니라 수산 양식, 자원 관리 등 산업적 분야에서도 활발히 응용되고 있다. 실제로 수산업에서는 갑각류의 성장률, 체중, 건강 상태를 효율적으로 예측하여 품질 관리 및 생산 효율을 높이기 위한 자동화된 영상 분석 시스템이 도입되고 있으며, 이는 데이터 기반 의사결정과 지속가능한 산업 운영을 가능하게 하고 있다(Saleh et al., 2024; Jahanbakht et al., 2021).

최근에는 이러한 기술적 흐름이 딥러닝 기반 이미지 분석으로 확장되며, 해양 갑각류 분류 및 생태 모니터링에 새로운 전환점을 마련하고 있다. Zhou et al. (2025)은 다중 모달 딥러닝(multi-modal deep learning)을 적용하여 해양 갑각류 이미지를 자동 분류하는 웹 애플리케이션 DecapodAI를 개발하였으며, 이는 침입종의 조기 인식 및 시민 참여형 생물다양성 모니터링을 실현하였다. 또한, Saleh et al. (2024)은 딥러닝 기반 랜드마크 탐지 네트워크(landmark localization network) 기법을 활용하여 새우(*Penaeus monodon*)의 형태 지점을 자동 검출하고 체중을 예측함으로써, 전통적인 형태계측의 한계를 극복하고 양식 효율성을 향상시켰다. 이러한 연구들은 딥러닝이 생물의 형태 인식, 분류, 생태계 변화 탐지 등 다양한 분야에서 정밀하고 효율적인 분석을 가능하게 함을 보여주며, 향후 갑각류 연구의 핵심 도구로 자리 잡을 것으로 기대된다(Liu et al., 2019; Chen et al., 2023; Zhou et al., 2025).



<딥러닝 기반 랜드마크 탐지 네트워크 기법 활용 예시(Saleh et al., 2025)>

(3) 인공지능 기법의 한계점 및 향후 개선 방향

인공지능 기술이 감각류 연구에 다양한 혁신을 가져왔음에도 불구하고, 여전히 해결해야 할 한계점이 존재한다. 첫째, 학습에 필요한 이미지 데이터의 양이 부족하고, 종별로 데이터 편중이 심하다. 특히 일부 희귀종이나 지역 고유종의 경우 데이터 확보가 어려워, 모델 학습 과정에서 분류 정확도가 떨어질 수 있다. 둘째, 촬영 환경의 차이(조명, 각도, 배경 등)에 따라 이미지 품질이 달라지고, 이는 모델의 예측 성능에 직접적인 영향을 미친다. 셋째, 딥러닝 모델은 높은 예측력을 보이는 반면, 결과의 생물학적 의미를 명확히 설명하기 어려운 해석 불투명성(black box) 문제를 안고 있다.

이러한 문제를 극복하기 위해서는, 우선 다양한 서식지와 종을 포괄하는 대규모 감각류 이미지 데이터베이스 구축이 필요하다. 또한, 데이터 증강(data augmentation) 및 합성 데이터(synthetic data) 활용을 통해 데이터 편향을 최소화하고, 모델의 학습 성능을 안정화해야 한다. 더불어, 설명 가능한 인공지능(Explainable AI, XAI) 기술을 도입하여 딥러닝 모델의 결과를 해석 가능하게 만들고, 생물학적 근거와 연결하는 노력이 병행되어야 한다.

장기적으로는 연구자와 시민이 함께 데이터를 축적하고, 인공지능 모델을 공동 검증하는 시민 과학 기반 생태 플랫폼의 확립이 중요하다. 이러한 통합적 접근은 감각류의 다양성 보전과 기후변화 대응 전략 수립에 기여할 뿐만 아니라, 생물정보학 연구의 사회적 활용도를 높이는 방향으로 발전할 것으로 기대된다.

2) 개체군 유전학 기반 감각류 연구

(1) 개체군 유전학의 개요

최근 기후변화가 범지구적으로 큰 화제가 되면서, 많은 뉴스의 기사 제목에서 “야생동물 개체군 X% 급감”과 같은 표현을 볼 수 있다. 본 기사 제목에서도 알 수 있듯이, 생물 개체 수의 증감을 이야기할 때, 개체군이라는 용어는 빠지지 않고 등장하는 용어이다. 개체군이란 특정 지역에서 서식하는 동일 종의 무리를 말한다(Hamilton, 2021). 개체군을 연구하는 분야는 사용하는 방법론과 집중하는 세부 분야에 따라 개체군 생태학, 개체군 역학, 개체군 유전학 등이 있다.

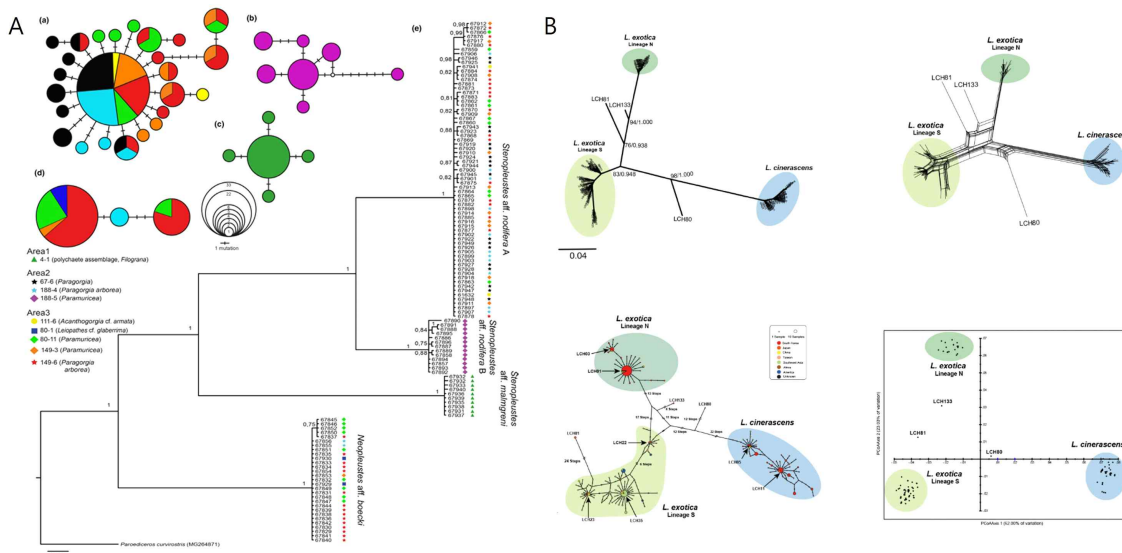
이 중, 개체군 유전학은 종 내 개체군의 수준에서 시간이 지남에 따라 유전적 구성이 어떻게 변화하는지, 그 양상을 연구하는 학문이다(Hamilton, 2021). 개체군 수준은 곧 종 간이 아닌 종 내를 뜻하며, 종 내 일어나는 유전적 차이를 기반으로 소진화 과정을 추정하고 그 종의 진화적 역사를 추론하는 것이 본 접근의 최종적인 목표라고 할 수 있다. 구체적으로 개체군 유전학 접근에서 다루는 주제로는 개체군 수준의 유전적 다양성, 유전 구조, 개체군 통계학 등이 있다. 또한 지리학과 연관해서 계통지리학(phylogeography) 분야도 등장하였으며, 개체군 유전학 접근을 이용한다.

개체군 유전학을 연구하기 위해, 개체군 수준의 유전적 차이를 잘 반영할 수 있는 유전자 일부의 염기서열로 구성된 분자 마커를 이용한다(Hamilton, 2021). 이러한 유전자 마커는 분자생물학적 기술을 통해 각 개체 DNA의 추출 및 유전자 마커의 증폭, 염기서열의 획득 등의 일련의 과정을 통해 얻을 수 있다. 획득한 염기서열은 생물 정보학적 기법을 활용하여 개체 간에 정렬 및 비교된다. 정렬 시, 특정 부위의 염기서열이 개체마다 다른 염기를 지정한다면, 개체 간의 유전적 변이라고 간주하며, 이를 단일염기서열 다형성(SNP)을 가진다고 표현한다. 이러한 SNP는 여러 진화적 상황을 가정한 생물 통계 분석을 통해 소진화 과정을 추론한다.

(2) 갑각류 연구에서의 개체군 유전학의 접근

개체군 유전학 접근은 최근에 여러 갑각류를 대상으로 연구가 진행되고 있다. 본 방법론이 갑각류에 시도된 지는 2000년대 초반이었으며, 이는 다른 분류군에 비해 비교적 최근이라고 할 수 있다. 최근에 본 접근이 갑각류 분류군에서 주목받게 된 이유 중 하나는 은밀 종의 발굴이다. 은밀 종 (Cryptic species)이란 육안 또는 현미경을 통해 확인되는 형태적 특성에 근거해서는 명확히 구별되지 않으나, 유전적 특성에 있어 차이를 보이는 종을 말한다 (Bickford et al. 2007). 은밀 종의 존재는 생물다양성의 측면에서는 더욱 중요한 이슈이고, 다양성이 증대되고 있다는 측면에서는 중요한 발견으로 간주된다. 그러나 분류학의 입장에서는 은밀 종의 존재는 형태학 접근의 한계점을 보여주면서, 학자들 사이의 갈등과 해석의 어려움을 증대시킨다 (Fišer et al., 2018).

특히 갑각류의 경우, 많은 하위 분류군에서 이러한 은밀 종의 존재가 보고된 바 있다 (Knowlton, 1986; Raupach & Wägele, 2006; Seidel et al., 2009; Schön et al., 2012). 갑각류 내 다양한 하위 분류군들에서 개체군 유전학에 기반한 연구 결과들이 보고되고 있으며, 대부분 은밀 종의 가능성을 제시했다 (Drumm & Kreiser, 2012; Ragionieri & Schubart, 2013; Marra et al., 2015; Asem et al., 2019; Schwentner & Lörz, 2021; Kim et al., 2023). 기보고된 많은 연구에서는 개체군 유전학 분석을 통해 종 내 유전적으로 구별되는 계통군을 보고하였고, 이를 은밀 종일 가능성을 제기하였다. 각 계통군의 지리적 분포와의 연관성을 파악하여 유전자 흐름 (Gene flow) 혹은 유전적 고립 (isolation) 등이 일어난 것으로 추정하였으며, 일부 연구에서는 계통군이 분기된 시점을 추정하여 지질학적 사건과 연관 지어 해석하기도 하였다 (Ragionieri & Schubart, 2013; Asem et al., 2019; Schwentner & Lörz, 2021; Kim et al., 2023).



<개체군 유전학에 기반한 갑각류 연구 예시>
(A: Schwentner & Lörz, 2021, B: Kim et al., 2023)

(3) 개체군 유전학 접근의 한계점 및 향후 개선 방향

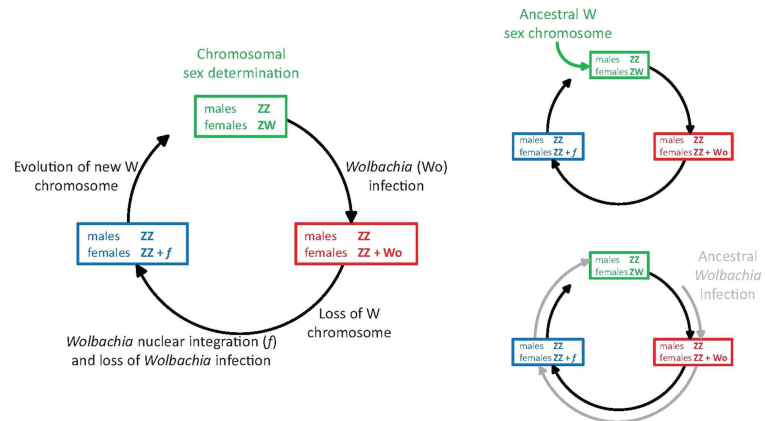
개체군 유전학적 접근은 갑각류 내 다양한 분류군에 존재하는 은밀종을 파악하는데 좋은 방법이지만, 또한 예기치 못한 논란 또한 드러나고 있다. 첫 번째로는, 앞서 얘기한 바와 같이 정통 분류학자와의 충돌이다. 정통 분류학, 또는 알파 분류학은 한 종의 형태적 특성에 기반한, 정통적인 분류학적 기법을 적용한다. 하지만 개체군 유전학 접근을 통해서 확인된 유전적으로 분화된 계통군을 은밀 종, 즉, 새로운 종으로 간주해도 되는가에 대해서, 또한 그 근거가 분자 형질만으로 기술해도 되는가에 대해 많은 논쟁이 있다. 최근 일부 논문에서는 개체군 유전학에 기반한 분석을 통해 나타난 은밀 종을 신중으로 기재한 사례가 있으나, 정통 분류학을 고집해온 학자에게서는

유전적 변이의 수준을 넘어서, 생태적 특성에까지 하위 분류군 수준에서 차이를 보인다. 등각류 (Isopod) 내 분류군 내에서 혼재되어 나타나는 여러 성 결정 시스템 (Sexual determination)이 있다 (Chebbi et al., 2019). 이러한 혼재의 형태로는 일부 분류군에서 *Wolbachia*라고 불리는 미생물과의 공생으로 인해 영향을 받으면서 다른 분류군과는 차별적인 성 결정 시스템을 가지는 형태로 진화된 것으로 이해되고 있다 (Becking et al., 2017). 이러한 패턴의 혼재는 개체군 유전학 분석을 통해서도 고스란히 드러나서, 심층적인 논의를 어렵게 만든다. 향후 이러한 일관성을 찾기 어려운 패턴을 어떻게 이해하는 것이 좋을 지에 대한 논의도 필요할 것으로 여겨진다.

A

Suborder	Family	Species	Heterogametic type (Reference)	Known presence of <i>Wolbachia</i> (Reference)
Amphipoda	Amphipodidae	<i>Amphipodius maculatum</i>	ZZ/ZW (This study)	No ^a
		<i>Amphipodius sinensis</i>	Unknown	No (Unpublished)
		<i>Amphipodius depressus</i>	ZZ/ZW (This study)	Yes (This study, supplementary Table S3)
		<i>Amphipodius gemulatum</i>	ZZ/ZW (This study)	Yes ^a
		<i>Amphipodius scaber</i>	Unknown	No (This study, Supplementary Table S3)
		<i>Amphipodius asiaticus</i>	Unknown ^a (This study)	No (This study, Supplementary Table S3)
		<i>Amphipodius verticillatus</i>	Unknown	No (This study, Supplementary Table S3)
		<i>Amphipodius vagans</i>	ZZ/ZW ^a	Yes ^a
		<i>Amphipodius ruficornis</i>	Unknown	Yes ^a
		<i>Amphipodius nebulosus</i>	XY/XX ^a	Yes ^a
Oniscidea	Oniscidae	<i>Elanus parvipes</i>	ZZ/ZW ^a	No ^a
		<i>Parthenocaris pectus</i>	ZZ/ZW ^a	Yes ^a
		<i>Parthenocaris dilatata</i>	XY/XX ^a	Yes ^a
		<i>Parthenocaris dispar</i>	Unknown	Yes ^a
		<i>Parthenocaris scaber</i>	ZZ/ZW (This study)	Yes ^a
		<i>Parthenocaris lacustris</i>	ZZ/ZW ^a	Yes ^a
		<i>Parthenocaris prasinus</i>	Unknown	Yes ^a
		<i>Trichopoda rotunda</i>	ZZ/ZW ^a	Yes ^a
		<i>Oniscus asellus</i>	ZZ/ZW ^a	Yes ^a
		<i>Philoscia muscorum</i>	Unknown	Yes ^a
Amphipoda	Amphipodidae	<i>Amphipodius oghianus</i>	XY/XX (This study)	Yes ^a
		<i>Helleria brevicornis</i>	XY/XX ^a	Yes ^a
Amphipoda	Amphipodidae	<i>Ampelisca aquatica</i>	XY/XX ^a	Yes ^a

B



<A. 쥐머느리아목 (갑각아문: 연갑강: 등각목) 내 하위 분류군에서 보고된 성결정 시스템
B. 일부 등각목 하위 분류군 내 나타나는 *Wolbachia*와의 공생을 통해 영향받는 성결정 시스템>
(A: Chebbi, M. A. et al., 2019; B: Becking, T. et al., 2017)

전체 갑각류의 수에 비해 개체군 유전학 연구가 진행된 종은 현재까지 극소수의 종만이 보고되어 있다. 심지어 일부 분류군은 아예 개체군 유전학 연구가 진행되기 어려울 만큼 기초연구가 되어 있지 않은 분류군도 있는 것으로 파악된다. 앞서 언급한 한계점의 발견도 갑각류의 연구가 축적되고 있기에 가능한 논의인 것으로 파악되며, 향후 연구를 통한 지속적인 보고 및 축적을 통해 구체적인 해결 방안이 제시될 수 있을 것으로 보인다.

3) 동물계통분류학 기반 갑각류 연구

(1) 동물계통분류학 기반 갑각류 연구의 개요

갑각류(Crustacea)는 절지동물문(Arthropoda)의 주요 분류군 중 하나로, 해양·기수·담수·육상 등 다양한 환경에 적응하며 방대한 종 다양성을 보여준다. 이들은 형태적, 생태적 적응 범위가 넓어 진화생물학과 계통분류학 연구에서 중요한 위치를 차지해 왔다. 초기 연구는 주로 외형적 형질 (예: 두흉갑 (carapace), 복부 (segment), 가슴다리 (periopods) 등)을 근거로 한 전통적 형태분류에 의존했으나, 이러한 접근법은 수렴진화 (homoplasy)와 형태가소성 (morphological plasticity)에 의해 종 경계가 불분명해지는 한계를 가졌다(Martin & Davis, 2001; Poore, 2004).

20세기 후반 이후 분자생물학적 기법의 발전으로, 유전자 서열에 기반한 계통분석이 전통적인 형태분류의 불확실성을 보완하기 시작했다. 특히 16S, 18S, COI 등의 마커는 종 수준의 동정뿐 아니라, 상위 분류군의 진화적 관계를 재정립하는 데 큰 기여를 하였다(De Grave et al., 2009). 최근에는 형태학, 분자마커, 생태정보를 통합한 통합분류학(integrative taxonomy)이 등장하면서, 단일 증거에 의존하지 않는 다차원적 접근이 갑각류 분류학의 새로운 표준으로 자리 잡고 있다.

(2) 형태학적 접근을 통한 계통분류

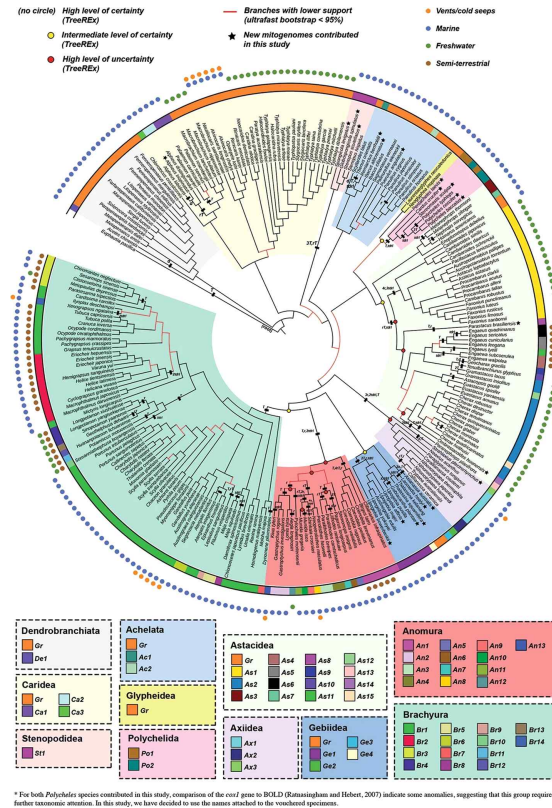
형태분류학은 오랫동안 갑각류의 종 개념을 정의하는 핵심적인 수단이었다. 두홍갑의 윤곽, 복부절의 비율, 측각·협각·턱다리 등의 구조는 전통적으로 주요 진단 형질로 활용되었다. 그러나 동일한 종 내에서도 성적 이형(sexual dimorphism)이나 환경적 요인에 따른 형태 변이가 크기 때문에, 주관적 판단에 의한 오류 가능성이 존재하였다. 이러한 한계를 보완하기 위해 등장한 기하학적 형태분석(geometric morphometrics)은 랜드마크(landmark) 기반 좌표 데이터를 통해 형태를 수치화함으로써, 형질 간 차이를 통계적으로 분석할 수 있게 하였다(Rohlf & Marcus, 1993; Klingenberg, 2010).

최근에는 마이크로CT나 3D 스캐너를 활용한 내부 구조 분석이 확산되면서, 외형뿐 아니라 내부 해부형태(예: 생식기, 갑각 내부근육, 신경구조 등)의 정밀 비교가 가능해졌다. 이러한 기술은 종 간 미세한 구조적 차이를 시각화함으로써, 기존의 2차원 이미지 분석보다 높은 해상도의 계통형질 자료를 제공한다(Tudge et al., 2012). 특히 이 접근법은 갑각류의 복잡한 갑각 구조와 부속지의 진화적 변화를 객관적으로 규명하는 데 유용하며, 향후 형태학 기반 분류의 표준화된 지표로 활용될 가능성이 높다.

(3) 분자계통학적 접근과 통합 분석

분자계통학은 형태분류의 한계를 보완하는 강력한 도구로 자리 잡았다. 대표적인 분자마커로는 미토콘드리아 유전자(*COI*, *16S rRNA*)와 핵 유전자(*18S*, *28S*)가 있으며, 특히 *COI*는 국제적 DNA 바코드 표준으로 널리 이용된다. 이를 통해 형태적으로 유사하나 유전적으로 이질적인 은밀종(cryptic species)의 존재가 다수 확인되었고, 분류체계의 재정립이 활발히 이루어지고 있다(Barber et al., 2002; Palero et al., 2010).

최근에는 차세대 염기서열 분석(Next-Generation Sequencing, NGS)을 이용한 전장 미토콘드리아 게놈(mitogenome) 및 UCE(ultraconserved elements) 기반 분석이 활발히 진행되고 있다. 이 접근법은 단일 유전자에 의존하던 기존 방법보다 훨씬 높은 분해능을 제공하여, 과거 불확실했던 상위 분류군 간 관계를 보다 정밀하게 해석할 수 있게 하였다(Tan et al., 2018). 또한 형태와 유전 데이터를 결합한 통합계통학적 접근은 개체의 형태적 변이와 유전적 다양성을 동시에 고려하여, 종 개념(species concept)을 재정의할 수 있게 하고 있다.



<미토콘드리아 계통을 기반으로 분석한 분지도>

(4) 생태적 요인과 계통진화의 상관성

갑각류의 진화적 다양성은 단순한 형태적 분화뿐 아니라 생태적 요인과의 밀접하게 연결되어 있다. 예를 들어, 한반도 연안에서는 기후변화로 인해 열대·아열대성 갑각류가 점차 북상하며 새로운 서식지를 확장하고 있다(Kim et al., 2014). 이러한 현상은 종 분포의 동태적 변화를 반영할 뿐 아니라, 장기적으로는 이소적 종분화(allopatric speciation)의 촉매로 작용할 가능성을 시사한다.

또한 공생(symbiosis)과 기생(parasitism)과 같은 생태적 상호작용 역시 진화 패턴을 결정짓는 주요 요인으로 작용한다. 예를 들어, 해변에 서식하는 갯가재류나 해초류에 서식하는 새우류의 경우, 숙주 환경에 따라 특정 형태형질이 반복적으로 진화하는 경향을 보인다. 이러한 생태적 요인과 계통진화의 상관성은 적응방산(adaptive radiation)의 대표적 사례로 간주하며, 계통분류학적 해석에 반드시 고려되어야 할 요소로 부상하고 있다(Tsang et al., 2014; Ng et al., 2008).

(5) 통합분류학(Integrative Taxonomy)의 필요성과 미래 전망

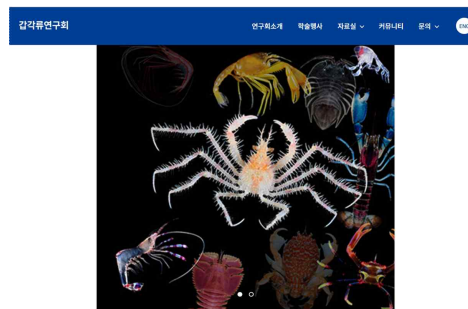
현대의 갑각류 분류학은 더 이상 단일 접근법으로는 충분하지 않다. 형태학, 분자계통학, 생태학적 데이터가 결합된 통합분류학은 은폐종 검출, 종 복합체(species complex)의 해소, 계통적 재배치 등에서 탁월한 성과를 보인다(Dayrat, 2005; Padial et al., 2010). 예를 들어, 형태적으로 유사한 Upogebia, Austinogebia, Laomedia 속의 종들은 COI·16S 서열 비교와 형태계측 데이터를 함께 분석함으로써, 종 수준의 변이를 명확히 구분할 수 있었다.

향후에는 전 세계 해양생물 데이터베이스(BOLD, WoRMS, GenBank 등)와 인공지능(AI) 기반 자동 분류 시스템이 연동됨으로써, 연구자의 주관적 판단을 최소화한 객관적 자동 분류체계 구축이 가능해질 것이다. 이러한 융합적 접근은 단순한 분류학을 넘어, 생물다양성 보전·기후변화 대응·산업적 응용 등 다양한 분야에서 활용될 수 있으며, 동물계통분류학의 실질적 응용 가치를 높이는 중요한 전환점이 될 것이다(Crandall & Fitzpatrick, 1996).

4) 홈페이지 및 연구자 명단 제작

(1) 홈페이지 제작

갑각류연구회는 연구자 간의 원활한 소통과 정보 공유를 위해 공식 홈페이지를 제작 중에 있다. 본 홈페이지는 연구회의 활동 성과를 체계적으로 기록하고, 갑각류 관련 연구자료를 공유하며, 다양한 전공의 연구자 간 학문적 교류를 촉진하기 위한 온라인 플랫폼으로 구축할 계획이다. 홈페이지 제작은 상명대학교, 전북대학교, 경북대학교 등 여러 기관의 대학원생과 연구자들이 협력하여 진행 중이며, 메뉴 구성은 연구회 소개, 연구활동 및 학술행사, 자료실, 커뮤니티, 문의 등 다섯 개 주요 항목으로 구성될 예정이다. 현재 기본 구조 및 콘텐츠 기획 단계가 완료되었으며, 시각 디자인 및 게시물 업로드 체계 구축이 진행 중이다. 홈페이지가 완성되면, 연구회 활동 내역을 체계적으로 관리할 수 있을 뿐 아니라 갑각류 연구자 네트워크의 온라인 허브로서 기능할 것으로 기대된다. 향후에는 홈페이지의 활용도를 높이고, 지속적인 업데이트를 통해 연구회의 성과 확산과 대외 소통을 강화할 계획이다.



<갑각류연구회 홈페이지>

(2) 연구자 명단 제작

갑각류연구회는 국내 갑각류 연구자 간의 네트워크 구축과 정보 공유를 목적으로 연구자 명단을 제작하였다. 명단 작성 과정에서는 한국동물분류학회의 협조를 받아 국내 갑각류 연구자의 주요 연구 분야와 소속을 검토하였으며, 학회 회원 정보를 기반으로 분류군별 연구자 현황을 정리하였다. 본 명단은 갑각류의 주요 분류군(구갑류, 단각류, 등각류, 십각류, 요각류 등)을 중심으로 구성되었으며, 각 분야별 연구자 수를 산정하여 아래 표와 같이 제시하였다. 본 자료는 향후 연구회 홈페이지에 반영되어, 국내 갑각류 연구자 간의 협력 촉진과 연구 정보 교류에 활용될 예정이다.

<갑각류연구자 명단>

분류군	연구자 수(명)	비고
구각류(Cirripede)	1	
단각류(Amphipoda)	9	
등각류(Isopoda)	2	
십각류(Decapoda)	10	
요각류(Copepod)	4	
기타	9	
총합	35	

3. 결론

갑각류연구회는 갑각류의 생물다양성 보전과 학문 간 융합연구 활성화를 목표로, 6회의 정기 모임을 개최하여 연구자들이 직접 만나 학술 교류와 협력을 심화할 수 있는 장을 마련하고자 하였다. 이를 통해 다양한 연구 주제에 대한 토의와 정보 교류가 활발히 이루어졌으며, 대학원생인 신진 연구자들과 지도교수를 포함한 선임 연구자들 간의 세대 간 학문적 연계가 강화되었다. 이러한 교류는 향후 갑각류 생물다양성 연구의 방향성을 설정하고, 장기적인 협력 기반을 다지는 데 중요한 의미를 지닌다.

또한, 갑각류 생물다양성 보전과 학문 간 융합을 주제로, 생물정보학·인공지능, 개체군유전학, 동물계통분류학의 통합적 접근에 대한 신진 연구자 중심의 토론 활동을 진행하였다. 이를 통해 각 연구자는 전공 분야의 이론과 방법론을 공유하며, 생물정보학 기반 이미지 분석, 개체군유전학적 변이 해석, 통합분류학적 접근 등 다양한 관점을 교류하였다. 이러한 토론은 학제적 사고력과 비판적 분석 능력을 높이고, 분야 간 상호 이해를 증진시켜 새로운 공동연구 주제 발굴과 협력 네트워크 구축의 계기를 마련하였다. 나아가 신진 연구자들이 중심이 되어 논의와 협업을 이끌어감으로써, 갑각류 생물다양성 보전 연구를 보다 융합적이고 체계적인 방향으로 발전시키는 데 기여하였다.

아울러 갑각류연구회 홈페이지 제작과 갑각류 연구자 명단 제작을 추진하여 연구자 간 협력과 정보 공유를 촉진할 수 있는 기반을 마련하였다. 이를 통해 각 분야 연구자의 전공 및 연구 정보를 체계적으로 관리하고, 연구성과·학술행사 일정·공동연구 현황 등을 통합적으로 파악할 수 있는 중앙 플랫폼을 구축함으로써, 향후 국내외 연구자 간 네트워크와 공동연구 활성화에 기여할 것으로 기대된다.

이와 같은 활동들은 국내 갑각류 연구의 구심점을 형성하고, 학문 간 교류와 협력의 지속가능한 기반을 조성하는 데 큰 의미를 지닌다. 본 연구모임은 앞으로도 정기적인 학술 교류와 공동연구를 확대하여, 기후변화와 환경 스트레스 요인에 대응할 수 있는 통합 연구 역량을 강화하고, 갑각류 생물다양성 보전 및 수생태계 건강성 유지에 실질적으로 기여할 수 있는 연구 생태계를 구축할 것이다.

참고문헌

- Ahmed, O. M. (2020). Gene Expression Classification Based on Deep Learning. *2019 4th Scientific International Conference Najaf (SICN), IEEE*, 145 - 149.
- Ahmed, O. M., & Sallow, A. B. (2017). Android security: a review. *Academic Journal of Nawroz University*, 6(3), 135-140.
- Ali, M., Benfante, V., Basirinia, G., Alongi, P., Sperandeo, A., Quattrocchi, A., ... & Comelli, A. (2025). Applications of artificial intelligence, deep learning, and machine learning to support the analysis of microscopic images of cells and tissues. *Journal of Imaging*, 11(2), 59.
- Alzakholi, O., Shukur, H., Zebari, R., Abas, S., & Sadeeq, M. (2020). Comparison Among Cloud Technologies and Cloud Performance. *Journal of Applied Science and Technology Trends*, 1(2), 40 - 47.
- Asem, A., Eimanifar, A., Li, W., Wang, P. Z., Brooks, S. A., & Wink, M. (2019). Phylogeography and population genetic structure of an exotic invasive brine shrimp, *Artemia* Leach, 1819 (Crustacea: Anostraca), in Australia. *Australian Journal of Zoology*, 66(6), 307-316.
- Azra, M. N., Chen, J. C., Ikhwanuddin, M., & Abol-Munafi, A. B. (2018). Thermal tolerance and locomotor activity of blue swimmer crab *Portunus pelagicus* instar reared at different temperatures. *Journal of thermal biology*, 74, 234-240.
- Barber, P. H., Palumbi, S. R., Erdmann, M. V., & Moosa, M. K. (2002). Sharp genetic breaks among populations of *Haptosquilla pulchella* (Stomatopoda) indicate limits to larval dispersal. *Science*, 296(5577), 1003 - 1005. <https://doi.org/10.1126/science.1069767>
- Becking, T., Giraud, I., Raimond, M., Moumen, B., Chandler, C., Cordaux, R., & Gilbert, C. (2017). Diversity and evolution of sex determination systems in terrestrial isopods. *Scientific Reports*, 7(1), 1084.
- Behringer, D. C., & Duermit-Moreau, E. (2021). Crustaceans, One Health and the changing ocean. *Journal of invertebrate pathology*, 186, 107500.
- Bickford, D., Lohman, D. J., Sodhi, N. S., Ng, P. K., Meier, R., Winker, K., ... & Das, I. (2007). Cryptic species as a window on diversity and conservation. *Trends in ecology & evolution*, 22(3), 148-155.
- Chebbi, M. A., Becking, T., Moumen, B., Giraud, I., Gilbert, C., Peccoud, J., & Cordaux, R. (2019). The genome of *Armadillidium vulgare* (Crustacea, Isopoda) provides insights into sex chromosome evolution in the context of cytoplasmic sex determination. *Molecular Biology and Evolution*, 36(4), 727-741.
- Crandall, K. A., & Fitzpatrick, J. F. Jr. (1996). Crayfish molecular systematics: Using a combination of morphological and molecular approaches to resolve phylogeny. *Annual Review of Ecology and Systematics*, 27, 313 - 338. <https://doi.org/10.1146/annurev.ecolsys.27.1.313>
- Dawood, M. A., Noreldin, A. E., & Sewilam, H. (2021). Long term salinity disrupts the hepatic function, intestinal health, and gills antioxidative status in Nile tilapia stressed with hypoxia. *Ecotoxicology and environmental safety*, 220, 112412.
- Dawood, M. A., Noreldin, A. E., & Sewilam, H. (2021). Long term salinity disrupts the hepatic function, intestinal health, and gills antioxidative status in Nile tilapia stressed with hypoxia. *Ecotoxicology and environmental safety*, 220, 112412.
- Dayrat, B. (2005). Towards integrative taxonomy. *Biological Journal of the Linnean Society*, 85(3), 407 - 415. <https://doi.org/10.1111/j.1095-8312.2005.00503.x>
- De Grave, S., Pentcheff, N. D., Ahyong, S. T., Chan, T. Y., Crandall, K. A., Dworschak, P. C., Felder, D. L., Feldmann, R. M., Fransen, C. H. J. M., Goulding, L. Y. D., Lemaitre, R., Low, M. E. Y., Martin, J. W., Ng, P. K. L., Schweitzer, C. E., Tan, S. H., Tshudy, D., & Wetzer, R. (2009). A classification of living and fossil genera of decapod crustaceans. *Raffles Bulletin of Zoology Supplement*, 21, 1 - 109.
- De Silva, S. S., & Soto, D. (2009). Climate change and aquaculture: potential impacts, adaptation and mitigation. Climate change implications for fisheries and aquaculture: overview of current scientific knowledge. *FAO Fisheries and Aquaculture Technical Paper*, 530, 151-212.
- Dino, H., Abdulrazzaq, M. B., Zeebaree, S. R. M., Sallow, A. B., Zebari, R. R., Shukur, H. M., & Haji, L. M. (2020). Facial Expression Recognition based on Hybrid Feature Extraction Techniques with Different Classifiers. *TEST Engineering & Management*, 83, 22319 - 22329
- Drumm, D. T., & Kreiser, B. (2012). Population genetic structure and phylogeography of *Mesokalliapseudes macswenyi* (Crustacea: Tanaidacea) in the northwestern Atlantic and Gulf of Mexico. *Journal of Experimental Marine Biology and Ecology*, 412, 58-65.
- Fišer, C., Robinson, C. T., & Malard, F. (2018). Cryptic species as a window into the paradigm shift of the species

concept. *Molecular ecology*, 27(3), 613–635.

- Fisheries, F. A. O. (2024). The state of world fisheries and aquaculture 2024 blue transformation in action.
- Greater vulnerability to warming of marine versus terrestrial ectotherms
- Haji, L. M., Ahmad, O. M., Zeebaree, S. R., Dino, H. I., Zebari, R. R., & Shukur, H. M. (2020). Impact of cloud computing and internet of things on the future internet. *Technology Reports of Kansai University*, 62(5), 2179–2190.
- Hamilton, M. B. (2021). Population genetics. John Wiley & Sons.
- Hussein, H. I., & Abdullah, W. M. (2018, October). A modified table lookup substitution method for hiding data in DNA. In *2018 International Conference on Advanced Science and Engineering (ICOASE)* (pp. 268–273). IEEE.
- Kilpert, F., Held, C., & Podsiadlowski, L. (2012). Multiple rearrangements in mitochondrial genomes of Isopoda and phylogenetic implications. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 64(1), 106–117.
- Kim, G., Kim, H., Mun, S., Choi, E. H., Nguyen, A. D., & Hwang, U. W. (2023). Molecular population genetics and phylogeographic studies of *Ligia exotica* and *Ligia cinerascens* in East Asia. *Frontiers in Marine Science*, 10, 1260–1271.
- Kim, W., Hong, S. Y., & Lee, S. K. (2014). Marine decapod crustaceans of Korea: A review of biodiversity and faunal composition. *Journal of Species Research*, 3(2), 79–99. <https://doi.org/10.12651/JSR.2014.3.2.079>
- Klingenberg, C. P. (2010). Morphometric integration and modularity in configurations of landmarks: tools for evaluating a developmental basis for morphological integration. *Evolutionary Biology*, 37(2–3), 115–129. <https://doi.org/10.1007/s11692-010-9093-7>
- Knowlton, N. (1986). Cryptic and sibling species among the decapod Crustacea. *Journal of crustacean biology*, 6(3), 356–363.
- Marra, A., Mona, S., Sà, R. M., D'onghia, G., & Maiorano, P. (2015). Population genetic history of *Aristeus antenna tus* (Crustacea: Decapoda) in the western and central Mediterranean Sea. *PLoS ONE*, 10(3), e0117272.
- Martin, J. W., & Davis, G. E. (2001). An updated classification of the recent Crustacea. *Natural History Museum of Los Angeles County, Science Series*, 39, 1–124.
- Mohammed, A. J., Hassan, M. M., & Kadir, D. H. (2020). Improving Classification Performance for a Novel Imbalanced Medical Dataset using SMOTE Method. *International Journal*, 9(3).
- Mugwanya, M., Dawood, M. A., Kimera, F., & Sewilam, H. (2022). Anthropogenic temperature fluctuations and their effect on aquaculture: A comprehensive review. *Aquaculture and Fisheries*, 7(3), 223–243.
- Mustafa, O. M., Haji, D., Ahmed, O. M., & Haji, L. M. (2020). Big Data: Management, Technologies, Visualization, Techniques, and Privacy. *Technology Reports of Kansai University*, 62(05).
- Ng, P. K. L., Guinot, D., & Davie, P. J. F. (2008). Systema Brachyurorum: Part I. An annotated checklist of extant Brachyuran crabs of the world. *Raffles Bulletin of Zoology, Supplement 17*, 1–286.
- Padiál, J. M., Miralles, A., De la Riva, I., & Vences, M. (2010). The integrative future of taxonomy. *Frontiers in Zoology*, 7(1), 16. <https://doi.org/10.1186/1742-9994-7-16>
- Palero, F., Crandall, K. A., Abelló, P., Macpherson, E., & Pascual, M. (2010). Phylogenetic relationships between subfamilies of Palinuridae (Decapoda: Achelata) based on mitochondrial markers. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 55(1), 65–75. <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2009.10.022>
- Phan, T. Y., von Rintelen, K., Le, H. A., & von Rintelen, T. (2025). Descriptions of four new species of atyid shrimp (Crustacea, Decapoda, Atyidae) in Vietnam. *ZooKeys*, 1247, 151.
- Pinsky, M. L., Eikeset, A. M., McCauley, D. J., Payne, J. L., & Sunday, J. M. (2019). Greater vulnerability to warming of marine versus terrestrial ectotherms. *Nature*, 569(7754), 108–111.
- Poore, G. C. B. (2004). Marine Decapod Crustacea of Southern Australia: A Guide to Identification. *CSIRO Publishing, Melbourne*, 574 pp.
- Qu, X., Ma, Z., Wu, X., & Lv, L. (2025). Recent Advances of Processing and Detection Techniques on Crustacean Allergens: A Review. *Foods*, 14(2), 285.
- Ragionieri, L., & Schubart, C. D. (2013). Population genetics, gene flow, and biogeographical boundaries of *Carcinus aestuarii* (Crustacea: Brachyura: Carcinidae) along the European Mediterranean coast. *Biological Journal of the Linnean Society*, 109(4), 771–790.
- Raupach, M. J., & Wägele, J. W. (2006). Distinguishing cryptic species in *Antarctic Asellota* (Crustacea: Isopoda)—a preliminary study of mitochondrial DNA in *Acanthaspidia drygalskii*. *Antarctic Science*, 18(2), 191–198.
- Rohlf, F. J., & Marcus, L. F. (1993). A revolution in morphometrics. *Trends in Ecology & Evolution*, 8(4), 129–132. [https://doi.org/10.1016/0169-5347\(93\)90024-J](https://doi.org/10.1016/0169-5347(93)90024-J)

- Saleh, A., Hasan, M. M., Raadsma, H. W., Khatkar, M. S., Jerry, D. R., & Azghadi, M. R. (2024). Prawn morphometrics and weight estimation from images using deep learning for landmark localization. *Aquacultural Engineering*, 106, 102391.
- Santamaria, C. A. (2019). Molecular taxonomy of endemic coastal *Ligia* isopods from the Hawaiian Islands: re-description of *L. hawaiiensis* and description of seven novel cryptic species. *PeerJ*, 7, e7531.
- Schön, I., Pinto, R. L., Halse, S., Smith, A. J., Martens, K., & Birky Jr, C. W. (2012). Cryptic species in putative ancient asexual darwinulids (Crustacea, Ostracoda). *PLoS One*, 7(7), e39844.
- Schwentner, M., & Lörz, A. N. (2021). Population genetics of cold water coral associated Pleustidae (Crustacea, Amphipoda) reveals cryptic diversity and recent expansion off Iceland. *Marine Ecology*, 42(1), e12625.
- Seidel, R. A., Lang, B. K., & Berg, D. J. (2009). Phylogeographic analysis reveals multiple cryptic species of amphipods (Crustacea: Amphipoda) in Chihuahuan Desert springs. *Biological Conservation*, 142(10), 2303–2313.
- Susanto, G. N. (2021). Crustacea: The increasing economic importance of crustaceans to humans. In *Arthropods—Are They Beneficial for Mankind?*. *IntechOpen*.
- Tan, M. H., Gan, H. M., Lee, Y. P., Bracken-Grissom, H., Chan, T. Y., Miller, A. D., & Austin, C. M. (2019). Comparative mitogenomics of the Decapoda reveals evolutionary heterogeneity in architecture and composition. *Scientific Reports*, 9(1), 10756.
- Tan, M. H., Gan, H. M., Lee, Y. P., Poore, G. C. B., & Austin, C. M. (2018). Comparative mitogenomics of crustaceans and phylogenetic implications. *BMC Genomics*, 19(1), 824. <https://doi.org/10.1186/s12864-018-5174-2>
- Tsang, L. M., Schubart, C. D., Ahyong, S. T., Lai, J. C. Y., Au, E. Y. C., Chan, T. Y., Ng, P. K. L., & Chu, K. H. (2014). Evolutionary history of true crabs (Crustacea: Decapoda: Brachyura) and the origin of freshwater crabs. *Molecular Biology and Evolution*, 31(5), 1173 - 1187. <https://doi.org/10.1093/molbev/msu068>
- Tudge, C. C., Poore, G. C. B., & Lemaitre, R. (2012). Crustacea Decapoda (Crabs, Lobsters, Shrimps, and Allies). In: A. Minelli, G. Boxshall & G. Fusco (Eds.), *The Crustacea: Treatise on Zoology - Anatomy, Taxonomy, Biology, Vol. 9 Part B. Brill, Leiden*, pp. 1 - 40.
- Wacker, A., & Harzsch, S. (2021). Crustaceans in a changing world. *Zoology (Jena, Germany)*, 146, 125921.
- Walther, G. R., Post, E., Convey, P., Menzel, A., Parmesan, C., Beebee, T. J., ... & Bairlein, F. (2002). Ecological responses to recent climate change. *Nature*, 416(6879), 389–395.
- Yuan, J., Zhang, X., Kou, Q., Sun, Y., Liu, C., Li, S., ... & Li, F. (2022). Genome of a giant isopod, *Bathynomus jamaesi*, provides insights into body size evolution and adaptation to deep-sea environment. *BMC biology*, 20(1), 113.
- Zeebaree, D. Q., Haron, H., Abdulazeez, A. M., & Zeebaree, S. R. M. (2017). Combination of K-means clustering with Genetic Algorithm: A review. *International Journal of Applied Engineering Research*, 12(24), 14238 - 14245.
- Zeebaree, S. R., Haji, L. M., Rashid, I., Zebari, R. R., Ahmed, O. M., Jacksi, K., & Shukur, H. M. (2020). Multicomputer multicore system influence on maximum multi-processes execution time. *TEST Engineering & Management*, 83(03), 14921–14931.
- Zhang, D., Zou, H., Hua, C. J., Li, W. X., Mahboob, S., Al-Ghanim, K. A., ... & Wang, G. T. (2019). Mitochondrial architecture rearrangements produce asymmetrical nonadaptive mutational pressures that subvert the phylogenetic reconstruction in Isopoda. *Genome biology and evolution*, 11(7), 1797–1812.
- Zhao, Z.-Q., Zheng, P., Xu, S., & Wu, X. (2019). Object detection with deep learning: A review. *IEEE Transactions on Neural Networks and Learning Systems*, 30(11), 3212 - 3232.
- Zhu, G., Liu, Z., Yang, Y., Wang, Z., Yang, W., & Xu, L. (2019). Thermal and saline tolerance of Antarctic krill *Euphausia superba* under controlled in-situ aquarium conditions. *Journal of Oceanology and Limnology*, 37(3), 1080–1089.