

## Research Article

# 우리나라 서울 도심권에서 멸종위기종 산양 출현에 대한 분자적 증거

김혜리<sup>1</sup>, 이재봉<sup>2</sup>, 정상민<sup>1</sup>, 김태욱<sup>1</sup>, 손장익<sup>1</sup>, 윤정주<sup>3</sup>, 한상현<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>국립공원공단 국립공원야생생물보전원, 영주, 36015, 한국

<sup>2</sup>국립경상대학교 인수공통전염병연구소, 익산, 54531, 한국

<sup>3</sup>서울방송 교양제작국, 서울 03916, 한국

## Molecular evidence for occurrence of endangered long-tailed goral in Seoul metropolitan city, South Korea

Hye-Ri Kim<sup>1</sup>, Jae-Bong Lee<sup>2</sup>, Sang-Min Jeong<sup>1</sup>, Tae-Wook Kim<sup>1</sup>, Jang-Ick Son<sup>1</sup>, Jeong-Joo Youn<sup>3</sup>, Sang-Hyun Han<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>National Park Institute for Wildlife Conservation, Korea National Park Service, Yeongju, 36015, Korea

<sup>2</sup>Korea Zoonosis Research Institute(KoZRI), Chonbuk National University, Iksan, 54531, Korea

<sup>3</sup>Department of Culture & Documentary, Seoul Broadcasting System, Seoul, 03916, Korea

\*Corresponding author: Sang-Hyun Han, National Park Institute for Wildlife Conservation, Yeongju, 36015, Korea, Tel : +82-54-637-9121, E-mail : [hansh04@knps.or.kr](mailto:hansh04@knps.or.kr)

### ABSTRACT

The study examined the habitation and the number of long-tailed gorals by molecular identification, sexing discrimination, and identity tests on feces and hair samples estimated to be endangered long-tailed goral in Mt. Yongmasan, Mt. Achasan and Mt. Inwangsan near Seoul metropolitan city. Mitochondrial *cytochrome oxidase I (COI)* gene sequences showed that the DNA samples from the three mountains were those of long-tailed goral (*Naemorhedus caudatus*). The molecular sexing results showed that there were a female and a male in Mt. Yongmasan, a male in Mt. Achasan, but no informative results for Mt. Inwangsan. The identity test results indicated that the males of Mt. Yongmasan and Mt. Achasan were the same male, estimating the shift of this male from Mt. Yongmasan to Mt. Achasan. In addition, the goral of Mt. Inwangsan had a different *COI* sequence from those of Mt. Yongmasan and Mt. Achasan estimated to be this male with a different maternal lineage. Our present findings provide molecular evidence that at least three gorals have been inhabiting or continuously visiting the mountainous areas of Seoul metropolitan city, suggesting that a management system may be necessary for protecting this natural habitat of endangered long-tailed goral.

**Key words:** endangered species, genetic identification, long-tailed goral, *Naemorhedus caudatus*, Seoul metropolitan city

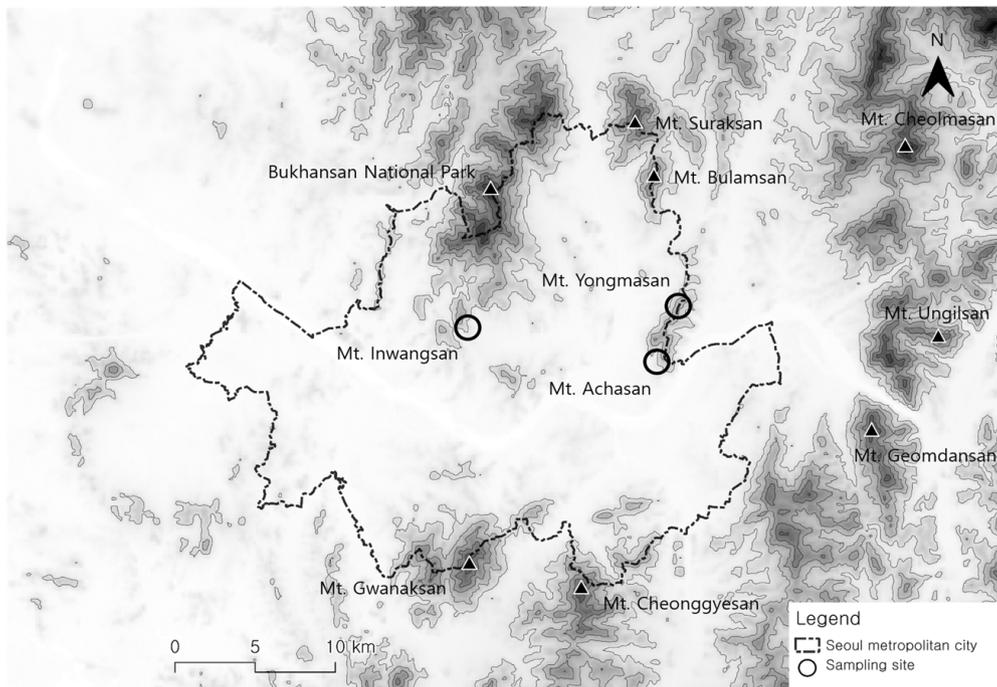
### INTRODUCTION

산양(*Naemorhedus caudatus*)은 히말라야에서부터 동북아시아에 걸쳐 분포하며, 우리나라에서는 *N. caudatus raddeanus* 아종이 강원도와 충청북도, 경상북도 산지에서 서식하고 있다(Yoon et al., 2004). 서식지는 보통 고산지역의 암벽지역이며, 일반적으로 단독 또는 4 - 12 마리씩 무리지어 생활하나, 수컷 성체의 경우는 교미시기를 제외하면 대부분 홀로 지낸다(Won, 1967; Yoon et al., 2004; Jo et al., 2018).

20세기 동안 밀렵과 서식지 파괴에 의해 개체 수가 급감하면서 천연기념물 및 멸종위기야생생물 I급으로 지정되어 있다. 1964 - 1965년 간 강원도 폭설로 인해 발견된 개체만 6,000여 마리에 이를 정도로 많았으나(Won, 1967), 1982년 약 40여 마리까지 급감하였고, 2002년에는 700 - 800여 마리가 서식하는 것으로 보고되었다(Yang, 2002). 대부분 비무장지대(demilitarized zone, DMZ)나 강원도 북부(설악산, 오대산), 경상북도 울진 등의 산악 지대에서 서식한다고 알려져 있으나, 2013년에는 서울 외곽인 경기도 포천, 2018년에는 포천과 서울 인근에서 관찰되기도 하였다(Jo et al., 2018).

분변이나 털과 같은 비침습적 시료를 이용한 야생동물 연구는 동물의 희생이나 상해 없이 생태 정보를 습득할 수 있는 유용한 방법이다(King et al., 2008; Roy et al., 2012; Bhandari et al., 2019). 하지만 분변 DNA 자체가 양이 적고, 질도 좋지 않으며, 외부에서 유래된 DNA에 의한 오염, 중합효소연쇄반응(polymerase chain reaction, PCR) 저해제에 의한 유전자형 판독 오류의 가능성 때문에, 반복적인 실험과 실험과정에서 고도의 주의가 요구된다(Taberlet et al., 1996; Fernando et al., 2003; Opel et al., 2010; Ramon-Laca et al., 2015). 그럼에도 불구하고 비침습 시료에서 얻은 DNA 정보는 서식지 내 동식물상의 정보와 종 내, 종 간 상호작용을 이해하는 데 필요한 중요한 정보를 제공하며, 밀렵, 야생동물 밀거래, 야생동물에 의한 사람의 피해 등을 조사하는 데 있어 매우 중요한 분자적 증거로 이용되고 있다(Mucci et al., 2014; Bohmann et al., 2014; Ogden and Linacre, 2015; Staats et al., 2016).

2000년대 들어 산양 보호에 대한 관심 증가와 복원사업 추진으로 자연 상태에서의 산양 개체군은 지속적으로 증가하고 있으나, 아직도 강원도, 경상북도, 충청북도, 경기 북부 산악지역과 비무장지대 등에 한정되어 있다. 하지만, 2018년 이후 서울 동북쪽 경계 지역에 위치한 용마산과 아차산에서 산양으로 추정되는 동물들이 관찰됨에 따라 이들의 분변을 수집하여 미토콘드리아 DNA (mtDNA) 서열을 이용하여 분자 수준에서 종을 동정하고, Y-염색체 특이 *sex-related region Y (SRY)* 및 *zinc finger X-Y region (ZFX/Y)* 유전자를 이용한 성 판별, 핵 DNA microsatellite (MS) 마커의 대립유전자형에 근거한 동일성 검사를 통해 산양 개체 수를 산출하고자 하였다.



**Figure 1.** Map of sample collection sites at the Mt. Yongmasan, the Mt. Achasan, and the Mt. Inwangsan.

## MATERIALS AND METHODS

### 1. 분석시료와 DNA 추출

서울시의 동북쪽 경계에 위치한 용마산과 아차산, 북서부 지역인 인왕산에서 산양으로 추정되는 우제류가 관찰되었고, 현장 조사를 통해 수집한 우제류 분변 시료 8점에서 DNA를 추출하여 분석하였다(Figure 1). 용마산 우제류 분변은 2018년 처음 목격된 이후 2019년, 2020년에 각각 수집하였으며, 아차산에서는 2020년 5월 20일 산양으로 추정되는 동물의 분변 시료를 수집하였다. 또한 2020년 10월 인왕산에서 산양으로 추정되는 동물이 발견되었고, 현장조사에서 수집한 털 시료에서 DNA를 추출하여 분석에 이용하였다(Table 1). 분변 시료의 DNA 추출은 QIAamp Fast DNA Stool Mini Kit (Qiagen, Hilden, Germany), 털 시료의 DNA 추출은 QIAamp Micro DNA Kit (Qiagen, Hilden, Germany)를 이용하였다. 추출한 DNA는 PCR을 위한 주형으로 이용하였다.

**Table 1.** Samples information and analysis results for ungulate fecal samples collected in Seoul metropolitan city

Sample ID	Collection information		Analysis result		NCBI Acc. No.
	Time	Location	Molecular sexing	Identity test*	
YM01	2018.	Mt. Yongmasan	Female	id_01	OR414363
YM02	2018.	Mt. Yongmasan	Male	id_02	OR414363
YM03	2019.	Mt. Yongmasan	Male	id_02	OR414363
YM04	2020. 2.	Mt. Yongmasan	Male	id_02	OR414363
AC01	2020. 5.	Mt. Achasan	Male	id_02	OR414363
AC02	2020. 5.	Mt. Achasan	Male	id_02	OR414363
AC03	2020. 5.	Mt. Achasan	Male	id_02	OR414363
IW01	2020. 10.	Mt. Inwangasan.	Unknown	id_03	OR414362

\*, Identity test was carried out comparing MS genotypes. A male goral of the Mt. Yongmasan was identical to that of the Mt. Achasan.

### 2. 미토콘드리아 DNA 서열을 이용한 종 동정

수집된 시료의 종 동정을 위해 미토콘드리아 DNA의 *cytochrome oxidase I (COI)* 유전자를 PCR 증폭하였다. PCR 증폭을 위한 프라이머는 기존에 산양에서 보고된 mtDNA 전체 서열(Acc. No. FJ469673)에서 고안하였다: NcaCOIF 5'-CAA CCC GGG ACT CTA CTT-3'; NcaCOI2R, 5'-CCC TCC TCT AGC AGG CAA TC-3'. PCR은 Multiplex Plus PCR Kit (Qiagen, Hilden, Germany)와 혼합하여 20 ul로 반응하였고, Mastercycler Nexus Gradient (Eppendorf, Germany)를 이용하여 증폭하였다. PCR 반응은 94°C에서 5분간 초기 변성 후, 94°C 30초, 62°C 45초, 72°C 45초로 이어지는 연쇄반응을 35회 수행한 후, 72°C에서 5분간 최종 신장하였다. 증폭이 끝난 PCR 산물은 1.5% agarose 겔 상에서 전기영동하여 확인한 후, DNA 염기서열 분석에 이용하였다.

### 3. 염기서열 결정 및 계통유연관계 분석

미토콘드리아 DNA *COI* 절편에 대한 PCR 산물은 정제 후 dye-termination method를 이용하여 반응한 후, ABI Automated DNA Sequencer 3730XL (Applied Biosystems, Foster City, CA)을 이용하여 결정하였다. 결정된 DNA 염기서열은 미국 국립생명공학정보센터(National Centre for Biotechnology information, NCBI)의 nucleotide database BLAST (basic local alignment search tool, <https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>) 검색에서 최고 유사서열을 확인하였다. 최고 유사 서열로 확인된 산양과 고라니의 유전자 서열과 우리나라와 인근 동북아시아에 서식하는 우제류(중국산양, 히말라야 산양, *Capricornis* 속 동물들과 염소, 양 등)의 서열들을 수집하여 계통유연관계를 분석하였다. 수집한 서열들을 CLUSTAL W (Larkin et al., 2007)를 이용하여 다중정렬한 후, MEGA 6.0 (Tamura et al., 2013) 프로그램을 이용하여 neighbor-joining tree를 작성하였다.

## 4. 분자 성 판별

분자 성 판별은 수컷 특이적인 Y-염색체 유전자인 *sex-related region Y (SRY)*와 *zinc finger X-Y region (ZFX)* 유전자의 증폭 여부에 따라 결정하였다. *SRY* 유전자와 *ZFX* 유전자 증폭을 위한 프라이머는 이번 연구를 위해 개발하였으며, *SRY*는 SRY152F, 5'-ACG CCT TCA TTG TGT GGT CTC-3'; SRY152R, 5'-TCT CTG TGC CTC CTC AAA GAAT-3', *ZFX*는 NcaZF\_F, 5'-GCA GCAAGT AGC CTA ACA TAG GAG TA-3'; NcaZF\_R, 5'-GGA AAA GAA AGG AGC ATG AGT GAT C-3'을 이용하였다. PCR은 Multiplex Plus PCR Kit (Qiagen, Hilden, Germany)와 혼합하여 10 ul로 반응하였고, Mastercycler Nexus Gradient (Eppendorf, Germany)를 이용하여 증폭하였다. PCR 반응은 95°C에서 5분간 초기 변성 후, 94°C 45초, 64°C 45초, 72°C 45초로 이어지는 연쇄반응을 40회 수행한 후, 72°C에서 5분간 최종 신장하였다. 증폭이 끝난 PCR 산물은 1.5% agarose 겔 상에서 전기영동하고, PCR 산물 밴드를 관찰하여 암컷, 수컷을 판독하였다.

## 5. Microsatellite 대립유전자형 결정 및 동일성 검사

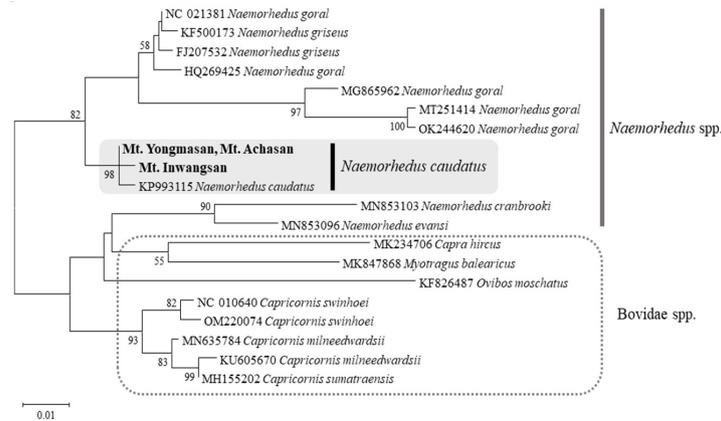
수집된 산양 DNA 시료의 동일성 검사를 위하여, MS 대립유전자형을 분석하였다. MS 마커는 기존에 산양(An et al., 2005, 2010)과 우제류(Toldo et al., 1993; Steffen et al., 1993)에서 보고된 9개의 마커(SY12B, SY17, SY50, SY58, SY141, ETH10, TGLA53, ETH225, TGLA122)를 선발하였다. PCR 증폭용 프라이머 중 한쪽을 각각 FAM, NED, VIC, PET 등으로 표지하고, PCR은 Multiplex Plus PCR Kit (Qiagen, Hilden, Germany)와 혼합하여 10 ul로 반응한 후 Mastercycler Nexus Gradient (Eppendorf, Germany)를 이용하여 증폭하였다. 비침습시료에서의 대립유전자형 결정에서의 효율을 높이기 위해 단일 튜브에서 하나의 마커만을 증폭하였고(Taberlet et al., 1996), 증폭된 PCR 산물은 ABI Automated DNA Sequencer 3730XL (Applied Biosystems, Foster City, CA)에서 전개하였다. GeneMapper 프로그램으로 PCR 산물의 위치를 확인한 후 대립유전자형을 결정한 후, 수집된 시료에서 얻은 MS 대립유전자형을 직접 비교하였다. *COI* 유전자 서열이 산양으로 확인되지 않은 시료, 단일 유전자좌위에서 대립유전자가 2개보다 많은 경우는 외부 DNA의 오염으로 판단하여 분석에서 제외하였다.

# RESULTS AND DISCUSSION

## 1. 서울 도심권 일대의 산양 서식 확인

2018년부터 2020년까지 용마산, 아차산, 인왕산에서 수집된 우제류의 분변과 털에서 추출한 DNA에서 mtDNA *COI* 유전자 서열을 결정하고, NCBI 데이터베이스에서 BLAST 검색을 통해 최고 유사서열을 검출하고, 산양을 비롯한 근연의 우제류 서열들과 계통수를 작성하여 종을 동정하였다. 분석 결과 용마산, 아차산, 인왕산에서 채집한 시료들은 모두 산양(*N. caudatus*)에서 보고된 서열들과 99.9% 이상의 상동성을 나타내었다(자료 미기재). 용마산과 아차산에서 확인된 *COI* 유전자 서열(OR414363)은 인왕산의 *COI* 서열(OR414362)과는 서로 다르게 나타났으나(Table 1), 계통수 상에서 국내 보고된 산양의 서열들과 같은 계통군을 형성하였다(Figure 2). 이에 따라 이번 연구에서 분석된 시료들은 모두 멸종위기야생생물 I급인 산양의 것으로 확인되었다. 이상의 결과들은 서울 근교인 용마산과 아차산, 도심권인 인왕산 등지에서 산양이 서식하거나, 지속적으로 방문하고 있음을 나타내는 결과이다.

우리나라에서 산양은 1960년대 중반까지만 해도 많은 개체가 서식했던 것으로 알려져 있었으나(Won, 1967), 1982년 약 40여 마리까지 급감한 후, 2002년에는 700-800여 마리로 증가되었다(Yang, 2002). 하지만 산양 서식지는 대부분 백두대간을 따라 강원도와 경상북도의 산악지역이나 비무장지대 등으로 알려져 있고, 서울시에 40km 떨어진 경기도 포천에서 2013년에 밀렵된 사체가 확인된 정도이다(Jo et al., 2018). 반면 이 연구를 통해 용마산에서는 2018년 이후 지속적으로 확인되고 있으며, 2020년에는 아차산과 인왕산에서 산양 출현이 확인됨에 따라, 이들이 서울 근교와 도심권 산악지역에서 서식하거나, 또는 지속적으로 방문하고 있다고 판단된다.

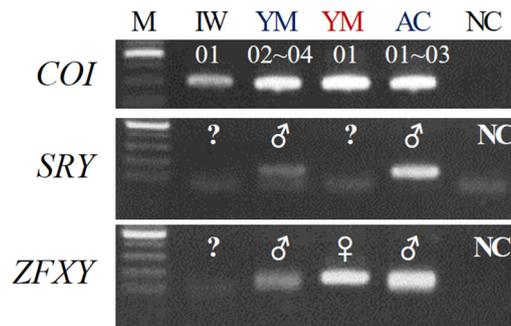


**Figure 2.** Molecular phylogenetic tree of *COI* gene sequences from ungulate fecal samples collected in Seoul metropolitan city and those of long-tailed goral (*Naemorhedus caudatus*) and its related animals previously reported. Fecal samples were collected at the Mt. Yongmasan, the Mt. Achasan and the Mt. Inwangsan. A bar under the tree indicates genetic distance.

## 2. 암수 성 판별

분자 종 동정에서 산양으로 확인된 DNA 시료들을 대상으로 암-수 성 판별을 수행하였다. *SRY*와 *ZFX Y*의 유전자의 증폭 양상을 비교했을 때, 2018년 용마산 시료에서는 암컷(YM01)과 수컷(YM02)이 모두 확인되었으나, 2019년(YM03), 2020년(YM04)에는 수컷만 확인되었다. 아차산 시료(AC01-03)는 수컷이었으나, 인왕산 시료(IW01)는 암수를 판독할 수 없었다(Table 1, Figure 3).

분변이나 털과 같이 야생동물에 대한 직접적인 상해 없이 수집할 수 있는 비침습 시료를 이용한 성 판별은 야생동물 연구에서 중요한 정보를 제공하고 있다. 특히, 산양과 같은 멸종위기야생생물에서 성체의 암-수 성비(sex ratio)는 향후 집단의 크기가 성장할 것인지, 감소할 것인지를 예측할 수 있는 척도로 이용될 수 있다(Le Galliard et al., 2005; Veran and Beissinger, 2009; Ancona et al., 2017). 이번 연구에서는 2018년 용마산에서 암컷과 수컷 산양이 모두 확인되었다. 이 결과는 용마산에서 번식 활동에 의한 새로운 개체의 출생 가능성을 암시한다. 그러나 이 암컷은 2018년 이후 더 이상 출현하지 않았으며, 수컷 한 마리만 지속적으로 관찰되었다. 일반적으로 암컷이 없는 상태에서의 개체군 크기는 점차 감소하여 절멸에 이르게 된다. 용마산의 경우 처음에는 암, 수 한 마리가 관찰되었으나, 이후 암컷이 자취를 감췄기 때문에 자체적인 개체군 증가는 기대할 수 없으며, 외부에서 새로운 유전자원 풀(gene pool)이 유입되지 않는 한, 개체 수가 증가 소지는 없다고 판단된다. 2020년 아차산에서 발견된 산양 역시 수컷(AC01~03)이므로 번식활동에 따른 개체군 형성은 기대되지 않는다.



**Figure 3.** Molecular sexing using *SRY* and *ZFX Y* gene for ungulate fecal DNA samples collected at the Mt. Yongmasan (YM), the Mt. Achasan (AC), and the Mt. Inwangsan (IW). NC is a female negative control. The question marks on the top of lanes indicate uninformative PCR products for sex determination. Combining the results from the amplification patterns of *SRY* and *ZFX Y*, males have two PCR bands from *SRY* and *ZFX Y* together but females have a only band from *ZFX Y* but not that from *SRY* due to lack of Y-chromosome.

### 3. 용마산 산양과 아차산 산양은 동일한 개체

용마산의 산양은 2018년부터 2020년까지 지속적으로 관찰되었으나, 아차산에서 산양이 관찰된 2020년 봄에는 용마산에서 산양의 활동이 확인되지 않았다. 용마산과 아차산에서 목격된 산양이 모두 수컷이고, 뿔과 형태가 유사하다는 점에서(자료 미기재), 두 시료에 대한 동일성 검사를 수행하였다. 분석 결과, 용마산에서 2018년부터 2020년 2월까지 확인되었던 수컷 시료들은 모두 동일 개체로 확인되었으며, 아차산의 분변 DNA와 털 DNA도 동일한 개체로 확인되었다. 또한 용마산 산양의 MS 마커 대립유전자형과 아차산 산양의 MS 마커 대립유전자형도 정확히 일치하여, 용마산과 아차산에서 목격되었던 수컷 산양은 동일한 개체로 확인되었다(Table 2). 지도 상에서 용마산과 아차산은 서울 동쪽, 한강 이북에 위치하며, 하천이나 도로에 의해서 분리되지 않은 서로 연결된 지형을 나타내고 있어(Figure 1), 용마산에서 활동하던 수컷 산양이 아차산으로 이동한 것으로 보인다. 다시 말해서, 용마산과 아차산은 산양이 동일한 서식지로 이용하고 있는 것으로 추정된다.

**Table 2.** Genetic identification of *Naemorhedus caudatus* in Seoul metropolitan city

Sample name*	MS genotypes																	
	SY12B		SY50		SY58		SY141		SY17		ETH10		TGLA53		ETH225		TGLA122	
YM01	136	136	184	192	202	206	262	264	152	152	209	217	144	150	154	158	143	145
YM02	136	136	184	192	202	206	262	264	152	152	209	217	144	150	154	158	143	145
YM03	136	136	184	192	202	206	262	264	152	152	209	217	144	150	154	158	143	145
YM04	136	136	184	192	202	206	262	264	152	152	209	217	144	150	156	158	143	145
AC01	136	136	184	192	202	206	262	264	152	152	-	-	144	150	154	158	143	145
AC02	136	136	184	192	202	206	262	264	152	152	209	217	144	150	154	158	143	145
AC03	136	136	184	192	202	206	262	264	152	152	209	217	144	150	154	158	143	145
M18-07	130	132	184	188	204	204	258	268	152	152	219	219	144	152	158	158	143	145

\*, YM, Mt. Yongmasan; AC, Mt. Achasan; M18-07, a male from the Seoraksan National Park and used as a negative control for the identity test.

### 4. 산양 서식지의 확산

2002년대 초 한국의 산양은 강원도와 경상북도로 이어지는 산악지역과 DMZ에 걸쳐 700-800여 개체가 서식하는 것으로 알려져 있으며(Yang, 2002), 2012년 이후 국립공원을 중심으로 개체군 복원사업이 진행되어, 설악산, 오대산, 월악산, 소백산, 속리산 등 국립공원지역과 고성, 양구, 화천 등 강원도 산간지역, 울진, 삼척 등 경상북도 동부 산악지역에서 산양의 서식이 확인되었다(Cho et al., 2015). 또한 2013년에는 경기도 포천, 2018년에는 포천과 서울 인근에서 발견되기도 하였다(Jo et al., 2018). Jo et al. (2018)의 보고에서 관찰된 서울 인근 산양은 이번 연구 대상 지역인 용마산의 산양 중 하나이며, 2018년 이후에도 용마산에서 지속적으로 관찰되었으며, 2020년에는 동일 개체가 아차산에서도 확인되었다. 용마산과 아차산 지역에서의 산양 출현은 멸종위기종 산양의 서식지 확산을 확인하는 중요한 사례가 될 것이다.

자연생태계에서의 개체군 확산은 개체군의 역동성, 유전적 구조에 중대한 영향을 주며, 생태학적, 생물학적 또는 무생물학적 요인에 의해 결정된다. 서식지 간 개체 이동은 개체 형질 뿐만 아니라 사회구조와 같은 개체군 특성에 영향을 준다(Johnson and Gaines, 1990; Weiß et al., 2016; De Villiers and Measey, 2017). 무생물학적 요인은 태풍이나 홍수, 가뭄, 지진, 산불, 빙하의 이동과 같은 자연현상에 의해 서식지 교란, 파괴에 따라 개체군의 해체나 분리에 의한 결과로 나타나지만, 반면 생태적 확산은 종 내, 종 간 경쟁이나 서식지의 질, 배우자 탐색 등 번식 참여를 위한 이주의 결과로 나타난다(Bowler and Benton, 2009; Clobert et al., 2009; Peeters et al., 2019). 진화적으로 번식과 관련된 개체군 확산은 성-편향적 확산(sex-biased dispersal) 양상을 나타내는 데, 지역 내에서 배우자 경쟁, 근친 회피, 새끼 보호를 위한 이주 등이 원인으로 제안되고 있다. 일부일처(monogamous) 형태의 번식체계를 나타내는 여러 조류에서는 보통 암컷-편향적 분산(female-biased dispersal)을 나타내고, 일부다처(polygynous) 형태를 나타내는 포유류에서는 수컷-편향적인 분산(male-biased dispersal)이 대부분이다(Greenwood, 1980; Handley and Perrin, 2007). 반면, 산악고릴라 *Gorilla beringei beringei* (Robbins

et al., 2009), hamadryas baboon (Hammond et al., 2006), 큰나무침서 *Tupaia tana* (Munshi-South, 2008) 등 포유류에서 FBD가 보고되었고, 사자 *Panthera leo* (Pusey and Packer, 1987), 곰류 (McLellan and Hovey, 2001; Dahle et al., 2006), 북아메리카수달 *Lontra canadensis* (Blundell et al., 2004), 백스타인박쥐 *Myotis bechsteinii* (Kerth et al., 2002) 등 많은 포유류는 MBD 양상을 보인다고 알려져 있다 (Handley and Perrin, 2007). 산양은 암컷의 행동권이 작고, 수컷의 행동권이 더 크며(Myslenkov and Voloshina, 1998; Cho, 2013; Cho et al., 2015, 2016), 특히 번식기 동안 수컷의 활동범위가 증가하고, 비록 드물기는 하지만 어린 수컷들이 새로운 서식지로 분산한다고 알려져 있다(Wilson and Mittermeier, 2011).

#### 4. 결론

이번 연구를 통해 용마산이나 아차산, 인왕산에서 발견된 산양이 어떠한 이유에서 이주한 것인지는 알 수 없으나, 다른 지역에서 식하는 개체군에서 이주했을 가능성이 높다. 또한 2018년 이후 지속적으로 발견되고 있다는 점에서 용마산-아차산 지역 역시 산양의 서식지 내지는 활동지역으로 이용되고 있다고 하겠다. 따라서 용마산, 아차산, 인왕산 등 서울 지역에서 산양의 활동 형태나 개체 수 증감 여부는 무인센서카메라 조사, 족적, 분변, 비뚨목 등 흔적조사, 분변이나 털에 대한 분자 유전학적 조사를 통해 지속적으로 자료가 수집되어야 할 것이다. 특히 도심지와 가까운 인왕산에서의 산양 출현은 인왕산-북한산-경기북부를 잇는 서식지 확산의 결과로 추정된다. 또한 이번 연구에서 산양 출현이 확인된 용마산-아차산, 인왕산 지역과 기존 산양 서식지로 알려진 포천, 경기도 내 DMZ 등과의 서식지 연결을 위한 생태통로의 확보, 서식지 질적 향상을 위한 번식 시기 탐방객 통제와 수렵제한, 위해동물 관리 등 종합적인 보호 프로그램이 마련되어야 할 것이다.

## ACKNOWLEDGEMENTS

본 논문은 국립공원공단 국립공원야생생물보전원의 “멸종위기종 증식·복원 사업”에서 수행된 결과의 일부이며, 이에 감사드립니다.

## REFERENCES

- An J, Choi SK, Sommer J, Louis E, Brennehan R, Zemanova B, Hajkova P, Park G, Min MS, Kim KS and Lee H. 2010. A core set of microsatellite markers for conservation genetics studies of Korean goral (*Naemorhedus caudatus*) and its cross-species amplification in Caprinae species. *J. Vet. Sci.* 11:351-353.
- An J, Min MS, Sommer J, Louis E, Brennehan R, Kwon SW, Shin NS and Lee H. 2005. Isolation and characterization of 15 microsatellite loci in the Korean goral (*Nemorhaedus caudatus*). *Mol. Ecol. Notes* 5:421-423.
- Ancona S, Dénes FV, Krüger O, Székely T and Beissinger SR. 2017. Estimating adult sex ratios in nature. *Philos. Trans. R. Soc. Lond. B Biol. Sci.* 372:20160313.
- Bhandari S, Morley C, Aryal A and Shrestha UB. 2019. The diet of the striped hyena in Nepal's lowland regions. *Ecol. Evol.* 10:7953-7962.
- Blundell GM, Ben-David M, Groves P, Bowyer RT and Geffen E. 2002. Characteristics of sex-biased dispersal and gene flow in coastal river otters: implications for natural recolonization of extirpated populations. *Mol. Ecol.* 11(3):289-303.
- Bohmann K, Evans A, Gilbert MTP, Carvalho GR, Creer S, Knapp M, Yu DW and de Bruyn M. 2014. Environmental DNA for wildlife biology and biodiversity monitoring. *Trends Ecol. Evol.* 29:358-367.
- Bowler DE and Benton TG. 2005. Causes and consequences of animal dispersal strategies: relating individual behaviour to spatial dynamics. *Biol. Rev.* 80:205-225.
- Cho CU. 2013. Systematic study on the long-tailed-goral (*Naemorhedus caudatus*), with ecology and conservation plan. Ph. D. Dissertation, Chungbuk Nat'l Univ., pp. 72-119. (in Korean with English abstract)

- Cho CU, Kim KC, Kim KY, Lee YH, Son JI, Jung SJ, Song DJ and Jung DH. 2016. Analysis of home range change of female goral (*Naemorhedus caudatus*) during the period of birth and management plan for their protection in the natural habitat in Korea. Korean J. Environ. Ecol. 30(5):857-864.
- Cho CU, Kim KY, Kim KC, Kim HM, An JY, Lee BK and Park JG. 2015. Home range analysis of a pair of gorals (*Naemorhedus caudatus*) using GPS collar according to the elevation change, in the North Gyeongbuk Province (Uljin) of Korea. Journal of the Korean Association of Geographic Information Studies 18(1):135-144.
- Clobert J, Galliard L, Cote J, Meylan S and Massot M. 2009. Informed dispersal, heterogeneity in animal dispersal syndromes and the dynamics of spatially structured populations. Ecol. Lett. 12:197-209.
- Dahle B, Støen O and Swenson JE. 2006. Factors influencing home-range size in subadult brown bears. J. Mammal 87(5):859-865.
- De Villiers FA and Measey J. 2017. Overland movement in African clawed frogs (*Xenopus laevis*): empirical dispersal data from within their native range. Peer J. 5:e4039.
- Fernando P, Vidya TNC, Rajapakse C, Dangolla A and Melnick DJ. 2003. Reliable noninvasive genotyping: fantasy or reality? J. Hered. 94:115-123.
- Greenwood PJ. 1980. Mating systems, philopatry and dispersal in birds and mammals. Anim. Behav. 28:1140-1162.
- Hammond RL, Handley LJJ, Winney BJ, Bruford MW and Perrin N. 2006. Genetic evidence for female-biased dispersal and gene flow in a polygynous primate. Proc. R. Soc. B. 273:479-484.
- Handley LJJ and Perrin N. 2007. Advances in our understanding of mammalian sex - biased dispersal. Mol. Ecol. 16(8):1559-1578.
- Jo YS, Baccus JT and Koprowski JL. 2018. Mammals of Korea. National Institute of Biological Resources, Incheon, pp. 309-310.
- Johnson ML and Gaines MS. 1990. Evolution of dispersal: theoretical models and empirical tests using birds and mammals. Annu. Rev. Ecol. Syst. 21:449-480.
- Kerth G, Mayer F and Petit E. 2002. Extreme sex - biased dispersal in the communally breeding, nonmigratory Bechstein's bat (*Myotis bechsteinii*). Mol. Ecol. 11(8): 1491-1498.
- King RA, Read DS, Traugott M and Symondson WO. 2008. Molecular analysis of predation: a review of best practice for DNA-based approaches. Mol. Ecol. 17(4):947-963.
- Larkin MA, Blackshields G, Brown NP, Chenna R, Mcgettigan PA, McWilliam H, Valentin F, Wallace IM, Wilm A, Lopez R, Thompson JD, Gibson TJ and Higgins DG. 2007. Clustal W and Clustal X version 2.0. Bioinformatics 23:2947-2948.
- Le Galliard JF, Fitze PS, Ferriere R and Clobert J. 2005. Sex ratio bias, male aggression, and population collapse in lizards. Proc. Natl Acad. Sci. USA 102:18231-18236.
- McLellan B and Hovey FW. 2001. Natal dispersal of grizzly bears. Canad. J. Zool. 79(5):838-844.
- Mucci N, Mengoni C and Rnadi E. 2014. Wildlife DNA forensic against crime: Resolution of a case tortoise theft. Forensic Sci. Int. Genet. 8:200-202.
- Munshi-South J. 2008. Female-biased dispersal and gene flow in a behaviorally monogamous mammal, the large treeshrew (*Tupaia tana*). PLoS One 3:e3228.
- Myslenkov AI and Voloshina V. 1998. Sexual behavior of Amur goral. Proceeding of 2nd World Congress of Mt. Ungulates, pp. 75-80.
- Ogden R and Linacre A. 2015. Wildlife forensic science: A review of genetic geographic origin assignment. Forensic Sci. Int. Genet. 18:152-159.
- Opel KL, Chung D and McCord BR. 2010. A study of PCR inhibition mechanisms using real time PCR. J. Forensic Sci. 55(1):25-33.
- Pusey AE and Packer C. 1987. The evolution of sex-biased dispersal in lions. Behaviour 101(4):275-310.
- Peeters B, Moullec ML, Raeymaekers JAM, Marquez JF, Roed KH, Pedersen AO, Veiberg V, Loe LE and Hansen BB. 2019. Sea ice loss increases genetic isolation in a high Arctic ungulate metapopulation. Glob. Chang. Biol. 26:2028-2041.
- Ramon-Laca A, Soriano L, Gleeson D and Godoy JA. 2015. A simple and effective method for obtaining mammal DNA from faeces. Wildl. Biol. 21:195-203.
- Roy J, Yannic G, Cote S and Bernatchez L. 2012. Negative density-dependent dispersal in the American black bear (*Ursus americanus*) revealed by noninvasive sampling and genotyping. Ecol. Evol. 2:525-537.
- Robbins A, Stoinski T, Fawcett K and Robbins M. 2009. Socioecological influence on the dispersal of female mountain gorillas-evidence of a second folivore paradox. Behav. Ecol. Sociobiol. 63:477-489.
- Staats M, Arulandhu AJ, Gravendeel B, Holst-Jensen A, Scholtens I, Peelen T, Prins TW and Kok E. 2016. Advances in DNA metabarcoding for food and wildlife forensic species identification. Anal. Bioanal. Chem. 408:4615-4630.

- Steffen P, Eggen A, Dietz AB, Womack JE, Stranzinger G and Fries R. 1993. Isolation and mapping of polymorphic microsatellites in cattle. *Anim. Genet.* 24:121-124.
- Taberlet P, Griffin S, Goossens B, Questieau S, Manceau V, Escaravage N, Waits LP and Bouvet J. 1996. Reliable genotyping of samples with very low DNA quantities using PCR. *Nucleic Acid Res.* 24:3189-3194.
- Tamura K, Stecher G, Peterson D, Filipski A and Kumar S. 2013. MEGA6: Molecular evolutionary genetics analysis version 6.0. *Mol. Biol. Evol.* 30:2725-2729.
- Toldo SS, Fries R, Steffen P, Neiberg HL, Barendse W, Womack JE, Hetzel DJS and Stranzinger G. 1993. Physically mapped, cosmid-derived microsatellite markers as anchor loci on bovine chromosomes. *Mamm. Genome* 4:720-727.
- Veran S and Beissinger SR. 2009. Demographic origins of skewed operational and adult sex ratios: perturbation analyses of two-sex models. *Ecol. Lett.* 12:129-143.
- Weiß BM, Kulik L, Ruiz-Lambides AV and Widdig A. 2016. Individual dispersal decisions affect fitness via maternal rank effects in male rhesus macaques. *Sci. Rep.* 6:32212.
- Wilson DE and Mittermeier RA. 2011. *Handbook of the Mammals of the World. Vol. 2. Hoofed Mammals.* Lynx Edicions, Barcelona, pp. 745.
- Won PH. 1967. *The Illustrated Encyclopedia of Fauna and Flora of Korea. Vol. 7.* Ministry of Education, pp. 59-65.
- Yang BK. 2002. Systematic, ecology and current population status of the goral, *Naemorhedus caudatus*, in Korea. Ph. D. Dissertation, Chungbuk Nat'l Univ., pp. 29-58. (in Korean with English abstract)
- Yoon MH, Han SH, Oh HS and Kim JG. 2004. *The Mammals of Korea.* Dongbangmedia, Seoul, pp. 272-273.