

동위효소 분석에 의한 후박나무 천연집단의 유전변이

한상돈*, 양병훈, 이정주, 송정호, 이재천
국립산림과학원 유전자원부

Allozyme variation in ten natural populations of *Machilus thunbergii* in Korea

S. D. Han*, B. H. Yang, J. J. Lee, J. H. Song, and J. C. Lee

Department of Forest Genetic Resources, Korea Forest Research Institute

(*Correspondence: sang5503@foa.go.kr)

1. 서 언

후박나무(*Machilus thunbergii* S. et Z.)는 우리나라 남부지방에 자생하는 녹나무과(Lauraceae)의 난대 상록활엽수로서 중국·일본에도 분포하나 세계적으로 그 분포가 난대지역에 국한된 수종이다. 내한성(耐寒性)은 약하나, 내조성(耐潮性)이 강하고 해안을 따라 주로 분포하는데, 특히 우리나라와 일본의 도서지역에 독특한 생태군상을 이루고 있는 상록활엽수들로 구성된 해안림을 구성하는 주요 수종이다. 후박나무 껍질인 '후박피'는 위장병의 치료제인 건위제, 치습제, 장기능제 등으로 사용되며, 껍질에 향기가 있어 방향제로도 이용되고 있다(김 등, 2001). 이처럼 경제적 효용가치가 큰 후박나무는 그 이용이 증가되면서 자연림의 훼손이 날로 심각해져 가고 있기 때문에 유전자원보존 차원에서의 대책마련이 시급한 실정이다(신 등, 2002).

본 연구에서는 이용가치가 큰 후박나무의 인간에 의한 훼손이 증가하여 자생지 면적이 급속히 감소되고 있는 후박나무 유전자원의 멸실을 방지하기 위한 유전자원보존에 대한 자료를 제시하고자 우리나라 전국 분포지의 천연집단을 대상으로 생태적 특성을 구명하고, 동위효소 표지자를 분석하여 유전다양성의 평가 및 유전변이의 분포양상을 구명하고자 실시하였다.

2. 재료 및 방법

후박나무의 유전변이를 추정하기 위하여 전라남도, 전라북도, 경상남도 및 제주도에 자생하는 후박나무 10개 천연집단에서 30분 이상의 개체를 선정하고, 선정된 성목으로부터 동아가 달린 소지를 채취하였으며(표 1), 분석된 동위효소명과 전기영동용 완충용액은 표 2와 같다.

효소분석을 통해서 관찰된 표현형을 토대로 각 동위효소 유전자좌 및 유전자형을 결정하고, 각 동위효소 유전자좌에서 관찰된 유전자형에 준해서, 다음과 같은 유전다양성 지표들을 계산하고 [유전자좌당 평균대립유전자수(A/L), 유효대립유전자수(A_e), 다형적유전자좌의 비율(P), 평균이협접합도의 관측치(H_o)와 기대치(H_e)], 분석된 집단의 진화적 안정성을 평가하기 위해서 관찰된 유전자형 빈도와 Hardy-Weinberg 평형빈도와의 일치 여부를 Levene(1949)의 보정에 의한 χ^2 -test에 의해 판정하였다. 그리고 집단 내 근친교배 정도와 집단간 유전적 분화정도를 추정하기 위하여 Wright의 F -통계량(F_{IS} , F_{IT} ,

F_{ST})을 구하였으며(Wright, 1978), 집단간의 유전적 유연관계를 재구성하기 위하여 Nei(1978)의 유전적 거리를 계산하여 UPGMA법(Sneath and Sokal, 1973)으로 유집분석을 실시하였다. 이상의 모든 분석에는 BIOSYS-1(Swofford and Selander, 1989) computer program을 사용하였다.

Table 1. Locality and geographic information for 5 population of *M. thunbergii*.

Location	Latitude	Longitude	Altitude(m)
Jeonnam Sinan	34° 39' N	125° 25' E	38
Jeonnam Jindo	34° 21' N	126° 08' E	86
Jeonnam wando	34° 06' N	126° 36' E	10
Jeju Bukjeju	33° 29' N	126° 46' E	34
Jeonnam Gangjin	34° 26' N	126° 48' E	7
Jeonnam Goheung	34° 26' N	127° 32' E	28
Jeonnam Yeosu	34° 30' N	127° 46' E	30
Gyeongnam Geoje	34° 44' N	128° 39' E	13
Ulsan Ulju	35° 24' N	129° 21' E	13
Gyeongbuk Ulleung	37° 28' N	130° 54' E	7

Table 2. Description of isoenzymes assayed and buffer systems used for electrophoresis.

Enzyme	Abbreviation	E.C.No. ^a	Buffer ^b
Aspartate aminotransferase	AAT	2.6.1.1	B
Esterase	EST	3.1.1.1	A
Leucine aminopeptidase	LAP	3.4.11.1	A
Malate dehydrogenase	MDH	1.1.1.37	E
6 Phosphogluconate dehydrogenase	6PGD	1.1.1.44	B
Phosphoglucose isomerase	PGI	5.3.1.9	A
Shikimate dehydrogenase	SKDH	1.1.1.25	E

^aEnzyme Commission Number: Nomenclature Committee of the International Union of Biochemistry(1984).

^bA= a lithium borate electrode buffer(pH 8.3) used with a Tris citrate gel buffer(pH 8.3), B= a sodium borate electrode buffer(pH 8.0) used with a Tris citrate gel buffer(pH 8.8), E= a morpholine electrode and gel buffer(pH 8.0). For more details, refer to Conkle *et al.*(1982).

3. 결과

후박나무 집단의 유전적 다양성을 추정한 결과 표 3과 같다. 유전자좌당 평균 대립유전자수는 2.1(울릉)~2.6(완도)개로 전체평균 2.4개, 유전자좌당 유효대립유전자수는 1.3(제주, 울주, 울릉)~1.5(완도, 강진)개로 전체평균 1.4개로 나타났다. 95%수준에서의 다형적 유전자좌의 비율은 울주와 울릉 집단이 63.3%로 최소치로 나타났으며, 고흥 집단이 90.9%로 최대치를 보였고 전체평균 72.7%로 나타났다. 평균 이형접합도의 관측치는(H_o)는 울릉 집단이 0.170으로 최소치를 거제 집단이 0.302로 최대치를 보였으며, 후박나무 전체 집단에 대한 평균치는 0.250으로 나타났다. 또한 평균 이형접합도의 기대치(H_e)는 울

릉 집단이 0.215로 최소치를 완도 집단이 0.320으로 최대치를 보였고 전체집단의 평균치는 0.270으로 나타났다. 이상의 결과로 볼 때 울릉 집단과 울주 집단이 타 집단에 비해서 유전변이가 적은 것으로 추정되었으며, 완도 집단과 강진 집단이 비교적 높은 유전다양성을 보유하고 있는 것으로 추정되었다(표 3).

Table 3. The mean number of alleles per polymorphic locus (A/L), mean effective number of alleles per locus (A_e), the percentage of polymorphic loci (P_{95}), and average observed (H_o) vs. average expected (H_e) heterozygosity for *M. thunbergii*.

Population	A/L	A_e	P_{95}	H_o	H_e
Sinan	2.5	1.4	81.8	0.257	0.276
Jindo	2.4	1.4	72.7	0.221	0.280
Wando	2.6	1.5	81.8	0.296	0.320
Bukjeju	2.3	1.3	54.5	0.194	0.228
Gangjin	2.5	1.5	72.7	0.268	0.316
Goheung	2.5	1.4	90.9	0.272	0.292
Yeosu	2.5	1.4	72.7	0.294	0.295
Geoje	2.5	1.4	72.7	0.302	0.263
Ulju	2.3	1.3	63.6	0.228	0.216
Ulleung	2.1	1.3	63.6	0.170	0.215
Mean	2.4	1.4	72.7	0.250	0.270

후박나무 집단의 경우 활엽수종의 평균 유전변이량($A/L=1.68$, $P=45.1\%$, $H_e=0.143$, Hamrick *et al.*, 1992)과 비교할 때 그 유전변이가 높은 것으로 나타났으며, 한편 국내의 수종과 비교해 볼 때 분포범위가 넓은 참나무류(Lee *et al.*, 1995)와 생태적 환경과 분포 범위가 비슷한 동백나무(Chung and Chung, 2000)등에 비해서도 유전변이가 높은 것으로 나타났다. 우리나라에서 후박나무는 분포범위가 남해지역의 해안을 따라 연속적으로 분포하고 종자의 결실 및 발아율이 높아서 차대의 생산이 용이 했을 것으로 추정해볼 수 있고, 또한 인위적인 훼손 전에는 현재보다 넓은 지역에 분포하여 다양한 변이를 현재까지 유지하고 있기 때문에 높은 유전다양성을 보여준 것으로 추정 할 수 있다.

Table 4. Summary of F -statistics for 11-Polymorphic Loci of *M. thunbergii* in Korea.

Locus	F_{IS}	F_{IT}	F_{ST}
AAT-1	0.3329	0.3781	0.0679
AAT-2	-0.0507	0.0079	0.0558
EST	0.0623	-0.0142	0.0453
LAP	0.4094	0.4493	0.0676
MDH-1	-0.1228	-0.1073	0.0138
MDH-2	-0.2430	-0.1876	0.0446
MDH-3	-0.0291	0.0962	0.1218
6PGD-1	-0.2416	-0.1872	0.0438
6PGD-2	0.7709	0.7919	0.0920
PGI	0.4819	0.5003	0.0354
SKDH	0.6810	0.6993	0.0574
Mean	0.0732	0.1136	0.0584

Wright의 F 분석을 결과는 표 4와 같다. 조사된 11개 다형적 유전자좌 가운데 5개는 음(-)의 값을, 6개 유전자좌는 양(+의 값을 보였는데(F_{IS}), 전체 평균값은 0.073로 Hardy-Weinberg 평형 빈도에 비해서 동형접합체의 빈도가 다소 많은 것으로 나타났다. F_{IT} 값 역시 Hardy -Weinberg 평형 빈도에 비해서 동형접합체 빈도가 다소 높은 것으로 나타났다. 한편 전체 유전변이 가운데 약 94%가 집단내 개체간 차이로부터 기인하여 집단간 분화의 정도는 크지 않는 것으로 나타났다($F_{ST}=0.0584$).

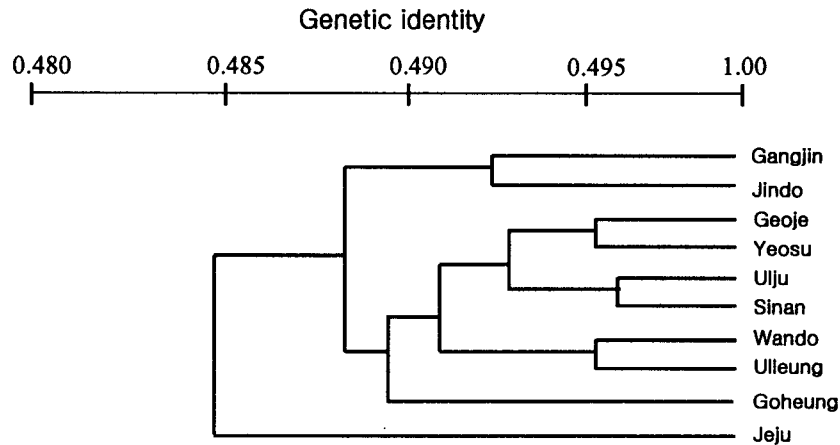


Figure 1. A UPGMA dendrogram of *M. thunbergii* using Nei's unbiased genetic identity.

유전적 거리를 이용하여 UPGMA법에 의한 유집분석을 실시한 결과는 그림 1과 같다. 분석결과 10개 집단 중 지리적으로 가까운 일부 집단이 동일 그룹에 속하는 것으로 나타나기는 하였으나, 지리적으로 멀리 떨어져있는 집단들도 가까운 그룹으로 묶이는 경향을 보여줌으로서 예상과 달리 지리적 경향을 보여주고 있지는 않는 것으로 나타났다(그림 1). 이것은 해안의 후박나무 종자들이 태풍, 조수 등의 영향으로 먼 곳까지 이동 할 수 있었을 것으로 사료된다(Chung *et al*, 2000).

인용문헌

김영수, 장준명, 백선근, 2001: 우리지역에서 자라는 나무(수목도감). 도서출판 고인들. 119p.

신현철, 박남창, 송호경, 최재채, 권영, 이광수, 2002: 후박나무림의 식생구조와 식생과 환경과의 상관관계 분석. 한국임학회지 91(6), 765-774.

Chung, M. G., and M. Y. Chung, 2000: Levels and partitioning of genetic diversity of *Camellia japonica* (Theaceae) in Korea and Japan. *Silvae Genetica* 49(3):119-124.

Lee, S. W., W. W. Kim, B. C. Lee, Y. Y. Kim, and S. C. Kim, 1995: Genetic variation of acorn production stands in *Quercus acutissima* and *Q. variabilis*. *Korean J. Breed.* 27, 345-358.

Swofford, D. L., and R. B. Selander, 1989: *BIOSYS-1: a computer program for the analysis of allelic variation in population genetics and biochemical systematics*, release 1.7. Illinois Natural History Survey, Champaign, Illinois, USA.