

Study Note

## 비침습 샘플 DNA 분석으로 유추한 영월 한반도습지 내 멧돼지(*Sus scrofa*)의 생태 연구

김민경\* · 이상임\*\* · 박효민\*\*\* · 이상돈\*\*\*

서울대학교 생명과학부\*, 대구경북과학기술원 뉴바이올로지전공\*\*, 이화여자대학교 환경공학과\*\*\*

### Ecological Studies of Wild boars (*Sus scrofa*) in Yeongwol Hanbando Wetland Inferred through DNA Analysis of Non-invasive Samples

Minkyung Kim\* · Sang-im Lee\*\* · Hyomin Park\*\*\* · Sangdon Lee\*\*\*

School of Biological Sciences, Seoul National University\*

Department of New Biology, DGIST\*\*

Department of Environmental Science and Engineering, Ewha Womans University\*\*\*

**요약:** 본 연구는 비침습 샘플인 털을 이용하여 영월 한반도습지 내 서식하는 멧돼지(*Sus scrofa*)의 유전 분석을 통하여 그들의 서식 생태를 유추하였다. 털 시료는 2018년 11월부터 2019년 5월까지 한반도습지 (2,772km<sup>2</sup>) 내에서 비빔목 및 헤어트랩을 이용하여 수집하였다. 털 시료로부터 DNA를 추출하여 개체의 종과 성을 PCR을 통해 파악하였으며 6개의 마이크로새틀라이트 마커를 이용하여 개체 구분과 개체 간 유전적 근연관계를 유추하였다. 수집된 털 시료 중 총 16개의 털이 멧돼지의 시료였으며, 이는 암컷 7마리, 수컷 3마리의 10개체로부터 수집된 것임이 판명되었다. 이 10개체의 유전적 관계를 추정해 본 결과, 이들이 만들어내는 45쌍 중에 9쌍의 개체가 친족관계일 가능성이 높게 나타났다. 개체 쌍의 친족관계와 털 시료가 채집된 위치를 함께 고려하여 본 결과, 한반도습지 일대에서 서식하는 멧돼지는 암컷과 그 자손으로 씨 모계 가족단위로 생활하는 것으로 추정되며, 이는 기존에 알려진 멧돼지의 습성과도 일치하는 결과이다. 그러나 본 연구에 사용된 샘플과 마이크로새틀라이트 마커의 수가 제한적이므로 향후 추가적인 분석이 필요하다.

**주요어:** 멧돼지, 한반도습지, 비침습적 샘플, 털, 근연관계

**Abstract:** This study inferred the ecology of habitat use of the wild boars (*Sus scrofa*) in Yeongwol Hanbando wetland through DNA analysis using non-invasive samples of hairs. From November 2018 to May 2019, hair samples were collected from rubbing trees and hair traps within the Hanbando wetland (2,772 km<sup>2</sup>). We extracted DNA from the hair samples and conducted PCR to verify the species and identify sex of the individuals. In addition we analysed 6 microsatellite markers to

First Author: Minkyung Kim, Tel: +82-2-6225-3020, E-mail: enviecol@snu.ac.kr, ORCID: 0000-0002-8954-456X

Corresponding Author: Sangdon Lee, Tel: +82-2-3277-3545, E-mail: lsd@ewha.ac.kr, ORCID: 0000-0002-3282-873X

Co-Authors: Sang-im Lee, Tel: +82-53-785-6613, E-mail: sangim@dgist.ac.kr, ORCID: 0000-0001-7808-7140

Hyomin Park, Tel: +82-2-3277-3774, E-mail: jolie71@gmail.com, ORCID: 0000-0003-1128-8874

Received: 24 April, 2020 Revised: 26 May, 2020. Accepted: 27 May, 2020.

identify individuals and genetic relationship among the pairs of individuals. A total of 16 boar hairs were sampled, which turned out to be from 10 individual (7 females and 3 males) boars. We found that 9 pairs, out of 45 possible pairs, were most likely to be relatives. The result from kinship data and the location of the sampled hairs suggest that wild boars in this area live as family groups that consist of a mother and her offspring, which is consistent with known habits of wild boars. It is needed to include more samples and microsatellite markers for better precise estimation of kinship among the boar individuals.

**Keywords :** wild boar, hanbando wetland, non-invasive sample, hair, genetic relationship

## I. 서론

멧돼지(*Sus scrofa*)는 우제목 멧돼지과(Suidae)에 속하는 대형 포유류로 아시아, 유럽, 아프리카 남서부, 남북아메리카 등에 걸쳐 분포하고 있다(Ministry of Environment & National Institute of Biological Resources 2012). 국내에는 호랑이, 표범, 늑대 등 대부분의 중·대형 포식자가 지역적으로 절멸하였기에 번식력이 강한 멧돼지의 개체수는 증가하였으며(Kim et al, 2014), 인가 주변에 출현하여 인명·가축에 위해를 주거나 농작물에 피해를 주어 유해야생동물로 지정되었다(National Institute of Biological Resources 2015). 특히 최근에는 국내의 야생멧돼지에서 아프리카돼지열병이 감염된 사례가 보고되고 있어 국내에 서식하는 멧돼지의 생태적 연구의 필요성이 높아지고 있다. 연구자들은 야생동물의 털이나 분변과 같은 비침습적인 샘플을 이용하여 그들의 유전정보를 확인할 수 있다(Wait & Paetkau 2005). 특히, 육식 동물이거나, 몸집이 크거나, 또는 야행성인 경우, 직접 포획을 통하여 샘플을 채취하는 것보다는 비침습적 샘플인 털이나 분변을 이용한 연구가 매우 유용하므로 비침습적 샘플은 국내외 야생동물 연구에 많이 활용되고 있다(Palomares et al, 2002; Onorato et al, 2006; Kim et al, 2008). 멧돼지는 잡식성이고, 거친 털을 가지며, 진흙 목욕 후 나무(비빔목)에 몸을 비비는 행동 특성을 가지고 있다(Lee & Lee 2014b). 이러한 행동 습성으로 멧돼지의 털에는 식물의 종자가 붙어 산포하게 됨과 동시에(Heinken et al, 2006), 비빔목 및 비빔목 주변에는 그들의 털

이 남아있게 된다. 이러한 멧돼지의 털은 멧돼지의 생태 연구에 매우 중요한 시료가 될 수 있다. 영월 한반도습지는 강원도 영월군 한반도면 신천리와 웅정리 일대에 위치하고 있으며, 주천천과 평창강의 합류부에 바닥의 자갈과 모래 위에 빨층이 퇴적되어 형성된 하천형 내륙습지이다(Han et al, 2014). 본 지역은 풍부한 하천 생태공간과 우수한 자연경관, 높은 생물 다양성을 보유하고 있어 환경부와 영월군은 한반도습지 지역의 생태, 경관적 중요성을 보호하고자 2012년 1월 13일에 '영월 한반도습지 습지보호지역'으로 지정하였으며, 또한 한반도 습지 지역은 2015년 5월 13일에는 람사르 습지에 등록되었다(<http://me.go.kr/wonju/web/index.do?menuId=10133>). 이와 같은 우수한 생태계가 포함된 강원도 영월군 지역은 식물상, 곤충류, 어류 등의 다양한 분류군의 연구가 보고되고 있지만(Lee et al, 2011; Choi et al, 2012; Nam et al, 2012; Han et al, 2014; Chae et al, 2019), 멧돼지를 포함한 포유류의 생태 연구는 거의 수행되지 않았다.

국내에 서식하는 멧돼지 생태 연구는 행동권 연구(Choi et al, 2006), 식이특성 연구(Lee & Lee 2014a)가 진행되었고 그들의 행동 특성으로는 비빔목의 선택(Lee & Lee 2014b)이나 서식지 선호(Kim et al, 2019) 등에 관한 연구가 수행되었다. 그동안 야생의 멧돼지 무리의 구성에 대한 연구는 진행된 바가 없으며, 포획이나 사체를 이용한 방법으로는 함께 어울려 다니는 무리에 대한 생태 정보를 얻는 데는 한계가 있었다.

따라서 본 연구에서는 생태적으로 우수한 영월 한

반도습지 내에서 발견된 비침습적 샘플인 털을 이용하여 멧돼지의 DNA 분석을 실시하고, 유전 정보를 바탕으로 멧돼지 무리의 구성을 유추하고자 하였다.

## II. 재료 및 방법

### 1. 조사지역

조사 지역은 강원도 영월 한반도습지(37°13'13", 128°20'49")로 습지보호지역과 습지구변관리지역내(2.772km<sup>2</sup>)에서 수행되었다(Figure 1). 본 지역은 인위적 교란이나 훼손이 이루어지지 않아 자연환경이 비교적 양호한 편이며, 감입곡류하천의 지형경관과 계절마다 변화하는 식생경관이 조화를 이루고 있는 우수한 습지생태계이다. 2017년 한반도습지 습지지역의 포유류 현황 조사 결과, 멧돼지를 포함하여 5목 10과 12종이 확인되었으며, 대부분 산림을 주서식처로 살아가는 종으로 파악되었다(Ministry of Environment 2018).

### 2. 시료 채집

샘플링은 2018년 가을부터 2019년 여름까지 진행하였다. 먼저 한반도습지 내 멧돼지의 휴식터, 연못가, 진흙 목욕지역, 멧돼지 분변 배설지역을 관찰로 파악하고 그 인근의 비빔목을 조사하였으며, 멧돼지가 이동하는 것으로 관찰된 경로 주변에는 추가적으로 헤어트랩을 설치하였다. 총 4회의 정기 조사와 수시 조사를 병행하였으며 비빔목과 헤어트랩에 남아있는 털을 수집하였다. 하나의 묶음으로 되어 있는 털은 하나의 시료로, 날개로 분리되어 있는 털은 각각 별개의 시료로 간주하였고, 시료는 멸균된 15ml 튜브(conical tube)에 담아 -20℃에서 냉동 보관하였다.

### 3. 유전자 분석

#### 1) Genomic DNA 추출

한 시료에 여러 개체의 털이 들어갈 가능성을 완전 배제하기 위하여 한 묶음으로 되어 있는 털에서도 한

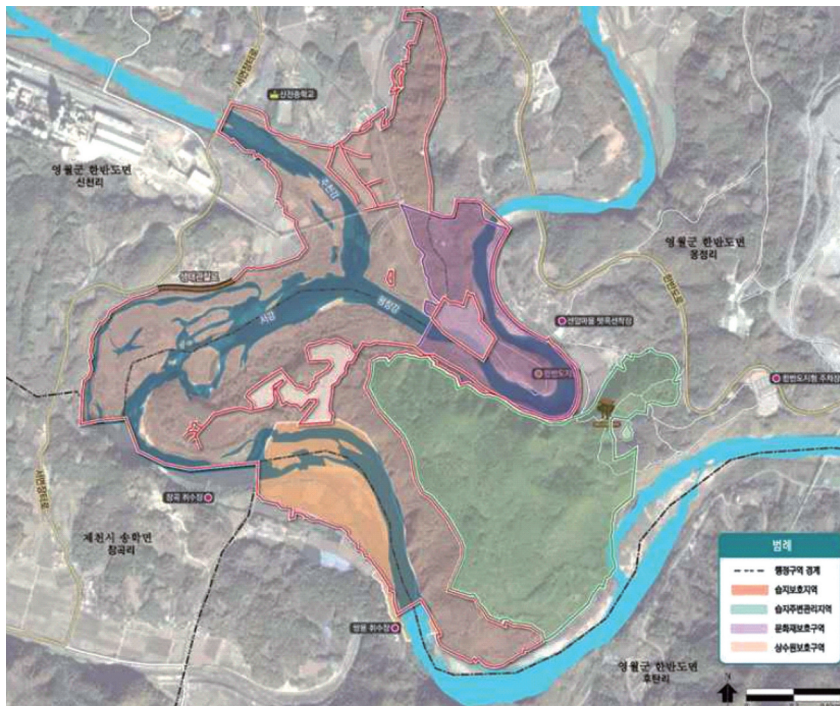


Figure 1. Map of designation of major protected areas in Hanbando wetlands (Adapted from "The 2nd (2018-2022) Wetland conservation plan for the Hanbando wetlands in Yeungwol by Ministry of Environment, 2018").

가닥만을 사용하였으며, 털 가닥은 잘게 잘라서 1.5ml 튜브에 넣은 후 GenElute™ genomic DNA miniprep Kit (Sigma CO.)를 사용하여 제조사의 프로토콜에 따라 DNA를 추출하였다. 또한 본 실험에서는 털 가닥이 충분히 용해될 수 있도록 히팅 블럭(heating block)을 사용하여 약 48시간 이상 충분히 배양하였고, 용액이 증발되지 않도록 밀봉하여 진행하였다.

2) 종 확인

수집된 털 중에는 매우 작거나 얇은 털이 존재하여 멧돼지의 털인지 아닌지를 확인하는 과정이 필요하였다. 이에 멧돼지 종에 특이적으로 존재하는 DNA 염기서열로 구성된 프라이머(Primer)를 이용하여 PCR을 실시한 후 멧돼지의 종을 확인하였다. 본 연구에서 이용된 프라이머는 pigCTR22L와 pigCTR515H (Table 1)인데, 이는 멧돼지 미토콘드리아 DNA (mtDNA) 중 control region 부위의 염기서열로 구성되어 있다. PCR은 2µl의 10X buffer, 2µl의 dNTPs, 2µl의 양방향 프라이머와 2µl의 DNA, 0.2µl의 taq DNA polymerase를 넣고 증류수(nuclease-free water, Qiagen)로 총 부피를 20µl로 맞추었다. PCR 조건은 94℃에서 denaturation 24초, 50℃에서 annealing 30초, 72℃에서 extension 90초를 1cycle로 하여 총 45회 반복하였다. 멧돼지 종의 증폭 결과는 1% Agarose gel에서 확인하였다.

3) 성별 확인

위의 과정을 거쳐 멧돼지의 털로 확인된 시료를 대상으로 성별을 확인하기 위하여 성판별에 사용되는 프라이머를 사용하여 PCR을 실시하였다(Table 1). PCR은 2µl의 10X buffer, 2µl의 dNTPs, 1µl의 양방향 프라이머와 4µl의 DNA, 0.2µl의 taq DNA polymerase를 넣고 증류수(nuclease-free water,

Qiagen)로 총 부피를 20µl로 맞추었다. PCR 조건은 95℃에서 denaturation 30초, 47℃에서 annealing 30초, 72℃에서 extension 45초를 1cycle로 하여 총 45회 반복하였다. 2% agarose gel에 PCR 산물을 loading하여 350bp, 520bp 두 밴드가 확인되는 샘플은 수컷, 520bp 밴드만 확인되는 샘플은 암컷의 것임을 확인할 수 있었다.

4) 개체 확인을 위한 마이크로새틀라이트 분석

개체분석은 마이크로새틀라이트 유전자를 증폭하여 실시하였으며, 멧돼지에서 개발된 마커를 사용하였다. 본 연구에서는 유럽의 멧돼지(Costa et al, 2012)와 한국에 서식하는 멧돼지를 대상으로 한 선행연구(Ministry of Environment 2014)에서 많은 수의 대립 유전자가 관찰된 마커 중 6개(Sw24, S0005, S0068, S0155, S0101, Sw936)를 선정하였다(Table 2).

이들 마커를 이용하여 다음의 조건으로 PCR을 수행하였다. PCR은 1.25µl의 10X buffer, 1µl의 dNTPs, 0.5µl의 양방향 프라이머와 2µl의 DNA, 0.5µl의 taq DNA polymerase를 넣고 증류수(nuclease-free water, Qiagen)로 총 부피를 12.5µl로 맞추었다. PCR 조건은 95℃에서 denaturation 30초, 52℃에서 annealing 30초, 72℃에서 extension 60초를 1cycle로 하여 총 40회 반복하였다. PCR 산물을 3730xl DNA analyzer 장비를 이용하여 시료의 유전자형을 파악하였으며, GeneMapper 5.0 (Applied Biosystems) 프로그램을 이용하여 대립유전자를 파악(allele scoring)하였다. 이 자료를 바탕으로 ML-relate 프로그램(Kalinowski et al, 2006)을 이용하여 최대 우도(maximum likelihood)를 기반으로 한 친족 관계 추정을 실시하였다.

Table 1. List of primers used in this study

	Primers (5' → 3')	References
primers for identification of species	pigCTR22L : TTCGTATGCAAACCAAAACG pigCTR515H : GCTGATTAGTCATTAGTCC	Fickel & Hohmann 2006
primers for identification of sex	AMEL-F : CRCMTTCATTGAYAATTCAC AMEL-R : CCAGAGGTTGTAACCTTACAG	Sembon et al. 2008

Table 2. Sequence, size range, chromosomes location of microsatellite markers used in this study (Costa et al. 2012)

	Primers (5' → 3')	Size Range	Chromosome location
Sw24	F : CTTTGGGTGGAGTGTGTGC R : ATCCAAATGCTGCAAGCG	113-137	17
S0005	F : TCCTTCCCTCCTGGTAACTA R : GCACTTCTGATTCTGGGTA	223-275	5
S0068	F : AGTGGTCTCTCCCTCTTGCT R : CCTTCAACCTTTGAGCAAGAAC	246-280	13
S0155	F : TGTTCCTGTTTCTCCTCTGTTTG R : AAAGTGGAAAGAGTCAATGGCTAT	167-183	1
S0101	F : GAATGCAAAGAGTTCAGTGATAGG R : GTCTCCCTCACACTACCGCAG	216-238	7
Sw936	F : TCTGGAGCTCGCATAAGTGCC R : GTGCAAGTACACATGCAGGG	115-133	15

### III. 결과 및 고찰

#### 1. 멧돼지 종 및 성별 확인

한반도습지 내에서 수집한 털 시료 중 멧돼지의 것으로 확인된 시료는 총 16개였으며, 그 수집위치는 Figure 2에 표시되어 있다. 이 시료 중 14개의 시료에서 성별이 확인되었는데, 3개 시료는 수컷, 11개 시료는 암컷의 것으로 확인되었다(Table 3).

#### 2. 멧돼지 개체 확인을 위한 마이크로새틀라이트 분석

총 6개의 마커(Sw24, S0005, S0068, S0155, S0101, Sw936)를 이용하여 마이크로새틀라이트 분석을 실시하여 51번 시료를 제외한 나머지 15개 시료에서 결과를 확보하였다. 그 중 43번, 44번, 55번, 58번, 59번, 60번 시료는 마이크로새틀라이트 유전자형이 동일하여 중복 개체로 판단되었다. 이를 감안

할 때, 다른 시료와 동일 개체로 확인된 43번 시료의 성별은 암컷으로 판단된다. 따라서 본 연구에서 수집한 시료는 수컷 3마리와 암컷 7마리로 총 10마리의 멧돼지 개체에서 얻어진 것으로 추정된다.

이는 한반도습지 지형내 멧돼지 털을 이용하여 유전자형을 분석하여 영월군 한반도습지 내 최소 10마리의 멧돼지 개체를 확인한 결과이다. Figure 3은 개체가 확인된 멧돼지의 털의 수거 위치와 샘플의 번호를 나타내었다.

또한 유전자형 분석을 통하여 얻어진 대립인자들을 이용하여 한반도습지 내 멧돼지 10개체의 친족관계를 추정해보았다. ML-relate 프로그램을 이용하여 10개체의 각각의 쌍에 대한 최대 우도(maximum likelihood)로 추정되었다. 총 10개체들이 만들어내는 45쌍 중 9쌍의 개체들이 친족관계의 가능성이 가장 높게 나타났다(Table 4). 9쌍 중 3쌍의 관계는 부모자식 관계(PO)였으며, 2쌍의 관계에서 친형제자매

Table 3. List of samples which were confirmed wild boar species and sex

Sample No.	Species identification	Sex identification	Sample No.	Species identification	Sex identification
8	○	Female	44	○	Female
11	○	Male	45	○	Female
12	○	Male	51	○	-
14	○	Male	54	○	Female
30	○	Female	55	○	Female
39	○	Female	58	○	Female
41	○	Female	59	○	Female
43	○	-	60	○	Female



Figure 2. Location of hair trap and collection of hairs identified as wild boar species.



Figure 3. Locations where samples from different individuals were collected. Number represents the sample number except '43(+)' which represents samples of 43, 44, 55, 58, 59, and 60.

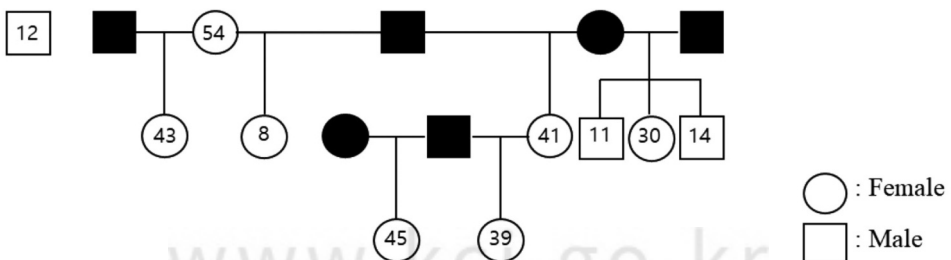


Figure 4. A family tree of wild boar in the Korean Peninsula wetlands estimated as hair samples in this study.

Table 4. List of relative relationships estimated to be the maximum likelihood among the pair of wild boar individuals (PO: parent-offspring, FS: full-siblings, HS: half-siblings)

Sample No.	Relationship	Ln likelihood
8	PO	-21.91
54		
43	PO	-23.70
54		
39	PO	-17.47
41		
11	FS	-22.82
30		
14	FS	-22.99
30		
30	HS	-21.07
41		
8	HS	-21.98
41		
39	HS	-25.93
45		
8	HS	-24.20
43		

관계(FS)로 나타났다. 그리고 4쌍의 관계는 이복형제자매관계(HS)로 나타났다.

이 결과를 바탕으로 추정된 한반도습지 내 멧돼지의 가계도를 살펴보면 Figure 4와 같다. 야생 멧돼지는 모돈과 자손들을 포함하는 여성 그룹을 기반으로 한 사회 조직을 구성하며(Poteaux et al. 2009), 성체 수컷은 단독생활을 한다. 일부다처제(polygynous) 포유류로 알려져 있지만(Martys 1991), 흥미롭게도 분자 유전자 기술의 발달로 다수의 부계 관계가 발생하고 있음이 확인되고 있다(Delgado et al. 2008; Poteaux et al. 2009). 본 연구에서도, 암컷인 54의 자손으로 보이는 43과 8은 이복형제자매관계로 나타나므로 이 둘은 54가 다른 수컷과의 교미로 낳은 자손임이 추정된다. 41과 39는 부모자식관계이며 45와 39가 이복형제자매관계이므로, 45와 39는 아버를 공유한 개체로 추정된다. 또한 41과 8이 이복형제자매관계로 아버를 공유한 개체들로 판단된다.

이 결과를 털의 채집 장소와 비교해보면, 어미인 54

와 자손 43이 한 장소에서 발견되었으며, 어미인 41과 자손인 39 또한 한 장소에서 발견되었다. 이는 모돈과 자손으로 구성된 모계 무리로 생활하기 때문인 것으로 사료된다. 이를 통해 한반도습지 지역 내에서는 현재 3세대로 구성된 가족 집단이 서식하는 것으로 판단되며, 암컷 친척 간에는 딱히 아주 가까운 친척이 아니더라도 같이 몰려다니거나, 또는 몰려다니지는 않아도 같은 지역을 오가는 것이라 추정 가능하다. 또한, 여기에 이 가족집단에 속하지 않은 12번 수컷 개체가 한반도습지 지역을 함께 이용하는 것으로 확인된다.

다만 11과 30, 14와 30은 친형제자매관계로 추정되나 11과 14는 혈연관계가 아닌 것으로 추정되었다. 이는 본 연구에 사용된 마이크로새틀라이트 마커 수의 부족에 기인한 것으로 판단된다. 이에 보다 정확한 혈연관계 유추를 위해서는 많은 수의 마커에 관한 분석이 추가되어야 할 것으로 보인다.

#### IV. 결론

본 연구는 비침습 샘플인 털을 이용하여 영월 한반도습지 내 서식하는 멧돼지의 유전 분석을 실시하였다. 유전자형 분석을 이용한 멧돼지 개체 확인을 통한 연구의 결과, 조사기간 동안 한반도습지 내에서 획득한 야생동물의 털로부터 확인된 멧돼지는 총 10개체였으며, 이들은 암컷 7마리와 수컷 3마리로 구성되었다. 이는 연구기간 동안 획득하여 확인된 샘플의 수가 제한적이므로 이 개체들이 한반도습지를 이용하는 모든 멧돼지 개체라고 단정할 수 없으나, 한반도습지를 이용하는 멧돼지의 개체가 최소 10마리임을 의미한다고 볼 수 있다. 또한 이들의 성비를 보면, 암수의 비율이 7:3으로 암컷이 수컷보다 약 2.3배 높음을 알 수 있다. 털의 수집 장소와 비교하였을 때, 함께 채집된 어미와 자손은 모계에 기반한 여성그룹으로 사회 조직을 형성하는 모습을 나타낸 것이라 판단된다.

또한, 본 연구에서 확인된 총 10개체의 유전적 관계쌍을 추정해 본 결과, 이들이 만들어내는 45쌍 중에 9쌍의 개체들이 친족관계일 가능성이 가장 높게 나타났다. 본 연구에서는 개체의 활동을 추정하기 위하여 여러 장소에서 같은 개체의 흔적을 찾기를 기대

하였으나 그런 결과를 얻지 못하여 그들이 이용하는 지역을 추정해보기는 어려웠다. 그러나 털의 수집위치와 친족관계 분석을 통하여 한반도습지 지역 및 그 주변 일대를 가족 및 친족들이 공동 이용하고 있음을 알 수 있었다.

최근 국내에는 아프리카돼지열병이나 멧돼지로 인한 농가의 피해, 도심 출몰 등과 같은 멧돼지 관련 이슈가 계속되고 있는 상황에서, 멧돼지의 유전분석을 통한 생태적 연구는 매우 중요한 결과이다. 다만, 본 연구는 소수의 샘플과 적은 수의 마커를 사용한 한계가 있으므로, 개체를 더 정확히 동정하기 위해서는 충분한 샘플의 수, 다수의 유전자 좌(locus), 유전자 좌 내 대립유전자(allele)가 필요하므로 향후 추가적인 분석이 필요할 것으로 판단된다.

### 사사

본 연구는 원주지방환경청의 [영월 한반도습지 유해 야생동물 서식현황 및 피해 저감방안 마련] 연구 결과 일부를 바탕으로 하였으며, 연구에 도움을 주신 원주지방환경청 자연환경해설사 최재명 선생님께 감사의 말씀드립니다. 또한 서울지역환경기술개발센터 연구개발사업(SGEC-2020)의 일환으로 수행되었으며, 지원에 감사드립니다.

### References

Chae H, Kim Y, Lee K, Nam G, Lee S, Lee Y, Lee Y. 2019. Floristic characteristics of vascular plants in the Dong-gang river basin ecological and scenery conservation area. Korean J. Environ. Ecol. 33(2): 131-167. [Korean Literature]

Choi M, Park B, Lee J. 2012. The Species Diversity and distribution of vespidae in southeast Region (Sangdong-eup, Gimsatgamyeon, Jungdong-myeon) of Yeongwol-gun, Gangwon-do, Korea. J. Korean Nat.

5(4): 305-310.

Choi T, Lee Y, Park C. 2006. Home-range of wild boar, *Sus scrofa* living in the Jirisan National Park, Korea. J. Ecol. Field Biol. 29(3): 253-257. [Korean Literature]

Costa V, PerezéGonzález J, Santos P, Fernández-Llario P, Carranza J, Zsolnai A, Anton I, Buzgó J, Varga G, Monteiro N, Beja-Pereira A. 2012. Microsatellite markers for identification and parentage analysis in the European wild boar (*Sus scrofa*). BMC Res. Notes. 5: 479-481.

Delgado R, Fernández-Llario P, Azevedo M, Beja-Pereira A, Santos P. 2008. Paternity assessment in free-ranging wild boar (*Sus scrofa*) - are littermates full-sibs? Mamm. Biol. 73: 169-176.

Fickel J, Hohmann U. 2006. A methodological approach for non-invasive sampling for population size estimates in wild boars (*Sus scrofa*). Eur. J. Wildl. Res. 52: 28-33.

Han S, Lee K, Yoon Y, Choi J, Kim J, Choi J. 2014. The Characteristics of the Fish Community in Yeongwol Hanbando Wetland. Korean J. Environ. Ecol. 28(4): 424-431. [Korean Literature]

Heinken T, Schmidt M, OheimbG, Kriebitzsch W, Ellenberg H. 2006. Soil seed banks near rubbing trees indicate dispersal of plant species into forests by wild boar. Basic Appl. Ecol. 7(1): 31-44.

Kalinowski ST, Wagner AP, Taper ML 2006. ML-relate: A computer program for maximum likelihood estimation of relatedness and relationship. Mol. Ecol. Notes. 6: 576-579.

Kim M, Won Y, Lee S. 2008. Use of Genetic techniques to analyze wintering population of geese in Korea with noninvasive feces samples. Korean J. Environ. Biol. 26(3):

- 264-269. [Korean Literature]
- Kim Y, Cho S, Choung Y. 2019. Habitat preference of wild boar (*Sus scrofa*) for feeding in cool-temperate forests. J. Ecology and Environment, 43: 30.
- Kim S, Kwon K, Kim T, Ko H, Jang G. 2014. An analysis on aspects of farm lands damaged by the wild boar (*Sus Scrofa*) in Gyeongnam province, Korea. J. Korean Env. Res. Tech. 17(6): 17-27. [Korean Literature]
- Lee B, Lim J, Park S, Jo D. 2011. Insect fauna of mt. Jang-san, Yeongwol-gun, Gangwon-do, Korea. J. Korean Nat. 4(3): 173-184.
- Lee S, Lee W. 2014a. Diet of The wild boar (*Sus scrofa*) in agricultural land of Geochang, Gyeongnam Province, Korea. J. Korean For. Soc. 103(2): 307-312. [Korean Literature]
- Lee S, Lee W. 2014b. Selection of the rubbing trees by wild boar (*Sus scrofa*) and its ecological role in a mixed forest, Korea. J. Korean For. Soc. 103(3): 510-518. [Korean Literature]
- Ministry of Environment. 2014. A Study on the habitat status of wild boars and the ways to reduce damage in the Wangpicheon Stream Ecological Landscape Conservation Area. Daegu. [Korean Literature]
- Ministry of Environment. 2018. The 2nd (2018-2022) wetland conservation plan for the Hanbando wetlands in Yeongwol. Wonju. [Korean Literature]
- Ministry of Environment and National Institute of Biological Resources. 2012. Final report on vertebrate animals of Korea (2nd stage, 3 Year). Incheon. [Korean Literature]
- Martys MF. 1991. Social organization and behavior in the suidae and tayassuidae. - In: Barret, R.H. & Spitz, F. (Eds.); Biology of Suidae. AGECO, Grenoble, France, pp.65-77.
- Nam GH, Kim JH, Kim YC, Kim JS, Lee BY. 2012. Floristic study of county Pyeongchang and Yeong-wol including limestone regions (Prov. Gangwon-do) from Korea. Korean J. Env. Eco. 26(1): 11-38. [Korean Literature]
- National Institute of Biological Resources. 2015. 2015 Wildlife Survey. Incheon. [Korean Literature]
- Onorato D, White C, Zager P, Waits LP. 2006. Detection of predator presence at elk mortality sites using mtDNA analysis of hair and scat samples. Wildl. Soc. Bull. 34: 815-820.
- Palomares F, Godoy JA, Piriz A, O'Brien SJ, Johnson WE. 2002. Faecal genetic analysis to determine the presence and distribution of elusive carnivores: design and feasibility for Iberian lynx. Mol. Ecol. 11: 2171-2182.
- Poteaux C, Baubet E, Kaminski G, Brandt S, Dobson FS, Baudoin C. 2009. Socio-genetic structure and mating system of a wild boar population. J. Zool. 278: 116-125.
- Sembon S, Suzuki S, Fuchimoto D, Iwamoto M, Kawarasaki T, Onishi A. 2008. Sex identification of pigs using polymerase chain reaction amplification of the amelogenin gene. Zygote. 16: 327-332.
- Waits LP, Paetkau D. 2005. Review of applications and recommendations for accurate data collection. J. Wildl. Manage. 69: 1419-1433. <http://me.go.kr/wonju/web/index.do?menuId=10133> 2020.2.6.