

# 생물다양성 보전을 위한 유효집단크기(Ne) 이해와 활용

원하리<sup>1</sup>, 이경준<sup>1</sup>, 노태권<sup>2</sup>, 전형배<sup>2\*</sup>

**요약:** 생물다양성협약 쿤밍-몬트리올 글로벌 생물다양성 프레임워크(KMGBF)는 유효집단크기(Ne)를 생물다양성 보전을 위한 핵심 지표로 지정하였다. 본 총설에서는 Ne 모니터링의 이해와 실행을 위한 포괄적인 가이드를 제시하며, 이론적 배경, 추정 방법, 실제 적용 방안을 중점적으로 다룬다. Ne 추정을 위한 초위성체 마커의 장점을 논하고, 샘플링 전략과 데이터 분석을 위한 상세한 지침을 제공한다. 한국 담수어류 사례연구를 통해 대부분의 집단이 보호상태와 무관하게 Ne 값이 500 미만임을 보여주며, 이는 유전적 취약성을 시사한다. 또한 보전정책, 환경영향평가, 지속가능한 자원관리에서 Ne 모니터링의 실질적 활용방안을 제시한다. 본 총설은 2030년까지 KMGBF 목표 달성을 위해 Ne 모니터링을 수행하는 연구자와 실무자들을 지원하고자 한다.

**키워드:** KMGBF, 생물다양성협약, 유전다양성, 유효집단크기, 초위성체

<sup>1</sup>전라남도 목포시 고하도안길 99 국립호남권생물자원관

<sup>2</sup>인천광역시 서구 환경로 42 국립생물자원관

\*Corresponding author: fields85@korea.kr

## 서론

'유효집단크기(Effective population size, Ne)'는 생물다양성 위기에 대응하기 위해 태동한 보전생물학 분야에서 사용되는 핵심 지표로 지난 30여년이 넘는 기간 동안 폭 넓게 활용되어 왔다. 생물다양성 위기와 인류의 지속가능성 위협이 초미의 관심사로 부상함에 따라 제15차 유엔 생물다양성협약에서는 쿤밍-몬트리올 글로벌 생물다양성 프레임워크를 통해 생물다양성 위기 극복을 위한 구체적인 실천목표를 설정하기에 이르렀다. 여기에는 여러 성과 지표들과 함께 유전다양성의 모니터링 그 중에서도 Ne 모니터링이 목표 달성을 위한 구체적 지표로 설정되었다. 이는 생물다양성 보전을 위해 Ne 데이터를 수집 활용해야 한다는 점에 전 세계의 생물 보전을 담당하는 관계자, 연구자들이 동의했음을 의미한다. 대한민국에서도 민·관·학이 합심하여 이 목표 달성을 위한 구체적 전략을 수립하고 실행해 나가고 있다. 이에 본 리뷰 논문에서는 Ne의 개념을 논하고, 활용하기 위한 구체적 가이드라인을 제시하고자 한다.

## 본론

### 보전생물학의 태동과 생물다양성 협약

생물다양성은 지구 생태계의 근간을 이루는 핵심 요소로, 종다양성, 유전다양성, 그리고 생태계다양성을 포괄하는 광범위한 개념이며, 생태계의 안정성, 회복탄력성, 그리고 적응능력을 결정짓는 중요한 요인이다. 최근의 인간 활동으로 인한 서식지 파괴, 기후변화, 외래종 도입은 전 세계적으로 생물다양성의 급격한 감소를 초래하고 있어 이에 대한 보전 노력이 그 어느 때보다 중요해지고 있는 상황이다(Folke et al., 2004)

지구 역사상 발생했던 수차례의 대멸종은 인류가 직접 경험하지 못한 사건이었으며, 이는 현재 가속화되는 생물다양성 감소 현상에 대한 경각심을 더욱 높이고 있다 (Dirzo & Ehrlich, 2022). 이와 같은 생태계의 위기 상황에 대응하고자 보전생물학 (Conservation Biology)이 등장하게 되었다. 이 학문은 생물다양성의 급격한 감소와 그로 인한 위기를 해결하기 위한 다학제적 분야로, 1980년 마이클 소울(Soule, M. E)과 브루스 윌콕스(B. A. Wilcox)의 저서 <Conservation Biology: An Evolutionary-Ecological Perspective>를 통해 본격적으로 시작되었다. 이후 생물다양성 보전 연구는 급속도로 발전하여, 지난 40여 년간 관련 연구자 수와 학술적 성과가 꾸준히 증가해왔다.

보전생물학은 생태계 기능 유지를 위한 포괄적인 연구를 수행하며, 그 범위는 시대적 요구에 따라 지속적으로 확장되어 왔다. 초기 보전생물학은 멸종위기종 보호와 서식지 복원이라는 기초적 과제에서 출발하여, 점차 생태계 서비스의 체계적 평가와 유지 방안을 연구하는 단계로 발전했다 (Pievani, 2014). 현대의 보전생물학은 기후변화와 침입 외래종이라는 새로운 위협에 대응하면서, 동시에 보호구역 관리와 야생동물 개체군 동태 연구를 통해 보다 과학적인 보전 전략을 수립하고 있다. 또한 생태학적 연결성과 지속가능한 자원 이용에 대한 연구는 인간과 야생동물 간의 갈등 해결이라는 실질적 문제와 맞닿아 있다 (Ceballos et al., 2015). 최근에는 보전정책과 윤리, 지역사회 참여, 환경교육 등 사회과학적 접근을 통합하여 보전생물학의 실효성을 높이고 있으며, 특히 유전체 분석 기술의 발전은 보전유전학이라는 새로운 전문 분야를 탄생시키는 계기가 되었다 (Oliver et al., 2015; Supple & Shapiro, 2018).

이러한 학계의 노력은 국제사회의 실천적 대응으로 이어져, 1980년대 말부터 생물다양성 보전을 위한 국제적 협력이 본격화되었다. 그 결과로 1992년 리우 지구정상회의에서 채택된 생물다양성협약(Convention on Biological Diversity, CBD)은 생물다양성의 보전, 지속가능한 이용, 이익의 공정한 분배라는 핵심 원칙을 확립하였다(Parks & Tsioumani, 2023).

## 쿤밍-몬트리올 글로벌 생물다양성 프레임워크와 유전다양성 지표

2022년 12월 유엔 생물다양성협약(CBD)에서 채택된 쿤밍-몬트리올 글로벌 생물다양성 프레임워크(Kunming-Montreal Global Biodiversity Framework, KMGBF)에서는 196개 당사국들로 하여금 생물다양성을 정량적으로 모니터링 하기 위해 유전다양성을 파악하는데 전격적으로 합의하였다(CBD, 2022). 프레임워크의 목표(goal) A와 타겟 4는 유전다양성과 적응능력의 보전 및 복원을 명시하고 있으며, 여기에는 Ne가 핵심지표로 확정되었다(CBD, 2022; McGowan et al., 2024). KMGBF는 유전다양성 모니터링이 개체수 관리를 넘어 종의 적응 잠재력과 복원력의 유지 그리고 궁극적으로 지구 생물다양성 보전에 필수적임을 선언했다는 의의를 갖으며, 다시 말해 유전다양성 모니터링을 생물다양성 보전을 위한 핵심 요소로 선언한 일대 사건이었다. KMGBF는 2030년까지 당사국들로 하여금 데드라인을 설정하고 있고, 국가별로 목표달성을 위한 국가생물다양성전략(National Biodiversity Strategies and Action Plans, NBSAPs)을 수립하도록 하고 있다. CBD 당사국으로서

대한민국은 범부처 수준의 제5차 국가생물다양성전략을 수립하여 추진하고 있다(대한민국 관계부처합동, 2023). 국가생물다양성전략 관련 보다 자세한 사항은 다음 웹사이트 (<https://www.kbr.go.kr/>)에서 확인할 수 있다.

## Ne의 정의와 개념적 원리

### Ne의 개념

Ne는 이상적인 Wright-Fisher 모델 집단에서 관찰되는 유전적 부동(genetic drift)의 정도와 동일한 수준의 유전적 부동을 보이는 실제 집단의 크기를 나타낸다(Wright, 1931). 예를 들어, 실제 100마리의 개체로 구성된 집단이 유전적 부동으로 인한 대립유전자 빈도 변화가 50마리로 구성된 이상적인 집단과 비슷하게 나타난다면, 이 집단의 Ne는 50이다. 쉽게 말해, 다음 세대의 유전다양성에 기여하는 실제 개체수가 바로 Ne라 할 수 있다. 즉, Ne가 작을수록 대립유전자 빈도의 변화가 더 크고 빠르게 일어나며, 작은 Ne는 유전적 부동의 증가로 이어져 유전다양성의 손실을 가속화한다. 이는 장기적으로 종의 적응능력과 생존에 부정적인 영향을 미친다(Frankham et al., 2002).

### Ne를 변동시키는 요인

Ne의 변동은 실제 집단을 구성하는 전체 개체 중 일부만이 번식에 참여하여 다음 세대에 물려주는 대립유전자가 제한될 때 발생한다. 이들 중 대표적인 요인은 '성비 불균형'으로 성비가 극단적으로 불균형하면 번식에 참여하는 개체들의 대립유전자 빈도의 편향으로 인해 Ne 감소를 유발하고, 결론적으로 유전다양성 감소를 초래한다(Waples, 2010).

성비의 불균형과 비슷한 효과를 갖는 극단적인 성선택의 압력 역시 Ne의 감소를 유발할 수 있다. 예를 들어, 개체군을 구성하는 모든 암컷 개체가 특정한 수컷 개체를 배우자로서 선호하고 이로 인해 특정 수컷 개체의 번식성공도가 높다면 일부 개체의 대립유전자만 다음 세대로 전해지며 Ne의 감소로 귀결될 것이다(Waples, 2010).

특정 세대(코호트)의 개체수 변동은 유전적 부동의 효과를 증대시킴으로써 궁극적으로 Ne에 영향을 미친다(Teixeir & Huber 2021). 이런 이유로 Ne를 보수적으로 정량화할 때는 한 코호트 별로 측정하는 것이 보다 엄밀한 의미의 Ne에 해당되며, 이를 Number of breeders (Nb) 개념이라 한다. 참고로 Ne보다 Nb는 더 작은 경향을 보이는데 이는 한 세대만의 Ne를 고려하기 때문이다(Waples, 2010).

마찬가지로 자연재해, 대량포획 등의 원인으로 집단을 구성하는 개체수의 급격한 감소가 초래되면 유전적 병목(genetic bottleneck)이 발생하여 대립유전자 빈도의 급격한 편향을 유발한다. 이로 인해 유전다양성이 크게 감소하여 Ne에 장기적인 영향을 미칠 수 있다. 또한, 근친교배는 Ne를 줄이는 대표적인 요인으로 인류 활동에 의한 서식지 교란과 파편화에 의해 그 심각성이 급속도로 확장되고 있다(Teixeir & Huber 2021). 여러 세대에 걸친 근친교배는 유전다양성을 심각하게 감소시켜 개체와 집단의 환경변화에 대한 회복탄력성을 저하시키므로 Ne의 모니터링이 개체군 관리에 사용될 수 있도록 이론적 근거를 제공하였다 (Keller & Waller, 2002, Hoban et al., 2021).

정화선택(purifying selection) 혹은 양성선택(positive selection)의 선택압이 강하게 작용하면 특정 유전자형을 가진 개체들이 선호되거나 기피되어 특정 대립유전자 빈도에 극단적 편향을

초래하는데, 해당 대립유전자에 연관된 대부분의 변이들 역시 히치하이킹(genetic hitchhiking) 효과에 의해 편향이 발생되고 궁극적으로 유전체의 광범위한 연관불평형 증대를 가져와  $N_e$  감소를 야기할 수 있다. 반면에, 균형선택(balancing selection)의 선택압이 강하게 작용하면 대립유전자의 다형성을 증가시켜  $N_e$ 의 증가에 기여할 수 있다(Chen & Lascoux, 2020).

상기한 요인들은 단독으로 또는 복합적으로 작용하여 유전적 부동의 정도를 변화시키고, 결과적으로  $N_e$ 를 실제 개체수와 유리시키게 된다. 실제로  $N_e$ 는 대부분의 경우 실제 개체군의 크기보다 작게 나타난다(Frankham, 1995).

### Ne의 추정 방법과 그 원리

$N_e$ 를 추정하는 방법은 크게 유전적 방법과 인구통계학적 방법으로 나눌 수 있다. 유전적 방법으로는 독립적인 유전자좌 간의 비무작위적 연관을 이용하여  $N_e$ 를 추정하는 연관불평형(Linkage Disequilibrium, LD) 방법(Hill, 1981), 서로 다른 시점에서의 대립유전자 빈도 변화를 이용하는 방법(Nei & Tajima, 1981), 작은 집단에서 나타나는 이형접합도의 증가를 이용하는 이형접합도 초과(Heterozygote Excess) 방법(Pudovkin et al., 1996)이 있으며, 인구통계학적 방법으로는 성공적으로 번식에 참여한 개체수를 이용하는 방법(Nunney & Elam, 1994). 세대당 가족 크기 분산을 고려한 방법(Hill, 1979)이 제안되었다.  $N_e$ 의 추정에서 본 리뷰에서는 가장 보편적으로 널리 활용되고 있는 연관불평형에 기반한  $N_e$  추정 방법을 소개하고자 한다.

연관불평형 기반의 추정은 유전체 상에서 서로 가까이 위치한 좌위들이 함께 유전되는 경향을 이용한다. 마치 카드를 섞을 때 접촉제로 인해 붙어있는 카드들이 뒤섞더라도 늘 한 덩어리로 묶이고 잘 분리되지 않는 것처럼, 유전체 상에서 가까운 위치의 유전자(좌위)들도 세대를 거치면서 함께 행동하며 천천히 섞이게 된다. 이때 좌위들의 대립유전자 빈도를 살펴봄으로써 얼마나 대립유전자 빈도가 독립적인지 혹은 잘 섞여 있는지를 측정하면, 다시말해 연관불평형의 정도를 측정하면, 그 집단의 실제 번식에 참여하는 개체수인 유효집단크기를 추정할 수 있게 된다(Pérez-Pereira et al., 2022). 집단의 크기가 작을수록 연관불평형이 커져 서로 다른 좌위 사이에 대립유전자 빈도가 비슷해지게 되고, 반대로 집단이 클수록 연관불평형의 정도가 낮아져 좌위들 간 대립유전자 빈도가 독립적이게 되는 현상을 이용하는 것이다(Wang et al., 2016). 이런 이유로 연관불평형 기반의  $N_e$  추정을 위해서는 10개 이상의 유전체 상에 고루 산재된 좌위들의 사용이 권장되며, 낮을수록 정확하지 못한 결과값을 얻게 될 수 있다(Wang et al., 2016; Kimble et al., 2023).

### 멸종위기 진단을 위한 Ne 임계값과 50:500 법칙

효과적인 생물다양성 보전전략을 수립하기 위해선 서식지 파편화, 환경 변동성, 질병 등 다양한 요인을 종합적으로 고려해야 한다. 하지만, 이것을 정량적으로 평가하는 것은 불가능에 가깝다. 특히 지구상의 대부분의 종들(척추동물로 국한하더라도)을 대상으로 멸종위기의 심각도를 객관적 지표로 평가한다는 건 불가능하다고 단언할 수 있다(Hoban et al., 2021).

특정 기간 동안 멸종을 피하기 위해 보장되어야 하는 최소한의 개체수를 최소생존개체군(Minimum Viable Population, MVP)이라 한다. MVP를 추정할 때  $N_e$ 는 중요하게 고려되지만, 그 밖에 측정하기 까다로운 변수들을 함께 고려해야 한다는 한계점이 있어 현재는 거의 사용되지 않는다. 이 한계를

극복하기 위한 효과적이고 직관적인 평가 지표를 위한 Ne의 임계값이 그간 많은 연구자에 의해 제시되어 왔다. 대표적인 임계값은 Frankham et al. (2014)에 의해 제시된 50:500 법칙으로, 유전다양성 유지와 내교배약세(inbreeding depression) 회피를 위해 단기적으로는  $Ne > 50$ , 장기적으로는  $Ne > 500$ 이 필요하다고 제안했다. KMGF에서 합의된 500 미만의 Ne를 갖는 집단의 개념 역시 여기에서 출발했다. 물론 이 수치는 종과 환경에 따라 다를 수 있으며, 기후변화와 같은 새로운 위협에 대응하기 위해서는 더 큰 Ne가 필요할 수 있다는 비판도 있었지만(Traill et al., 2010), 현재까지 가장 보편적으로 받아들여지는 임계값이며 또한 그 자체로 통합된 지표를 시도한 것만으로도 큰 의의가 있다.

## Ne가 중요 지표로 선정된 배경

### 집단의 적응도에 관련된 지표

자연재해, 질병, 교란은 무작위적으로 야생동물 집단에 해를 끼치며 이를 통제하는 것은 현재로서는 불가능하다. 집단 수준의 적응도에 직접적으로 관여되는 많은 요인들 중 앞서 설명한 것처럼 다양한 요인들에 민감하게 영향을 받는 지표로는 Ne가 가장 적절하다 (Frankham, 2005). Ne는 정량이 가능한 지표이기 때문에 시간과 공간에 따른 차이를 비교할 수 있는 현존하는 몇 안 되는 지표이다. 또한, 임계값과 함께 활용한다면 그 자체로 위험성을 경고할 수 있는 지표이기도 하다. 보전유전학의 고전적 이론에서처럼 작은 Ne에서는 생존에 부정적 효과를 갖는 돌연변이가 축적될 확률이 높으며, 집단의 장기적인 생존을 위협할 수 있다(Lynch et al., 1995; Palstra & Ruzzante, 2008; Teixeira & Huber 2021). 물론 극도로 유해해서 개체의 치사를 유발하는 변이는 소규모 집단에서 신속하게 강력한 자연선택 과정을 통해 제거될 수 있지만(예를 들면, 신생아의 머리 크기를 과하게 크게 만드는 유전변이), 이미 유해한 변이가 집단에 만연해버린 극도로 소규모 집단의 경우 강력한 정화선택이 작동하는 과정에서 집단의 소멸에 이르게 될 수 있는 위험성이 상존한다. 이와 같은 이유들로 유전적 모니터링을 통해 Ne의 변화를 지속적으로 추적하고, 필요에 따라 보전 전략을 조정하는 적극적 관리가 중요하다(Schwartz et al., 2007).

### 데이터 생산의 편의성

야생동물들, 예를 들어 서울 청계천에 서식하는 붕어의, 센서스 크기를 알고 싶다면, 표지-재방류 방법을 사용하게 된다. 표지-재방류 방법으로 집단크기를 추정하기 위해선, 한 집단의 멸종위기종 표지-재방류를 위해 수십명의 인력이 10여 차례 투입된 사례처럼, 적지않은 시간과 인력 그리고 이 모든 걸 가능하게 하는 예산이 뒷받침되어야 한다(Numminen et al., 2023). 하지만, Ne는 이런 일련의 복잡한 과정을 거치지 않아도 되는 강력한 장점이 있다. Ne는 임의의 샘플링과 표준화된 분석 단계를 통해 집약적이고 단순화된 절차로 집단 수준의 유전다양성 모니터링을 가능하게 한다는 장점이 있다. 또한, 재래 방식에 비해 샘플링과 조사에 요구되는 전문성에 따른 편향을 최소화할 수 있다는 장점이 있다. 표지-재방류 방법을 사용할 때 A가 현장조사에서 한 마리도 채집하지 못했지만, 같은 날 같은 장소에서 100마리가 넘는 개체수를 확인한 B전문가의 일화에서처럼, 현장에서 수행되는 개체군 밀도 조사는 조사자의 경험과 기술에 따라 그 편차가 극명하게 달라진다. 현장조사의 경험을 극복하기

위해서는 표준화된 편의성 있는 방법이 사용되어야 할 것이며, 집단 규모의 조직 시료 일부만 확보하면 분석이 가능한  $N_e$ 가 좋은 대안이 될 수 있다. 청계천에 서식하는 모든 붕어를 헤아리는 일보다 당년생 치어(Young-of-the-year) 단일 코호트 그룹 30개체의 유전형 분석이 비용과 시간 측면에서 분명 편리하기 때문이다.

### 가용 데이터의 풍부한 축적량

$N_e$ 가 핵심지표로 설정된 마지막 배경에는 선술한 것처럼 지난 수십 년간 활용되어온 객관적이고 수치화된 지표라는 점이 작용했다. 이 점을 일찍이 간과한 선진국에서는  $N_e$  데이터를 전 분류군에 걸쳐 누적해왔다. 실제로 북미와 유럽의 연구자들은  $N_e$ 관련 연구를 지난 수십 년간 수행해왔고, 얼마전부터는 메타분석 연구가 가능한 수준의 풍부한 데이터베이스를 구축 보유하고 있는 상황이다 (Clarke et al., 2024). 이런 연구자가 얼마나 늘어났는지, 최근에는 심지어 이런 유전다양성 빅데이터를 연구하는 학제인 Macrogenetics 분야가 시작되기도 하였다 (Blanchet et al., 2017; Leigh et al., 2021)). 이는 종의 지리적 분포와 유전적 변이 사이의 관계를 연구하는 새로운 분야로, 대규모 유전체 데이터와 지리정보를 결합하여 종 전체 수준에서의 유전적 패턴을 분석하며, 이를 통해 진화, 적응, 종 분화 등의 대규모 생물학적 과정을 이해하고 기후 변화의 영향 예측이나 보전 전략 수립 등에 응용하는 것을 목표로 한다 (Blanchet et al., 2017; Leigh et al., 2021). 이처럼 종내 집단 수준의 유전다양성 데이터의 잠재력과 활용도는 지구 단위의 생물다양성 관리를 위한 지표로서  $N_e$ 가 선정되도록 하는 원동력이 되었다.

### 국내 연구동향 요약 - 담수어류의 사례

$N_e$ 에 대한 연구는 개념적으로 제안되었을 무렵인 1980년대에 시작되었다. 이후 적절한 분자마커가 개발되고 보급되기 시작한 2000년대 초반, 한국에서도 야생생물 집단에 대한  $N_e$ 관련 연구가 시작되었다. 그 대상생물군으로는 주로 척추동물이 사용되었으며 특히 집단 수준의 샘플링에 유리했던 담수어류와 식물, 양서류 그리고 포유류에서  $N_e$  계측이 주로 이루어졌다. 이러한 연구들은 "유전자원의 접근 및 이익공유"에 관한 나고야 의정서에 대비하여 환경부 국립생물자원관에서 2007년부터 추진되었던 <자생 동물자원의 유전자 다양성 연구 용역 사업>과 대학 연구실에서 자체 연구 사업으로 추진된 연구 성과가 한 몫을 담당해왔다. 최근에는 이런 연구성과를 데이터베이스로 구축하는 시범 연구가 국립호남권생물자원관에서 진행되고 있고, 그 내용을 아래 간단히 소개하고자 한다.

한국 담수어류  $N_e$  데이터베이스(KoNe-DB)에서는 현재까지 총 10과 26종 167집단을 대상으로 수행된  $N_e$  측정값과 메타데이터를 수집하였다. 이 데이터에 대해 기술적 분석 결과를 수행한 결과, 대부분의 담수어류 집단이 멸종위기 등급과 무관하게  $N_e$ 가 500미만인 것으로 확인되었다(그림1). 이는 Franklin (1980)이 제시한 장기적 진화 잠재력 유지를 위한 최소  $N_e$  기준에 미치지 못하는 것으로서, 국내 담수어류 집단들 대부분이 유전적 부동과 근친교배에 취약한 상태임을 시사한다. 이는 작은 하천에서 최후빙기 이후 2만년동안 고립되어 살아야 했던 담수어류의 분류군의 특성에 기인한 것일 수 있다. 향후 보전 전략 수립에 있어 종의 법적 보호 상태와 무관하게 유전적 모니터링과 서식지 특성을 고려한 맞춤형 보전 전략 수립이 필요하다는 점을 암시한다. 한편,

멸종위기 야생생물로 지정되지 않았으면서 흔하다고 알려진 종(예: 피라미)의 집단에서도 일부 Ne가 100 미만으로 관측된 경우도 있어, 단순히 Nc(Census size)의 10%를 Ne로 산정하는 방식이 실제로 멸종위기에 처한 지역 집단을 과소평가하는 결과를 초래할 수 있음을 보여주었다.

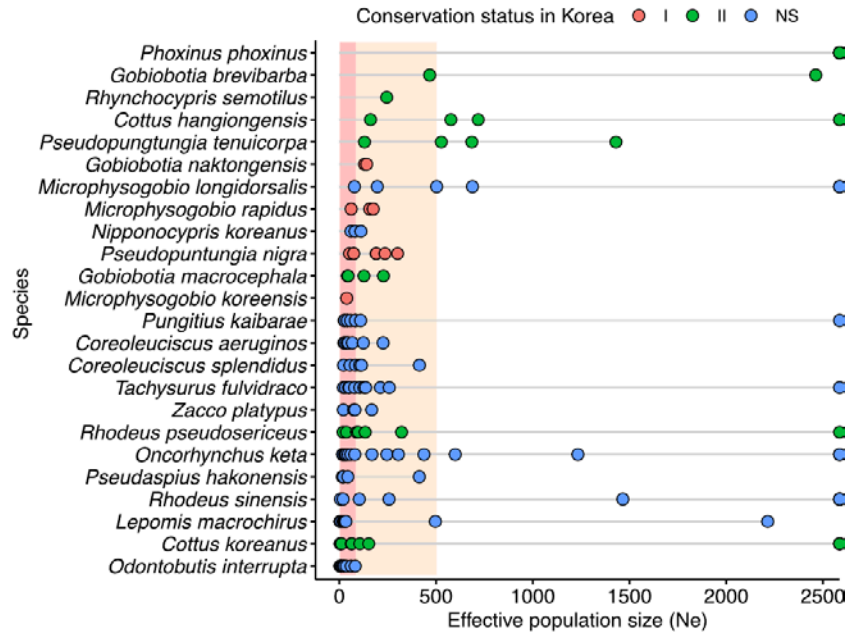


그림 1. 한반도 담수어류 Ne 데이터베이스에서 정리된 종별 Ne 범위. 가로축은 측정된 Ne 를 나타내며, 각 점은 집단별 Ne 중앙값을 나타냄. 점의 색은 멸종위기 등급을 나타내며, 빨간색은 멸종위기 야생생물 I 급, 초록색은 II 급, 파란색은 미지정 종을 나타냄.

KoNe-DB를 이용해 각 종별로 Ne의 범위를 산출한 결과는 멸종위기종 보전전략 수립과 관리가 현행 종 단위가 아닌 집단 단위로 실행되어야 함을 암시한다. 예를 들어 멸종위기 야생생물 II급으로 지정된 가는돌고기(*Pseudopungtungia tenuicorpa*)의 경우 같은 수계의 파편화된 집단들 중 Ne가 500을 초과하는 집단도 있고, 500 미만의 집단도 존재한다. 이와 같은 집단별 현황정보는 보전대책 마련이 시급한 집단을 선정하는데 도움을 줄 수 있다. 한편, 멸종위기 야생생물로 지정되지 않은 각시붕어(*Rhodeus sinensis*)의 경우, Ne가 500을 넘는 집단도 있지만, 일부 집단은 500 미만 심지어 50 미만 집단(한강 수계)이 관측되기도 하였다. 이처럼 흔하다고 알려진 종에서도 Ne가 극도로 축소된 종들이 존재한다는 점은 지역 절멸의 심각성이 부각되는 상황과 더불어 보전의 단위를 종을 기준으로 하는 현행 체계의 보완이 필요하다는 점을 잘 보여주는 결과라 할 수 있다. 이러한 경향은 비단 한국에서 뿐만 아니라 해외 사례에서도 찾아볼 수 있는데, 캐나다 동부 뉴펀랜드(Newfoundland)에 서식하는 브룩송어(*Salvelinus fontinalis*) 집단은 개울마다 Ne의 편차가 매우 크고, 서식지 규모가 작은 경우 근친교배로 인해 Ne가 극도로 낮아지는 경향을 보여준다 (Jeon et al., 2024). 같은 종 내에서도 강력하고 적극적인 관리가 필요한 집단이 존재한다는 사실은 이처럼 많은 사례가 보고되어 왔다.

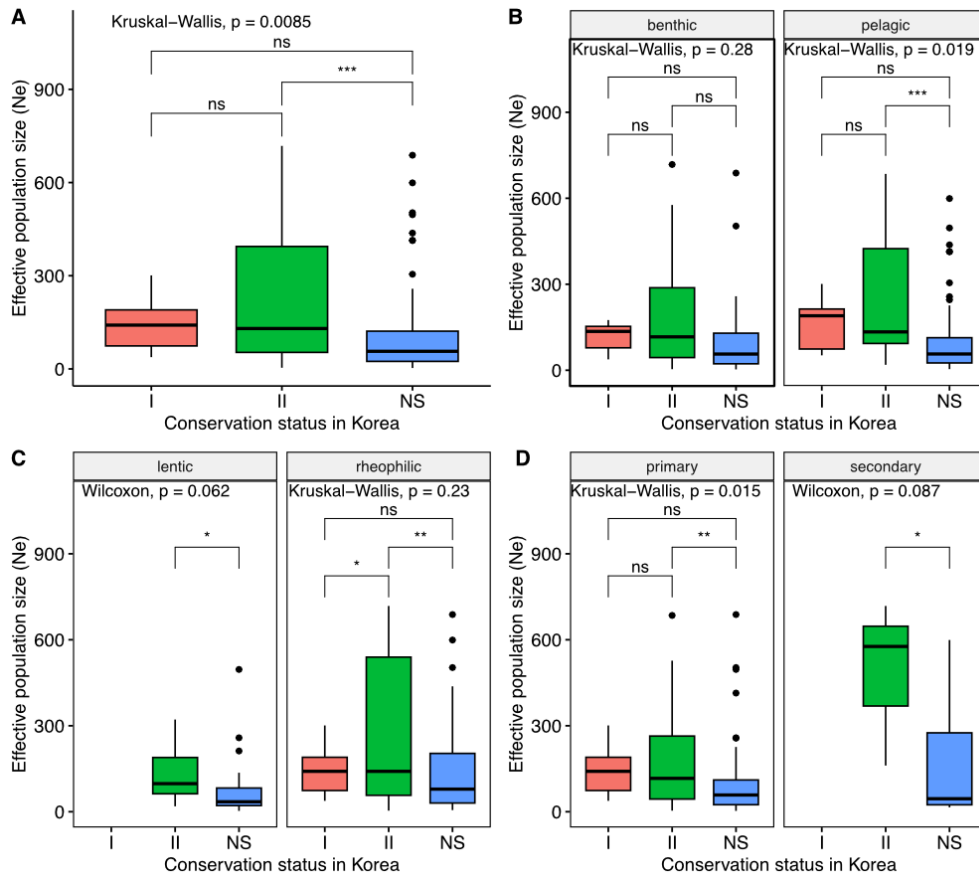


그림 2. 담수어류의 생태적 특성과 멸종위기 등급 지정에 따른 Ne의 비교. A는 멸종위기 등급 그룹간 Ne비교, B는 저서성과 유영성 생태형을 세분하여 멸종위기 등급 간 Ne비교, C는 정수성과 여울성 종들의 멸종위기 등급에 따른 Ne비교, D는 회유성과 비-회유성 생활사를 갖는 종에서 멸종위기 등급에 따른 Ne 비교

한편, 멸종위기 야생생물 II급 그룹은 비-멸종위기종 그룹에 비해 상대적으로 높은 Ne 값을 보여주어 주목되었는데, 이는 첫째, 비-멸종위기종 그룹에 실제로 Ne가 낮은 지역집단들이 포함되었고, 둘째, 멸종위기종인 그룹 중에서 Ne가 큰 집단들이 존재하는 점에 기인하였다. 멸종위기야생생물은 자연적 혹은 인위적 위협요인으로 개체수가 크게 줄어들고 있는 것을 기준으로 선정되나, 담수어류는 개체수의 증감을 직접적으로 모니터링을 통해 평가하기 어려워 전문가들의 주관적 평가를 기반으로 선정되는 경향이 있다. 이런 요인에 기인해 멸종위기 심각성이 경미한 종들이 과대평가되고 거꾸로 멸종위기의 심각성이 큰 종(집단)들이 과소평가될 가능성이 높아진다. 또한, 멸종위기 담수어류의 유전다양성은 생태적 특성과 긴밀한 관련이 있는 것으로 나타났다. 수심이 낮고 유속이 빠른 여울에 주로 출현하는 어류(rheophilic)가 흐름이 완만한 정수 환경에 서식하는 어류(lentic)보다 유의미하게 높은 Ne를 갖고 있는 것으로 나타났다. 이는 생태적 특성이 집단의 유전다양성에 관련되었음을 시사하며, 유속이 빠른 환경에 사는 종들은 강한 유영력을 바탕으로 메타개체군의 패치 간 연결성 증대를 통해 높은 유전다양성을 유지할 가능성이 높지만, 낮은 유영력을 갖는 종은 서식지가 파편화되고 패치간 단절되기 쉬운 특성으로 인해 낮은



유전다양성을 갖게 된 것으로 추정된다. 이는 낮은 유효력을 갖는 종의 지역 집단들이 절멸에 보다 취약할 수 있음을 보여주며, 앞으로 보전정책을 수립 시행함에 있어, 이들을 관리대상으로 지정하고 모니터링해야함을 시사한다.

## Ne 측정을 위한 가이드라인

### 분자마커선정

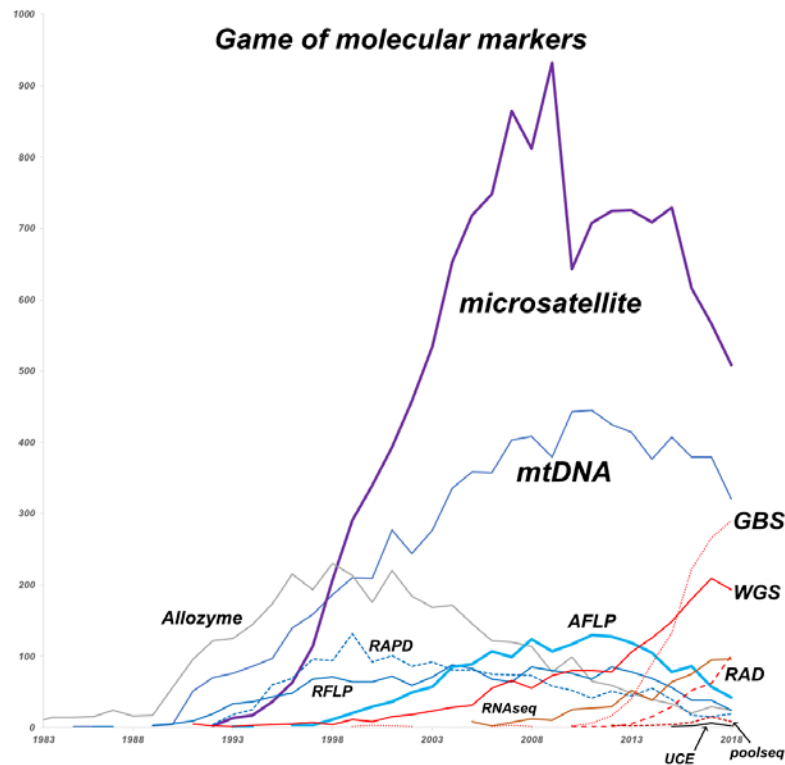


그림 3. 역대 누적 사용된 분자 마커의 추이(Web of Science에서 검색). X축은 논문 출판 연도, Y축은 출판된 논문 숫자.

채취된 시료의 DNA 추출과 프라이머를 활용한 PCR 증폭 그리고 증폭된 서열 크기 산정의 과정은 표준화된 실험 프로토콜을 따른다. Ne의 계측에는 여러 분자마커가 활용될 수 있으나 현재까지 가장 많이 활용되어온 분자마커는 핵 좌위에 산재되어 있는 초위성체(microsatellites)가 대표적이다. 한편 최근의 집단유전체(population genomics) 분석 기술의 발전과 비용의 하락으로 GBS, RADseq과 같은 RRS(reduced representative sequencing), WGS(whole genome resequencing)를 비롯한 유전체 수준의 SNPs(Single Nucleotide polymorphism) 데이터를 활용한 Ne 계측이 점차 증가하고 있다(Leigh et al., 2021). 시퀀싱 비용과 편의성에 따른 접근성 차이를 고려할 때, 과거부터 현재까지 가장 많이 사용되어 왔고, 앞으로도 사용되어야 할 분자마커는 여전히 초위성체이다(그림 2). 이는 초위성체가 2030년이라는 GBF 마감시점이 설정된 현 시점에서 가장 적은 비용으로 많은 분류군을 소화해낼 수 있는 현존하는 유일한 방법이기 때문이다. 초위성체의 장점은 개체 수준의 해상력을 갖고 있으면서도 낮은 분석비용을 요구하여 보다 많은 집단에 적용할 수 있다는 점이다. 초위성체

프라이머의 제작은 많은 시간과 비용을 요구해왔지만, 지난 수십 년간 집단유전학자들은 초위성체 마커 개발에 시간과 비용 그리고 인력을 투자해왔다. 이로 인해 대부분의 분류군에서 초위성체 프라이머 제작이 완료된 상황이다. 일례로 2024년 현재 한반도 서식 담수어류 200여종에 대한 활용 가능한 초위성체 마커가 이미 확보된 상황이다. 이는 전략적으로 매우 중요한 이점을 제공하는데, 아무리 집단유전체 분석 기법의 비용이 저렴해졌다 할지라도, 100~200개체의 시퀀싱에는 여전히 수천만 원의 비용이 요구되기 때문이다. 같은 비용으로 초위성체 기반의 유전다양성 분석을 수행한다면, 최소 수천 개체가 분석될 수 있다. 따라서, 분석 기기와 시약 그리고 실험 수행 인력이 최적화되어 있을 경우 분석 비용은 개체당 수십 원에서 수백 원 정도로 감소될 수 있다. 배수성 유전체를 갖고 있어 유전형을 분석하기에 까다로운 일부 식물계(특히 양치식물) 그리고 극히 일부의 동물을 제외하면 거의 모든 한반도의 생물에 대해 저렴한 가격으로  $N_e$ 를 계산할 수 있는 것이다.

### 샘플 확보 전략

$N_e$  측정을 위해서는 집단을 어디까지 정의하느냐가 선결되어야 한다. 막연하게 인간이 설정한 행정구역을 기준으로 충청도 30개체, 경기도 30개체 식의 샘플 확보는 전략적이지도 또 과학적이지도 않기 때문이다.  $N_e$ 는 말그대로 대립유전자 빈도를 공유하고 교류하는 하나의 집단에 대한 통계량이기 때문에 집단의 규정이 선결되어야 한다. 이를 위해서는 광범위한 지역의 샘플을 바탕으로 집단 구조(population structure)를 규명하는 것이 선결되어야 한다. 육상생물의 경우 한 집단의 경계가 주로 산맥 큰 강 혹은 인공적인 장애물에 해당되며 해당 지리적 경계 사이에는 높은 수준의 유전적 분화가 나타나곤 한다. 이는 장벽을 사이에 두고 집단의 구조가 형성 되었다는 의미이므로, 타 지역과 유전적으로 균질한 그룹을 집단으로 규정하는 것이 권장된다 (Waples & Gaggiotti., 2006; Ryman et al., 2019). 연구대상종에서 집단 구조를 규명한 선행연구가 존재한다면 밝혀진 집단 구조를 바탕으로  $N_e$  계측을 위한 집단을 선정하는 전략이 가장 효과적이다. 이를테면, 멧돼지의 경우 선행연구에서 제주도과 한반도 본토의 2개의 유전적 그룹이 존재함이 확인되었으므로, 잠정적으로 제주, 본토의 2개의 집단이라 가정하고 집단의 샘플링을 수행하는 것이 타당할 것이다. 만약 선행연구가 존재하지 않는다면, 생물분포를 결정짓는 장벽(분수령, 수계, 해양 등)을 기준으로 대표성 있는 권역을 선정해 샘플을 확보할 수 있다. 예를 들어 담수에 고립되어 서식하는 소형 동물의 경우, 한반도 남부지역을 가급적 세분화하여 잠정적 집단으로 시료를 확보하는 전략이 유효할 수 있다.

$N_e$  계측을 위한 샘플링을 위해서는 근친도의 편향을 최소화하는 전략이 고려되어야 한다. 예를들어, 이동성이 없고 영양생식을 하는 식물과 같은 분류군의 경우 확보되는 시료 개체 사이에 물리적 거리가 인접하지 않도록 각별히 주의를 기울여야 한다. 그렇지 않으면, 30개체라 할지라도 실제로 1개체의 유전형을 갖고 있을 수 있다 (Gargiulo et al., 2023). 동물도 마찬가지로 어류와 같은 사회생활을 하는 생물들은 근친도가 높은 개체들끼리 함께 유영하는 특성이 있으므로 한데 모여 유영하는 무리가 아닌 여러 무리에서 임의로 개체를 확보할 필요가 있다.  $N_e$  측정을 위한 대상종은 멸종위기 혹은 집단의 규모가 낮을 수 있기 때문에 샘플링 과정에서의 개체의 사망률을 최소화할 수 있어야 하며(non-invasive), 이를 위해 포획 후 개체의 말단에 있는 조직 시료의 채취가 권장된다. 식물의 경우 잎, 어류의 경우 지느러미 말단 일부, 양서류와 같은 경우 지느러미 일부, 포유류와

조류의 경우 채혈 시료 일부가 사용될 수 있다.

집단 당 개체수는 20개체 이상 가능하다면 50개체 이상이 권고되는데, 많을 수록 좋으며, 샘플은 가급적 같은 시기에 확보되어 본의 아닌 중복 개체 시료가 수집되지 않도록 유의해야 한다. 대형동물에서 소형 동물로 갈수록 여러 개체를 확보하는 것이 용이한 경향이 있으며, 대형동물은 Nc를 계측하기 용이하므로 이를 고려하여 대형 동물은 Nc를 위주로 소형 동물은 Ne를 위주로 하는 이원화 전략(two track)을 고려해볼 수 있을 것이다.

### 프라이머의 선정

채취된 시료의 DNA 추출과 프라이머를 활용한 PCR 증폭 그리고 증폭된 서열 크기 산정의 과정은 표준화된 실험 프로토콜을 따른다. 초위성체 프라이머가 증폭을 목표로하는 좌위(loci)의 숫자는 10~20개가 일반적으로 사용된다. 이는 담수어류 Ne 데이터베이스에 사용된 선행연구에서도 같은 경향이 확인되었다. 간혹 5개 미만의 좌위를 사용하는 사례도 있으나 Ne 분석 과정에서 결과의 편향을 초래하므로 권장되지 않는다. 또한 충분한 변이가 존재하지 않는 좌위는 사용을 배제해야 하며, 각 좌위는 집단 수준의 충분한 이형접합성 여부가 PCR 산물의 전기영동 상에서 확인되어야 한다. 만약 모든 개체 혹은 대부분이 동형접합성임이 전기영동 상에서 확인된다면, 해당 좌위는 개체간 차이를 보여줄 수 없으므로 사용을 배제해야 한다. 초위성체는 반복 서열 단위가 2개 염기부터 8개 염기까지 염기의 반복된 숫자로 인한 증폭산물 크기 측정을 통해 유전형을 특정하기 때문에 염기서열을 확인하지 않고 단순히 증폭산물의 길이를 가늠함으로써 유전형을 확인할 수 있다는 장점이 있다. 몇 개의 염기 차이를 식별해야 하므로 모세관 전기영동을 수행하는데, 이때 형광 염료가 부착된 프라이머를 사용한다. 형광의 종류를 달리하고, 좌위들 사이에 증폭산물 길이가 중복되지 않는다면, 같은 개체에 대한 여러 좌위의 증폭산물을 혼합하여 분석을 진행할 수 있다. 이를 통해 분석비용을 대폭 감소할 수 있다는 장점이 있다. 초위성체는 유전체 내에서 매우 빠른 변이에 노출되어 있으므로, 모든 종에서 동일하게 적용되는 범용프라이머(universal primer)의 제작이 매우 까다로운 편에 속한다. 이에 중(혹은 속, 과) 수준의 특이성 있는 프라이머 제작이 선결되어야 한다. 다행히 수십 년간의 집단유전학 연구자들의 연구에 의해 종 특이적 프라이머 제작이 대부분의 분류군에서 완료되었으며, 적어도 한국산 척삭동물문의 대부분의 분류군에서는 초위성체 프라이머 개발이 이미 완료되어 있어서 활용되기만을 기다리고 있는 상황이다. 요약하자면, 10개 이상의 변이가 충분하게 확인된 형광 프라이머를 조합할 것이 권장된다.

### 분자실험과 데이터 분석

채취된 시료의 DNA 추출과 프라이머를 활용한 PCR 증폭 그리고 증폭된 서열 크기 산정의 과정은 표준화된 실험 프로토콜을 따른다. 프로토콜 상의 경미한 차이가 실험 분석 결과에 유의미한 변화를 초래하지 않으므로 연구자(실험실) 환경에 따른 고유한 프로토콜의 사용 상의 차이는 문제되지 않는다. 여러 프라이머를 통해 증폭된 산물은 분석 업체에 제출하거나 자체적으로 모세관전기영동을 수행할 수 있는 기기와 시약을 사용하여 증폭산물의 길이를 측정하게 된다. 증폭산물의 길이는 AB1 포맷의 파일로 출력되며, 이는 peak scanner와 같은 형광 peak의 패턴과 강도를 시각화해주는

소프트웨어를 사용하여 증폭산물의 길이(크기)를 정확하게 되는데 이것이 바로 '대립유전자(allele)'이다.

AB1 포맷의 파일을 통해 증폭 산물을 읽는 과정에서는 몇 가지 유의사항이 있다. 이를 잘 지키는 경우, 신뢰할 수 있는 분석 결과를 얻게 되지만, 그렇지 않은 경우 의도치 않은 오류를 발생시킬 수 있다. 형광의 peaks는 다양한 패턴으로 나타날 수 있다. 이는 처음 결과를 읽는 초심자들을 적지 않게 당황시키곤 한다. 특히 stutter peaks(peaks가 깔끔한 형태가 아니라 여러 개로 나타나는 것)로 인해 이형접합자를 과소평가하거나 과대평가할 수 있으므로 주의를 요한다. 그래도 혹시나 발생할 수 있는 오류를 검수하기 위해 확장된 유전형은 그대로 사용하지 않고, null allele 여부를 검토하여 문제가 되는 좌위 혹은 개체를 제거하는 과정을 거친다. 만약 일부 개체에서 소수 좌위에서 유전형을 확정하기 어려운 경우, 해당 데이터만 null data로 누락처리를 할 수 있다. 이 과정에는 microchecker (Van Oosterhout et al., 2004)라는 프로그램이 사용된다.

대립유전자 크기를 읽으면 일반적으로 엑셀에 개체별, 좌위별로 대립유전자 크기를 입력하게 된다. 이때, 가급적 처음 파일 포맷을 GENEPOP (Rousset, 2017)형식(.dat)으로 입력한다면, 다양한 소프트웨어에 활용할 수 있다는 장점이 있다. 엑셀로 대립유전자 크기를 입력하고 이를 txt 포맷의 문서로 내보내면서 확장자를 dat형식으로 지정하면 GenePop 포맷으로 내보낼 수 있다. 많은 유전형 데이터 분석 도구들은 각자의 고유한 입력(input) 포맷을 갖고 있는데, GENEPOP 포맷은 다양한 형식으로 변환할 수 있고 그 자체로 Ne 측정에 사용되는 NeEstimator (Do et al., 2014) 소프트웨어의 기본 입력 포맷이기도 하다.

Ne의 분석도구로는 COLONY(Jones & Wang, 2010), gesp(Olsson et al., 2017), MLNE(Wang, 2022), NeEstimator 등이 개발되었으나, 2014년 이래로 2024년 10월 현재까지 10년동안 2,206회 인용된 공신력있는 소프트웨어인 NeEstimator가 권장된다(그림 4). 이전 버전인 LDNE(Waples & Do, 2008)의 1,429회 인용까지 포함하면 중복인용을 보수적으로 잡더라도 3,000번 이상 인용된 도구이며 그만큼 광범위한 분류군에서 사용되어온 표준이라고 볼 수 있다. 분석 결과의 해석은 결과값으로 반환되는 텍스트 문서를 통해 집단별 Ne의 중앙값과 신뢰구간을 확인함으로써 확정할 수 있다.

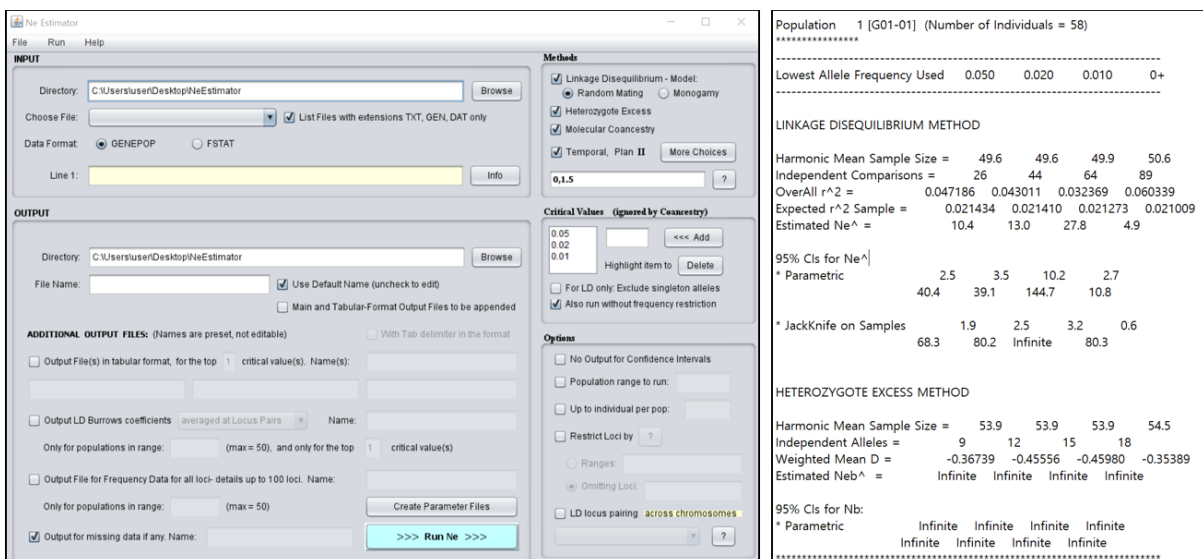


그림 4. 유효집단크기를 측정하는데 사용되는 소프트웨어인 NeEstimator(좌)와 그 결과값(우)

### 멸종위기종 지정 해제 정량평가 근거 지표로 활용

멸종위기종의 존재는 그 자체로 많은 사회적 비용을 요구한다. 국가는 영토 내에 존재하는 생물종의 멸종을 막을 법적 의무가 있고, 이를 위해서 국가 예산을 사용해 정책을 입안하고 실행해야 할 의무가 부여된다. 또한, 멸종위기종에 직간접적으로 관여된 사람들은 각종 규제를 피할 수 없다. 이 일련의 과정에서 소요되는 모든 비용은 납세자의 세금에서 충당된다. 이러한 중요성에도 불구하고 과학적인 기준과 절차를 거친 멸종위기종의 지정과 해제는 현실적 한계로 인해 요원한 상황이다. 이로 인한 논란과 사회적 혼란은 2차적인 비용을 초래하고, 보전정책의 혼선을 증가시키고 있는 상황이다. 만약 멸종위기 야생생물 등급의 변동 과정에서 객관성 있는 정량 지표가 사용된다면, 사회적 경제적 비용의 경감을 기대할 수 있다. 주기적으로 특정 지역 집단의 Ne를 모니터링하고 그 증감 추이를 살펴봄으로써 지속적 감소 추세에 있는 집단을 멸종위기종으로 지정하고, 그 반대의 경우 해제를 할 수 있을 것이다.

### 환경영향평가와 같은 개발 행위의 파급력 평가 지표로 활용

급격한 유전적병목현상은 Ne에 영향을 주는 요인들 중 하나이며, 다른 많은 요인들이 통제된다고 전제했을 때에 급격한 환경 변화 행위 이틀테면 대규모 공사에 따른 서식처의 파편화와 같은 교란이 집단의 규모에 미치는 파급력을 객관적 정량적 지표로 평가할 수 있다. 이는 앞선 멸종위기종과 마찬가지로 사회적 경제적 혼란을 상쇄할 뿐만 아니라 그 자체로 생물다양성 보전을 위한 후속 지침을 수립하는데 기초적 데이터를 확보하는데 기여할 수 있을 것이다.

### 농축수산 자원 유전다양성 모니터링을 통한 지속가능성 평가

낮은 Ne는 근친교배약세를 유발하여 자원의 생산성과 지속가능성을 위협할 수 있다 (Palstra & Ruzzante, 2008). 많은 사례들은 근친교배에 의해 높아진 질병감수성과 성장율 저하, 기형을 증가로 인해 궁극적으로 사육, 재배 개체들의 사망율을 증가시키게 되는 점을 지적하고 있다. 따라서 농축수산 자원의 유전다양성 모니터링을 통해 자원의 실태를 확인할 수 있으며, 문제가 발생하기 전에 외교배(outbreeding)를 통해 유전다양성을 끌어올려 유전다양성 감소에 따른 피해에 선제적 대응을 할 수 있게 된다(Neff et al., 2011; St. Clair et al., 2020).

### 누구나 사용할 수 있고 동의할 수 있는 지표

Ne 데이터는 집단의 현황을 보여주는 핵심데이터로 집단이 처한 환경 변수와 형태 데이터와 함께 수치로 표준화되어 관리될 수 있다. 이는 평가자의 주관과 직관에 의존하지 않으며, 데이터의 가공과 활용에 큰 장점을 갖고 있다. Ne 데이터는 집단의 현황을 보여주는 핵심데이터로 집단이 처한 환경 변수와 형태 데이터와 함께 수치로 표준화되어 관리될 수 있다. 이는 평가자의 주관과 직관에 의존하지 않으며, 데이터의 가공과 활용에 큰 장점을 갖고 있기 때문에 각 연구자와 기관이 활용할 수 있는 관리시스템의 핵심 데이터로 지속적으로 생산되고 관리될 수 있다.

### 유전다양성 지표의 한계와 극복 방안

본 논문을 마무리 하기에 앞서, 유전다양성을 실제 평가하고 활용하는데 봉착하고 있는 몇 가지 한계를 소개하고 그에 대한 극복 방안을 소개하고자 한다. 첫째, 현재의 유전다양성 정보는 데이터

가용성의 한계가 있는 상황이다. 모든 종에 대한 데이터를 동일한 수준으로 확보하기 어려워 특정 종이나 분류군에 편향된 데이터 수집이 이루어져 왔으며, 이러한 이유로 최근에는 당사국 별로 대표성 있는 대상으로 하는 시험연구가 추진중에 있다 (Hoban et al., 2023). 일반적으로 포유류나 조류와 같은 특정 분류군은 상대적으로 많은 연구가 이루어진 반면, 무척추동물이나 미생물과 같은 분류군은 연구가 부족한 경우가 많다. 둘째, 국가별 모니터링 우선순위의 차이로 인한 불일치가 발생할 수 있다. 각 국가는 자국의 상황과 필요에 따라 서로 다른 종이나 생태계를 우선적으로 모니터링하기 때문에, 국가 간 데이터의 일관성이 부족할 수 있다. 넷째, 지리적 위치나 접근성에 따른 편향이 발생할 수 있습니다. 접근이 용이한 지역의 종들은 더 많은 데이터가 수집되는 반면, 접근이 무인도서, 오지처럼 어려운 지역의 종들은 상대적으로 데이터가 부족할 수 있다. 이러한 제약사항들은 평가 결과의 신뢰성과 대표성에 영향을 미칠 수 있으므로, 이를 인식하고 적절한 보완 방안을 마련하는 것이 중요하다.

### 국제동향

현재 6개 대륙의 9개국(남아프리카, 미국, 일본, 멕시코, 호주, 스웨덴, 벨기에, 콜롬비아, 프랑스)에서 시범 프로젝트가 진행중에 있다 (Hoban et al., 2023). 이 프로젝트의 주요 목적은 방법론과 데이터 수집 도구를 개발하고 표준화하는 것이다. 이를 위해 각 국가는 최소 100종 이상을 평가하는 것을 목표로 하고 있으며, 이를 위해 세 가지 주요 접근 방식을 활용하고 있다. 첫째는 국가 문서나 과학 문헌 등을 검토하는 수동 데이터 추출, 둘째는 현지 전문가와 전통지식 보유자들의 지식을 활용하는 전문가 자문, 셋째는 기존 데이터베이스를 활용하는 자동화된 데이터 추출이다. 각 국가는 자국의 상황에 맞춰 2-10명의 인력을 투입하고 있으며, 포유류, 조류, 어류, 파충류/양서류, 무척추동물, 식물 등 분류군을 평가 대상으로 선정하고 있다. 특히 스웨덴의 경우, 22,000종에 대한 데이터 품질과 가용성을 평가하고 79종에 대해 지표값을 계산하는 시범 연구를 수행했다. 이 연구를 통해 약 33%의 종이 Nc를 보유하고 있으며, 20%의 종이 과거와 현재의 개체군에 대한 비교치를 가지고 있었다. 이러한 진행상황은 유전다양성 모니터링이 실현 가능하며, 일부 국가에서 이미 필요한 데이터를 보유하고 있다는 것을 보여줍니다. 또한 이 시범 프로젝트는 향후 더 많은 국가들이 이 지표들을 활용할 수 있도록 지침을 고도화 하는데 도움이 될 것으로 기대된다.

### 결론

본 리뷰에서는 KMGBF 목표를 달성하기 위한 보전생물학의 핵심 지표 중 하나인 Ne의 개념과 중요성을 논하고, Ne를 분석하고 활용하기 위한 가이드라인을 소개하였다. 이는 야생생물에 관련된 전공에 입문한 학생과 전문가 그리고 KMGBF 대응하는 실무자에게 Ne에 대한 이해를 높이는 데 도움이 될 것으로 기대하며, 국제사회와 인류 지속가능성에 기여하는 연구자들의 관심과 참여가 증대되길 희망한다.

### 사사

본 연구는 호남권생물자원관의 지원(HNIBR202401101)으로 수행되었다.

### 참고문헌

- 관계부처 합동. 제5차 국가생물다양성전략 (2024 ~ 2028년). 2023. 대한민국 정부, 115pp.
- Blanchet S, Prunier JG, De Kort H. 2017. Time to go bigger: emerging patterns in macrogenetics. *Trends Genet.* 33: 579–580.
- [CBD] Convention on Biological Diversity. 2020. Zero Draft of the Post-2020 Global Biodiversity Framework. CBD/WG2020/2/3. Secretariat of the Convention on Biological Diversity, Montréal, Canada.
- Ceballos G, Ehrlich PR, Barnosky AD, García A, Pringle RM, Palmer TM. 2015. Accelerated modern human-induced species losses: Entering the sixth mass extinction. *Sci Adv.* 1: e1400253.
- Chen J, Glémin S, Lascoux M. 2020. From drift to draft: how much do beneficial mutations actually contribute to predictions of Ohta's slightly deleterious model of molecular evolution? *Genetics.* 214: 1005–1018.
- Clarke SH, Lawrence ER, Matte JM, Gallagher BK, Salisbury SJ, Michaelides SN, Koumrouyan R, Ruzzante DE, Grant JW, Fraser DJ. 2024. Global assessment of effective population sizes: Consistent taxonomic differences in meeting the 50/500 rule. *Mol Ecol.* 33: e17353.
- Dirzo R, Ceballos G, Ehrlich PR. 2022. Circling the drain: The extinction crisis and the future of humanity. *Philos Trans R Soc B.* 377: 20210378.
- Folke C, Carpenter S, Walker B, Scheffer M, Elmqvist T, Gunderson L, Holling CS. 2004. Regime shifts, resilience, and biodiversity in ecosystem management. *Annu Rev Ecol Evol Syst.* 35: 557–581.
- Franklin IR. 1980. Evolutionary change in small populations. In: Soulé ME, Wilcox BA, eds. *Conservation Biology: An Evolutionary–Ecological Perspective*. Sunderland, MA: Sinauer. pp. 135–149.
- Frankham R. 1995. Effective population size/adult population size ratios in wildlife: a review. *Genet Res.* 66: 95–107.
- Frankham R, Briscoe DA, Ballou JD. 2002. *Introduction to conservation genetics*. Cambridge University Press.
- Frankham R, Bradshaw CJ, Brook BW. 2014. Genetics in conservation management: revised recommendations for the 50/500 rules, Red List criteria and population viability analyses. *Biol Conserv.* 170: 56–63.
- Gargiulo R, Waples RS, Grow AK, Shefferson RP, Viruel J, Fay MF, Kull T. 2023. Effective population size in a partially clonal plant is not predicted by the number of genetic individuals. *Evol Appl.* 16: 750–766.
- Hill WG. 1979. A note on effective population size with overlapping generations. *Genetics.* 92: 317–322.
- Hill WG. 1981. Estimation of effective population size from data on linkage disequilibrium. *Genet Res.* 38: 209–216.
- Hoban S, Bruford MW, Funk WC, Galbusera P, Griffith MP, Grueber CE, Heuertz M, Hunter ME, Hvilson C, Stroil BK, Kershaw F. 2021. Global commitments to conserving and monitoring genetic diversity are now necessary and feasible. *Bioscience.* 71: 964–976.

- Hoban S, da Silva JM, Mastretta-Yanes A, Grueber CE, Heuertz M, Hunter ME, Mergeay J, Paz-Vinas I, Fukaya K, Ishihama F, Jordan R. 2023. Monitoring status and trends in genetic diversity for the Convention on Biological Diversity: An ongoing assessment of genetic indicators in nine countries. *Conserv Lett.* 16: e12953.
- Jeon HB, Yates MC, Gallagher BK, Fraser DJ. 2024. Life'Aquatitch: demographic history and environmental factors shape fine-scale local adaptation within small populations of brook trout. *Can J Fish Aquat Sci.* (in press).
- Keller LF, Waller DM. 2002. Inbreeding effects in wild populations. *Trends Ecol Evol.* 17: 230–241.
- Leigh DM, van Rees CB, Millette KL, Breed MF, Schmidt C, Bertola LD, Hand BK, Hunter ME, Jensen EL, Kershaw F, et al. 2021. Opportunities and challenges of macrogenetic studies. *Nat Rev Genet.* 22: 791–807.
- Lynch M, Conery J, Burger R. 1995. Mutation accumulation and the extinction of small populations. *Am Nat.* 146: 489–518.
- McGowan PJ, Hutchinson A, Brooks TM, Elliott W, Hoffmann M, Mair L, McDougall A, Raimondo DC, Butchart SH. 2024. Understanding and achieving species elements in the Kunming–Montreal Global Biodiversity Framework. *Bioscience.* 74: 614–623.
- Neff BD, Garner SR, Pitcher TE. 2011. Conservation and enhancement of wild fish populations: preserving genetic quality versus genetic diversity. *Can J Fish Aquat Sci.* 68: 1139–1154.
- Nei M, Tajima F. 1981. Genetic drift and estimation of effective population size. *Genetics.* 98: 625–640.
- Numminen E, Jokinen M, Lindén A, Vanhatalo J. 2023. Species ecology can bias population estimates. *Biol Conserv.* 283: 110115.
- Nunney L, Elam DR. 1994. Estimating the effective population size of conserved populations. *Conserv Biol.* 8: 175–184.
- Oliver TH, Heard MS, Isaac NJB, Roy DB, Procter D, Eigenbrod F, Freckleton R, Hector A, Orme CDL, Petchey OL, et al. 2015. Biodiversity and resilience of ecosystem functions. *Trends Ecol Evol.* 30: 673–684.
- Palstra FP, Ruzzante DE. 2008. Genetic estimates of contemporary effective population size: what can they tell us about the importance of genetic stochasticity for wild population persistence? *Mol Ecol.* 17: 3428–3447.
- Parks L, Tsioumani E. 2023. Transforming biodiversity governance? Indigenous peoples' contributions to the Convention on Biological Diversity. *Biol Conserv.* 280: 109933.
- Pérez-Pereira N, Wang J, Quesada H, Caballero A. 2022. Prediction of the minimum effective size of a population viable in the long term. *Biodivers Conserv.* 31: 2763–2780.
- Pievani T. 2014. The sixth mass extinction: Anthropocene and the human impact on biodiversity. *Rend Lincei.* 25: 85–93.
- Pudovkin AI, Zaykin DV, Hedgecock D. 1996. On the potential for estimating the effective number of breeders from heterozygote-excess in progeny. *Genetics.* 144: 383–387.
- Rousset F. 2017. Genepop Version 4.7.0.



- Schwartz MK, Luikart G, Waples RS. 2007. Genetic monitoring as a promising tool for conservation and management. *Trends Ecol Evol.* 22: 25–33.
- St. Clair AB, Dunwiddie PW, Fant JB, Kaye TN, Kramer AT. 2020. Mixing source populations increases genetic diversity of restored rare plant populations. *Restor Ecol.* 28: 583–593.
- Supple MA, Shapiro B. 2018. Conservation of biodiversity in the genomics era. *Genome Biol.* 19: 1–12.
- Teixeira JC, Huber CD. 2021. The inflated significance of neutral genetic diversity in conservation genetics. *Proc Natl Acad Sci USA.* 118: e2015096118.
- Traill LW, Brook BW, Frankham RR, Bradshaw CJ. 2010. Pragmatic population viability targets in a rapidly changing world. *Biol Conserv.* 143: 28–34.
- Van Oosterhout C, Hutchinson WF, Wills DP, Shipley P. 2004. MICRO-CHECKER: software for identifying and correcting genotyping errors in microsatellite data. *Mol Ecol Notes.* 4: 535–538.
- Wang J. 2016. A comparison of single-sample estimators of effective population sizes from genetic marker data. *Mol Ecol.* 25: 4692–4711.
- Wang J. 2022. MLNe: Simulating and estimating effective size and migration rate from temporal changes in allele frequencies. *J Hered.* 113: 563–567.
- Waples RS, Do CHI. 2008. LDNE: a program for estimating effective population size from data on linkage disequilibrium. *Mol Ecol Resour.* 8: 753–756.
- Waples RS. 2010. Spatial-temporal stratifications in natural populations and how they affect understanding and estimation of effective population size. *Mol Ecol Resour.* 10: 785–796.
- Wright S. 1931. Evolution in Mendelian populations. *Genetics.* 16: 97–159.

## 영문초록

**Title:** Understanding and Implementing Effective Population Size ( $N_e$ ) for Biodiversity Conservation

**Abstract:** The Kunming–Montreal Global Biodiversity Framework (KMGBF) has designated effective population size ( $N_e$ ) as a key indicator for biodiversity conservation. This review provides a comprehensive guide for understanding and implementing  $N_e$  monitoring, focusing on its theoretical background, estimation methods, and practical applications. We discuss the advantages of microsatellite markers for  $N_e$  estimation and provide detailed guidelines for sampling strategies and data analysis. Using a case study of Korean freshwater fish, we demonstrate that most populations, regardless of their conservation status, have  $N_e$  values below 500, suggesting potential genetic vulnerability. The paper also highlights the practical applications of  $N_e$  monitoring in conservation policy, environmental impact assessment, and sustainable resource management. This review aims to assist researchers and practitioners in implementing  $N_e$  monitoring to meet KMGBF targets by 2030.

**Authors:** Hari Won<sup>1</sup>, Kyung Jun Lee<sup>1</sup>, Tae-Kwon Noh<sup>2</sup>, Hyung-Bae Jeon<sup>2\*</sup>

**Affiliation:**<sup>1</sup>Honam National Institute of Biological Resources, Mokpo, Republic of Korea 58762

<sup>2</sup>National Institute of Biological Resources, Incheon, Republic of Korea 22689

**Corresponding author:** fields85@korea.kr\*