

금강소나무 — 유전적으로 별개의 품종으로 인정될 수 있는가? *

— 동위효소분석 결과에 의한 고찰 —

김진수² · 이석우² · 황재우³ · 권기원⁴

***Pinus densiflora* for. *erecta* — Can It Be Treated Genetically as a Distinct Group? ***

— Reconsideration Based on Allozyme Data —

Zin Suh Kim², Seok Woo Lee², Jae Woo Hwang³ and Ki Won Kwon⁴

要 約

별개의 품종으로 인정되고 있는 강원·경북지역의 금강소나무(*Pinus densiflora* for. *erecta*) 8개 집단, 소나무 17개 집단 및 곰솔 13개 집단을 대상으로 공통으로 조사된 16개 동위효소 23개 유전자좌에서의 유전변이를 상호간에 비교 분석하였다.

소나무와 금강소나무 집단에서의 대립유전자 종류와 빈도분포가 매우 유사하고 곰솔에만 출현하는 표식인자가 금강소나무 집단에서 전혀 발견되지 않은 사실로부터 금강소나무가 곰솔의 영향을 받은 이입잡종이라는 근거를 찾을 수 없었다.

계층구조에 의한 Wright의 F 분석 및 Nei의 유전적 거리, 유전자좌별 거리계수 빈도분포를 이용한 여러가지 유전분석(유집분석, 요인분석, 수지구분석)의 결과로 부터 강원·경북지역의 소나무 집단이 다른 지역의 소나무 집단들과 구분될 수 있는 뚜렷한 유전적 차이가 없음을 확인하였다.

ABSTRACT

The genetic variation patterns at 23 loci coding for 16 isozymes in eight natural populations of *Pinus densiflora* for. *erecta* distributed in Kangwon-Kyungbuk region and 17 populations of *Pinus densiflora* and 13 populations of *Pinus thunbergii* were compared.

The absence of marker alleles specific to *P. thunbergii* and almost the same allele-frequency distributions to those of *P. densiflora* did not support the hypothesis that *P. densiflora* for. *erecta* is a introgressive hybrid between *P. densiflora* and *P. thunbergii*.

From the results of the hierarchical analysis of population differentiation using Wright's F statistics(1978), the frequency distributions of single-locus distance coefficients and other genetic analysis(genetic distance, cluster analysis, factor analysis, resin duct analysis), it was concluded that *Pinus densiflora* for. *erecta* cannot be treated genetically as a distinct group from other natural populations of *P. densiflora*.

Key words : isozymes, genetic analysis, *Pinus densiflora*, *Pinus thunbergii*, introgressive hybrid, *Pinus densiflora* for. *erecta*.

¹ 接受 1993年 3月 15日 Received on March 15, 1993.

² 고려대학교 산림자원학과 Dept. of Forest Resources, Korea University, Seoul 136-701, Korea.

³ 영남대학교 임학과 Dept. of Forestry, Yeungnam University, Kyungsan 712-749, Korea.

⁴ 충남대학교 임학과 Dept. of Forestry, Choongnam University, Daejeon 305-764, Korea.

* This study was partly funded by the Korea Science and Engineering Foundation. This paper is dedicated to Prof. K.B. Yim in celebration of his 70th birthday on July 25, 1992.

緒 論

Uyeki(1928)가 金剛松(*Pinus densiflora* for. *erecta*)이라는 별개의 품종으로 명명한 강원도의 태백산맥과 경북지역에 분포하는 소나무는 예전부터 剛松 또는 春陽木 등의 이름으로 불리웠으며, 수간이 곧고 수피가 얇으며 심재비율이 높고 재질이 우수한 여러가지 특성 때문에 임업적인 측면에서 매우 중요시 되어 왔다.

현 등(1967)이 강원도 및 경북 동부지역의 소나무 천연림에서 침엽의 수지구가 곰솔의 경우처럼 中位가 많은 점을 들어 금강소나무가 곰솔의 유전적 영향을 받은 이입잡종(introgressive hybrid)이라고 추정한 이래 이를 뒷받침하는 연구결과와 함께 위의 가설은 지금까지 정설로 인정되어 왔다(안, 1972; 이, 1986). 그러나 수지구지수에 근거한 소나무의 잡종성은 강원, 경북 지역에 국한된 것이 아니라는 연구결과를 통하여(안, 1972; 류 등, 1985; Kim et al., 1993), 단지 수지구지수에만 근거하여 금강소나무를 곰솔의 이입잡종으로 판단하기는 어렵다는 부정적인 견해도 있었다(상세한 고찰은 김과 이 1992 참조).

한편 금강소나무의 유전적 특성이나 구조를 파악하려는 시도는 주로 동위효소를 이용하여 이루어졌는데, 손 등(1989)은 경북의 북부와 남부지방의 소나무가 동위효소의 변이로는 뚜렷한 차이가 없었으나, 수지구지수에 의해 잡종소나무로 인정된 해안가의 다수의 개체에서는 일부 대립유전자가 높게 나타남을 보고하고 이들이 곰솔에서 소나무로 이입된 것으로 추정하였다(손 등, 1990a, 1990b). 최근에 김과 이(1992)는 소나무 25개 천연집단의 동위효소 변이 자료를 토대로 금강소나무의 분포지역인 강원도와 경북의 8개 집단의 유전적 구조가 기타 소나무 집단의 유전적 구조와 크게 다르지 않음을 보고하였다.

이상의 연구에서는 소나무 분포지의 일부지역만이 조사되었으나, 곰솔의 구체적인 자료가 동시에 비교되지 않았기 때문에 금강소나무의 이입잡종 여부나 유전적 차이에 관한 명확한 해석이 부족한 면이 있다. 따라서 본 연구는 1985년부터 1991년 까지 이루어진 소나무와 곰솔의 천연집단

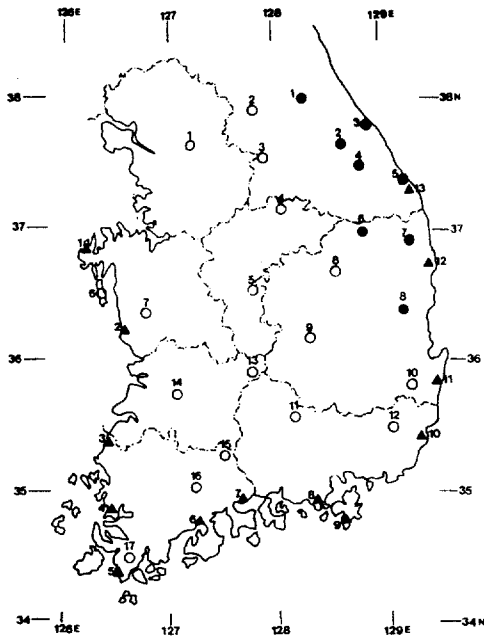
의 유전변이 조사결과를 토대로 금강소나무, 소나무 및 곰솔을 구분하여 수지구지수 및 동위효소 자료의 다양한 유전통계와 다변량 분석을 이용하여 금강소나무가 곰솔의 이입잡종인지의 여부와 유전적으로 타지역의 소나무와 구분될 수 있는 차이가 있는지를 구명하기 위해 수행되었다.

材料 및 方法

조사된 집단은 1985년부터 1991년 까지 이루어진 소나무와 곰솔 천연집단의 유전변이 연구에서 선정된 소나무 25개 집단, 곰솔 13개 집단이며(Fig. 1), 모든 자료의 비교는 소나무의 25개 집단 중 금강소나무 분포지역의 8개 집단과 나머지 17개 집단, 곰솔 13개 집단을 구분하여 이루어졌다. 집단의 상세한 소재지, 선정기준 그리고 시료채취 요령 등은 이미 보고 되었다(Kim and Lee, 1992; Kim et al., 1993). 분석된 기본자료는 위의 연구에서 개체별로 조사된 침엽의 수지구수와 위치 및 공통으로 조사된 16개 동위효소, 23개 유전자좌에서의 유전자형 빈도를 이용하였으며 이와 관련된 내용 역시 상세히 보고된 바 있다(김과 이, 1992; Kim and Lee, 1992; Kim et al., 1993).

각 유전자좌에서의 대립유전자 빈도를 근거로, 각 분류군의 유전적 분화정도를 추정하기 위하여 계층구조에 따른 Wright의 F 통계량(1978) 및 Nei(1978)의 유전적 거리(genetic distance)를 구하였다. 두 비교군간의 유전적 분화정도를 추정하기 위하여 Rogers(1972)의 단일유전자 거리계수(single-locus distance coefficient)의 빈도 분포를 분석하였다. 또한, 세 분류군(소나무, 금강소나무, 곰솔)에서 조사된 38개 집단을 대상으로 집단의 유전적 거리(Rogers, 1972)를 산출하여 UPGMA에 의한 類集分析(Sneath and Sokal, 1973)을 실시한 후 그 결과를 Dendrogram으로 나타냈다. 이상의 모든 계산은 BIOSYS-1 computer program(Swofford and Selander, 1989)에 의하였다.

소나무의 각 유전자좌에서의 주대립유전자 빈도를 기준으로 하여 주성분분석 및 요인분석(Hair et al., 1990)을 실시하여 각 분류군간의



P. densiflora ○

1. Namyangju, Kyungki
2. Choonsung, Kangwon
3. Hongsung, Kangwon
4. Iewon, Choongbuk
5. Poeun, Choongbuk
6. Seosan, Choongnam
7. Puyeon, Choongnam
8. Yecheon, Kyungbuk
9. Kumi, Kyungbuk
10. Kyungju, Kyungbuk
11. Hapcheon, Kyungnam
12. Yangsan, Kyungnam
13. Muju, Jeonbuk
14. Kimje, Jeonbuk
15. Koorye, Jeonnam
16. Seongju, Jeonnam
17. Haenam, Jeonnam

P. densiflora for. erecta ●

1. Inje, Kangwon
2. Pyungchang, Kangwon
3. Kangneung, Kangwon
4. Jeongseon, Kangwon
5. Samchuk, Kangwon
6. Pongwa, Kyungbuk
7. Uljin, Kyungbuk
8. Chungsong, Kyungbuk

P. thunbergii ▲

1. Seosan, Choongnam
2. Seochun, Choongnam
3. Yunggwang, Jeonbuk
4. Muan, Jeonnam
5. Haenam, Jeonnam
6. Bosung, Jeonnam
7. Kwangyang, Jeonnam
8. Keoje, Kyungnam
9. Kosung, Kyungnam
10. Yangsan, Kyungnam
11. Wolseong, Kyungbuk
12. Uljin, Kyungbuk
13. Samchuk, Kangwon

Fig. 1. The sampling sites of *Pinus densiflora*, *P. densiflora for. erecta* and *P. thunbergii*.

분리 양상을 비교하였다. 또한, 총수지구수를 Y축으로, 중위인 수지구수를 X축으로한 각 분류군의 위치를 도표로서 제시하였다. 다변량 분석을 포함한 모든 통계분석은 SAS(Statistical Analysis System) version 6.03을 이용하여 실시하였다.

結果 및 考察

1. 대립유전자의 빈도분석

조사된 23개 동위효소 유전자좌별 대립유전자 빈도가 소나무 17개 집단, 금강소나무 8개 집단, 곰솔 13개 집단의 평균치로 Table 1에 제시되어 있다. 우선 소나무와 금강소나무는 대부분의 유전자좌에서 출현하는 대립유전자의 수와 빈도가 매우 유사함을 알 수 있다. 주대립유전자는 유전자좌 ACO-A의 경우를 제외하고는 모두 일치하고 있다. 유전자좌 ACO-A에서의 주대립유전자는 집단에 따라 ACO-A₂, 또는 ACO-A₃로 차이가 있으나 이들은 매우 유사한 빈도로 출현하기 때문에 실질적인 차이가 없다고 생각된다(김과이, 1992). 소나무에서 관찰된 총 대립유전자의 종류는 66, 금강소나무의 경우는 64였으며 이 중

63개의 대립유전자를 서로 공유하고 있었다(Table 1). 두 군에서 관찰된 대립유전자 가지수에 대하여 공동으로 보유하고 있는 대립유전자의 비율을 유사계수(S_m)로 표현하여 두 종간의 유사성을 비교할 수 있다. 소나무와 금강소나무의 유사계수를 계산하면 소나무와 금강소나무에서 관찰된 67개 대립유전자 가운데 63개를 서로 공유하고 있으므로 $S_m = 0.94$ 였다. 유독 GOT와 관련된 유전자좌에서 소나무와 금강소나무의 어느 한쪽에만 출현하는 대립유전자가 있었는데, GOT-A₁, GOT-B₄와 GOT-C₄는 소나무에서만, GOT-C₂는 금강소나무에서만 관찰되었다(Table 1). 그러나 이들 대립유전자는 대부분 1-2집단에만 아주 낮은 빈도로 출현하기 때문에 단정할 수는 없지만 유전적 차이를 논할 정도로 중요치는 않다고 생각된다. 이들은 임목의 대사작용이나 기타의 적응과정에서 열악한 인자로 작용하여 매우 낮은 빈도로 유지되어 왔거나 최근의 돌연변이의 산물일 수도 있으며, 표본크기에 따른 오차때문에 일부집단에서만 관찰되었을 가능성도 배제할 수 없다. 전체적으로 대립유전자의 종류나 빈도의 관점에서 소나무와 금강소나무는 유전적인 유사성이 매우 높다고 결론지을 수 있다.

Table 1. Mean allele frequencies at 23 loci of *Pinus densiflora*, *P. densiflora* for. *erecta* and *P. thunbergii*

Locus	ACO-A				ACP-A							
	1	2	3	4	1	2	3	4	n			
D	.158	.410	.392	.040	.155	.499	.314	.032	.000			
E	.135	.360	.453	.052	.127	.571	.288	.014	.000			
T	.024	.438	.538	.000	.012	.921	.008	.042	.017			
Locus	CAT-A						FE-A					
	1	2	3	4	5	6	1					
D	.011	.532	.354	.103	.000	.000	1.000					
E	.003	.449	.458	.090	.000	.000	1.000					
T	.000	.000	.044	.864	.059	.034	1.000					
Locus	FE-B				FUM-A		GDH-A					
	1	2	3	4	1	2	1	2	n			
D	.154	.475	.249	.122	.044	.956	.974	.026	.000			
E	.092	.568	.236	.103	.022	.978	.978	.022	.000			
T	.002	.108	.889	.001	.034	.966	.976	.023	.001			
Locus	GLD-A			GOT-A			GOT-B					
	1	2	3	1	2	3	1	2	3	4		
D	.029	.647	.325	.004	.996	.000	.146	.070	.783	.001		
E	.022	.730	.249	.000	1.000	.000	.081	.038	.881	.000		
T	.000	.015	.985	.001	.997	.002	.005	.013	.983	.000		
Locus	GOT-C				IDH-A		LAP-A					
	1	2	3	4	1	2	1	2	3	4	n	
D	.035	.000	.963	.001	.843	.157	.776	.209	.004	.000	.010	
E	.027	.022	.951	.000	.859	.141	.768	.197	.024	.000	.011	
T	.000	.000	.983	.017	1.000	.000	.895	.029	.000	.006	.069	
Locus	LAP-B				MDH-A			MPI-A		MPI-B		
	1	2	3	4	1	2	3	1	2	1	2	3
D	.017	.893	.090	.024	.932	.044	.933	.067	.069	.929	.001	.001
E	.003	.902	.095	.019	.951	.030	.940	.060	.054	.941	.005	.005
T	.751	.233	.016	.002	.973	.025	1.000	.000	.111	.357	.532	.532
Locus	PGI-A			PGI-B					PGM-A			
	1	2	3	1	2	3	4	5	1	2	3	
D	1.000		.000	.030	.881	.022	.067	.067	.094	.781	.124	
E	1.000		.000	.014	.913	.014	.060	.060	.095	.782	.123	
T	1.000		.088	.851	.040	.000	.022	.022	.368	.514	.118	
Locus	SDH-A			UGPP-A			UGPP-B					
	1	2	3	1	2	3	1	2	3			
D	.045	.832	.122	.947	.000	.053	.230	.661	.109			
E	.047	.744	.208	.943	.000	.057	.198	.695	.108			
T	.002	.968	.030	.824	.176	.000	.122	.754	.123			

n : null allele D : *Pinus densiflora* E : *P. densiflora* for. *erecta* T : *P. thunbergii*

소나무와 곰솔을 비교하면 많은 유전자좌에서 대립유전자의 수와 빈도에서 차이가 있으며 주대립유전자의 종류가 다른 경우도 있음을 알 수 있다(Table 1). 곰솔에서 관찰된 대립유전자의 종류는 63개고 두 수종에서 관찰된 74종류의 대립유전자 중 55개를 소나무와 공유하여 유사계수

(S_m)는 0.74였다. 소나무에만 출현하는 11개의 대립유전자 가운데 0.05이상의 빈도를 보이는 것도 CAT-A₂, IDH-A₂, MPI-A₂, UGPP-A₃의 네가지였으며 곰솔에만 출현하는 8개의 대립유전자 중에도 CAT-A₅, PGI-B₁, UGPP-A₂의 세가지가 0.05이상의 높은 빈도를 보였다(Table

1). 이러한 표식인자의 존재는 소나무와 곰솔의 유전적 공통점이 상당히 크다 하더라도 상호간에 다른 종으로서의 고유성이 유지되고 있음과 아울러 종간의 유전자이입 여부와 그 정도를 추정하는데 유용하게 이용될 수 있음을 보여주는 것이다.

곰솔과 금강소나무가 공동으로 보유하고 있는 대립유전자의 수는 53이며 (Table 1) 상호간의 유사계수는 0.72로 오히려 곰솔과 소나무의 경우보다 작은 값이었다. 금강소나무와 곰솔의 비교에서 가장 중요한 결과는 역시 금강소나무가 곰솔의 유전적 영향을 받은 유전자이입의 흔적이 발견되지 않는다는 사실이다. Table 1에서 보는 것처럼 조사된 23개 유전자좌의 어디에서도 금강소나무의 대립유전자 빈도가 곰솔과 유사한 경우를 찾아볼 수 없다. 또한 소나무와 곰솔은 적어도 6개 유전자좌에서 0.5이상의 빈도로 출현하는 주대립유전자의 종류가 다르다 (Table 1). 그러나 이 중 어느 유전자좌에서도 금강소나무의 주대립유전자 빈도가 소나무와 곰솔의 중간값을 보이지 않았으며 예외없이 소나무와 같은 경향을 보였다. 더욱이 곰솔 집단에서만 출현하는 8개의 표식인자는 금강소나무 집단에서는 전혀 관찰되지 않았다.

2. 계층구조에 의한 분류군간 유전적 분화의 정도

계층구조에 의한 Wright의 F 분석 (1978)의 결

과가 Table 2에 나타나 있다. F 통계량은 전체 유전변이량에 대한 집단간 또는 비교군간 유전적 차이의 상대적 크기를 나타낸다. 소나무와 금강소나무를 구분하지 않고 25개 집단을 함께 고려할 때에 집단간 유전적 차이 (Locality-Total)의 분산성분 (variance component)과 F_{XY} 는 각각 0.109와 0.018로 나타났다. F_{XY} 의 값 0.018은 총 유전분산 가운데 약 2%가 집단간 차이에 기인함을 의미한다. 전체적인 집단간의 유전적 차이는 다시 각 비교군내 집단간 차이에 의한 값 (Locality-Groups)과 두 비교군간의 차이에 의한 값 (Groups-Total)의 합으로 나타낼 수 있다. 비교군 간, 즉 소나무와 금강소나무간의 유전적 차이에 대한 분산성분과 F_{XY} 는 각각 0.0074와 0.00074로 거의 무시해도 좋은 정도의 수치로서, 집단간 유전적 차이의 거의 전부가 (0.018) 비교군내의 집단간 차이에 의한 것을 보여주고 있다.

반면에 소나무와 곰솔, 곰솔과 금강소나무의 경우에는 공히 집단간 유전적 차이의 대부분이 양 분류군간 차이 (Groups-Total)에 기인함을 보여주고 있다 (Table 2). 즉 전체변이량 (분산성분) 1.589 (소나무와 곰솔)와 1.615 (곰솔과 금강소나무) 가운데 비교군간의 분산성분이 1.487과 1.493으로 거의 대부분을 차지하고 있었다. F_{XY} 값 역시 0.233과 0.257의 높은 값을 보였으나 이의 대부분이 (0.218, 0.238) 비교군간의 차이에 기인하며 비교군내 집단간 차이는 상대적으로 미

Table 2. Hierarchical variance components and F-statistics combined loci among three groups

Comparison		Variance Component	F_{XY}
X	Y		
Between <i>P. densiflora</i> and <i>P. densiflora</i> for. <i>erecta</i>			
Locality - Total		.10868	.018
Locality - Groups		.10794	.018
Groups - Total		.00074	.000
Between <i>P. thunbergii</i> and <i>P. densiflora</i>			
Locality - Total		1.58853	.233
Locality - Groups		.10128	.019
Groups - Total		1.48725	.218
Between <i>P. thunbergii</i> and <i>P. densiflora</i> for. <i>erecta</i>			
Locality - Total		1.61462	.257
Locality - Groups		.12154	.025
Groups - Total		1.49307	.238

Table 3. Nei's(1978) genetic distance within and among three groups by hierarchial design (Ranges in parentheses)

Groups	No. of pops	1	2	3
1 <i>P. densiflora</i>	17	.005 (.000 - .031)		
2 <i>P. densiflora</i> for. <i>erecta</i>	8	.007 (.000 - .030)	.007 (.000 - .025)	
3 <i>P. thunbergii</i>	13	.191 (.130 - .241)	.200 (.126 - .265)	.006 (.000 - .019)

세(0.019, 0.025)함을 알 수 있었다. 결국 소나무와 금강소나무의 유전적 차이는 매우 미세하며 소나무와 곰솔, 곰솔과 금강소나무의 유전적 차이는 뚜렷함을 알 수 있으나 금강소나무가 소나무에 비해 유전적으로 곰솔에 더 가깝다는 흔적도 찾을 수 없었다. 이는 앞서의 대립유전자 빈도의 분석과도 일치한다.

각 분류군간 유전적 거리(Nei, 1978)가 Table 3에 나타나 있다. 소나무와 금강소나무와의 유전적 거리는 0.007이었으며, 곰솔과는 0.191로 나타났다. 한편 소나무의 집단간 평균 유전적 거리는 0.005였다. 금강소나무의 경우 곰솔과의 유전적 거리는 0.200으로 나타났고, 집단간 평균 유전적 거리는 0.007로 역시 소나무의 경우와 매우 비슷하였다. 결국 금강소나무는 다른 분류군과의 유전적 거리나 집단간의 유전적 거리의 값이 소나무의 경우와 같은 것으로 나타나 동위효소 분석에 의한 유전적인 차이는 거의 없는 것으로 나타났다. 또한 소나무와 곰솔의 유전적 거리가 0.191인데 반해 금강소나무와 곰솔의 유전적 거리의 값이 0.200으로 미세하나마 더욱 큰 값을 보여 금강소나무가 소나무에 비해 곰솔과 유전적으로 더 유사하다고 할 수 없음을 앞에서의 결과와 일치한다.

3. 유전자좌별 거리계수에 의한 유전분화

단일 유전자좌별 거리계수(single-locus distance coefficient)의 빈도분포가 Fig. 2-4에 제시되어 있다. 소나무와 금강소나무간 비교는 J자 곡선 형태를 보여(Fig. 2) 대부분의(85%) 유전자좌에서의 유전거리가 0.15미만이며 0.4이상을 보인 유전자좌는 없는 것으로 나타났다.

한편 소나무와 곰솔(Fig. 3), 금강소나무와 곰솔(Fig. 4)의 비교는 상호간에 유사한 곡선을 형성하였으나 Fig. 2와는 상당히 다른 형태를 보이

고 있다. 이들은 공통적으로 유전자 거리 0-0.95(1.0)까지의 모든 범위를 포함하는 유전자좌가 있으며 완전하지는 않으나 유전자 거리 0.6-0.8 사이에서 또 다른 peak를 형성하는 경향을 보였다.

J형 곡선은 동일종이나 아종에 속하는 집단들에서 나타나는 전형적인 단일 유전자좌 거리계수의 분포이다(Ayala et al., 1974; Ayala, 1975; Avise and Smith, 1977). 즉 대부분의 유전자좌에서의 유전적 거리는 0의 값을 보이며 종내의 유전변이가 줄어들수록 빠른 속도로 하강하는 분포곡선을 그린다. 한편 유전적으로 분화되어 다른 종으로 분리되는 경우 서로 상이한 대립유전자들이 축적되어서 두 종간에 유전적 거리가 큰 유전자좌가 증가하게 되면 분포곡선의 꼬리가 길어지게 되고 유전적 분화가 심화될수록(생식적으로 격리될수록) 명확한 U자형의 곡선을 보이게 된다(Ayala et al., 1974; Ayala, 1975; Avise and Smith, 1977). 결과적으로 금강소나무는 소나무로부터 유전적으로 분화되고 있는 별개의 지역품종으로 보기는 어려운 것으로 사려된다(Fig. 2).

곰솔과 소나무, 곰솔과 금강소나무 사이에는 앞서의 경우와는 다른 진화적 과정이 진행됨을 추정할 수 있으나 확연한 U자형 곡선을 나타내지 않음으로서 유전적 분화의 정도가 아직은 미약함을 알 수 있다. 이는 아직도 소나무와 곰솔간에 자연잡종이 이루어지고 있는 현상으로부터도 추정할 수 있다. 최근 Shurkhal 등(1992)은 소나무속에 속하는 17개 수종에 대하여 동위효소 분석을 실시하여 그들의 근연관계를 밝힌 바 있는데, 소나무와 곰솔이 유전적으로 가장 가까운 근연종이라고 보고하여 위의 결과를 강하게 뒷받침하고 있다.

Forma라는 분류단위는 최근의 식물분류학에서

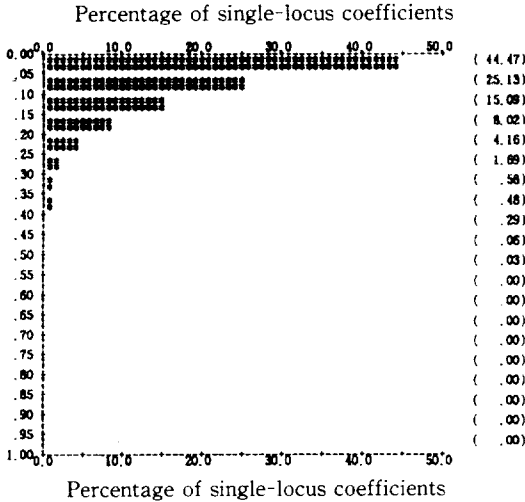


Fig. 2. Frequency distribution of loci relative to genetic distance for comparisons between *Pinus densiflora* and *P. densiflora* for. *erecta*.

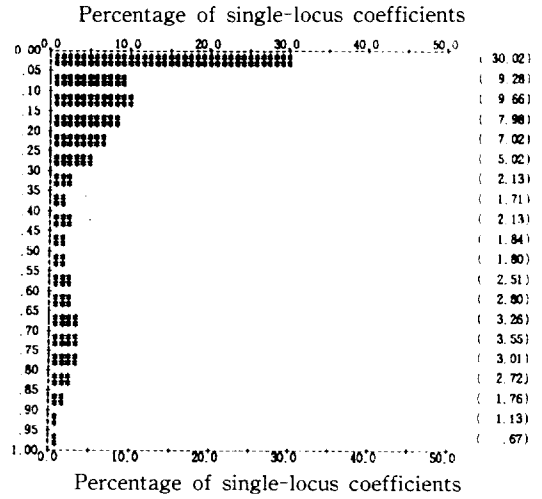


Fig. 4. Frequency distribution of loci relative to genetic distance for comparisons between *Pinus densiflora* for. *erecta* and *P. thunbergii*.

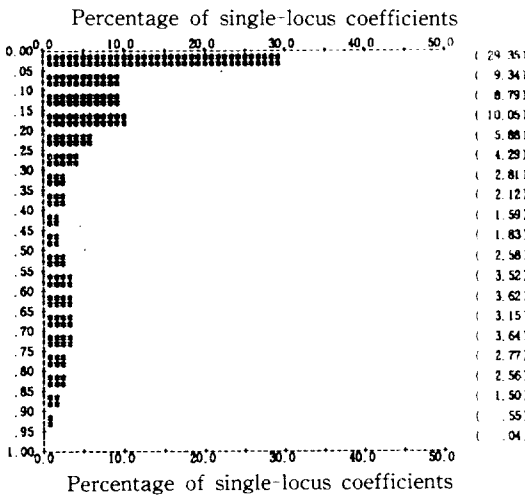


Fig. 3. Frequency distribution of loci relative to genetic distance for comparisons between *Pinus densiflora* and *P. thunbergii*.

는 잘 사용하지 않고 있으며, 일반적으로 식물분류 단계에서 가장 낮은 등급의 단위에 속한다 (Lincoln et al., 1982; Jones and Luchsinger, 1986). Forma에 대한 분류학적인 정의 역시 분분한데, 일반적으로 산발적(sporadic)인 형태적 특성을 보이는 종내의 변이체를 의미한다(Jones and Luchsinger, 1986; 山田常雄 外, 1983). 山田常雄 등(1983)은 인위적으로 분류된 재배집단

에서는 일반적으로 사용하지 않으며, 자연적으로 발견되는 것에만 적용된다고 하였다. 이처럼 Forma라는 범주는 분류학상 공통적인 견해가 없으며 대상이 되는 특성이 임의적이고 미세하기 때문에 분류적인 가치가 크지 않다고 하겠다 (Jones and Luchsinger, 1986).

당초 Uyeki(1928)는 금강소나무의 특성을 지리적인 변이로 간주하고 지역품종(local form)의 一種으로 보고하였으나, 지리적인 특성에 대한 유전적 근거가 제시된 바 없다. 금강소나무가 하나의 지역품종(local form)으로 분류되려면 미약하나마 유전적인 분화가 이루어져 다른 소나무 집단들에서는 볼 수 없는 독특한 대립유전자의 축적이나, 빈도의 변화가 확인되어야 할 것이나 앞서의 분석들을 통해서 그러한 흔적을 찾을 수 없었다(김과 이, 1992).

4. 유집분석

집단간의 유전적 거리를 이용하여 UPGMA법에 의해 유집분석한 결과는 Fig. 5와 같다. 소나무, 금강소나무 집단들이 섞여서 하나의 집락을 이루었으며, 곰솔집단들이 또 다른 하나의 집락을 이루었다. 금강소나무의 외형적 특성이 유전적인 적응과정을 통해서 축적된 진화의 결과라면 금강소나무의 8개 집단이 유전적으로도 별개의 군으로 대별되거나 소나무의 17개 집단들과 분리

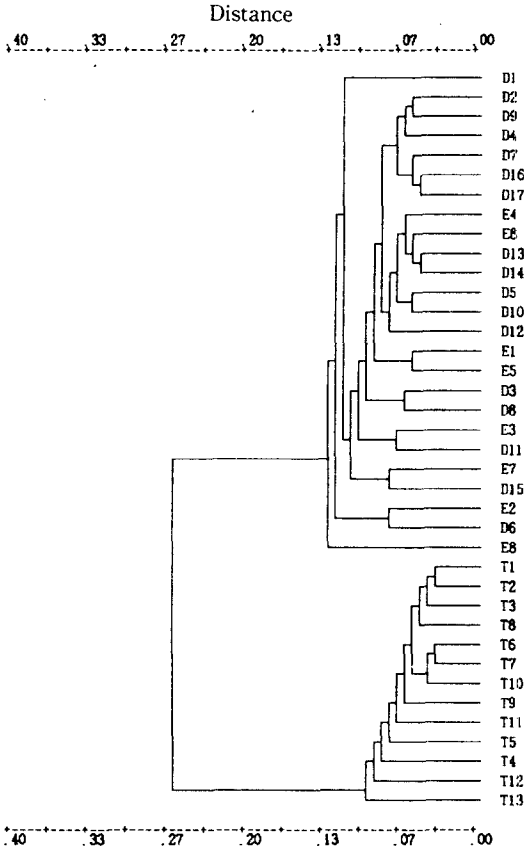


Fig. 5. UPGMA-derived dendrogram of 38 populations in *P. densiflora*, *P. densiflora* for. *erecta* and *P. thunbergii* based on Rogers(1972) genetic distance. The populations are numbered according to Fig. 1. D: *P. densiflora*, E: *P. densiflora* for. *erecta*, T: *P. thunbergii*. Cophenetic correlation=0.992.

되는 경향이 나타나야 할 것이나 그런 경향은 전혀 찾아볼 수 없었다. 또한 금강소나무가 곰솔의 유전적인 영향을 받은 이입교잡종이라면 금강소나무 집단들이 다른 소나무 집단들과 곰솔 집단들 사이에 위치하는 경향이 발견되어야 하나, 이러한 현상 역시 전혀 관찰되지 않음으로서 앞서의 결과들을 재확인 시켜주고 있다(김과 이, 1992).

5. 요인분석

조사된 23개 유전자좌 가운데 세 분류군 모두에서 변이가 발견된 21개 유전자좌에서 소나무

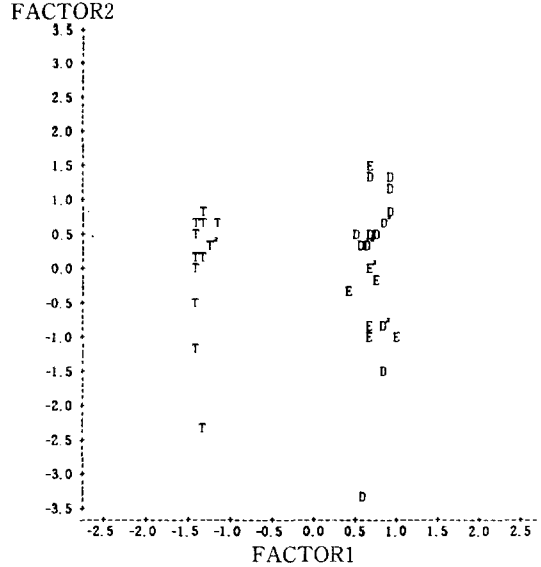


Fig. 6. Plot of the first and second factors based on the correlation matrix of allele frequencies for 38 populations of *Pinus densiflora*, *P. densiflora* for. *erecta* and *P. thunbergii*. D: *Pinus densiflora*, E: *P. densiflora* for. *erecta*, T: *P. thunbergii*. Superscripts indicate the number of populations plotted at the same position.

의 주대립유전자를 기준으로 하여 38(소나무 17개 집단, 금강소나무 8개 집단, 곰솔 13개 집단) × 21(유전자좌수) 차원의 대립유전자빈도 행렬을 만든후 주성분분석 및 요인분석을 실시하였다.

분석결과 처음 추출된 5개의 인자로서 전체변이의 80.4%가 설명되었다. 이 가운데 제 1 인자는 고유치가 11.00이고 52.3%의 설명력을 나타냈으며, 제 2 인자는 고유치 1.77, 8.5%의 설명력을 나타냈다. 전체변이의 60.8%의 설명력을 가지는 제 1 인자와 제 2 인자를 두 축으로 하여 각 분류군에 속하는 집단을 배열한 결과는 Fig. 6과 같다.

제 1 요인에 대하여 소나무와 금강소나무가 0.0 - 1.0 사이의 값에서 하나의 group을 형성하였으며, 곰솔집단들은 -1.5 - -1.0 사이에서 다른 하나의 group을 형성하였는데, 소나무와 금강소나무는 서로 분리되지 않고 섞여서 나타났다. 이는 유전적 거리를 이용한 유집분석의 결과와도 일치하는 것으로, 다시 한번 금강소나무가 곰솔로부

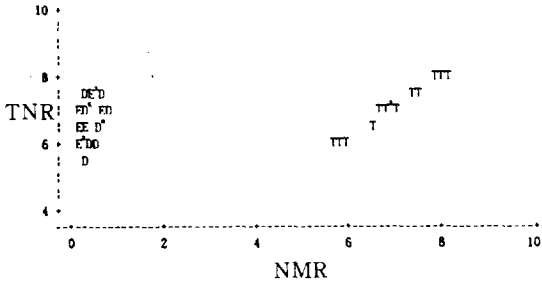


Fig. 7. Plot of total number of resin ducts and number of medial resin ducts for 38 populations of *Pinus densiflora*, *P. densiflora* for. *erecta* and *P. thunbergii*. TNR: total number of resin ducts NMR: number of medial resin ducts D: *Pinus densiflora*, E: *P. densiflora* for. *erecta*, T: *P. thunbergii*. Superscripts indicate the number of populations plotted at the same position.

터 영향을 받은 이입교잡종도, 다른 소나무 집단들과 유전적으로 분화가 이루어진 별개의 품종으로 보기도 어려움을 보여주고 있다.

6. 수지구분석

수지구의 위치 및 숫자를 기초로 하여 세 분류군을 배열한 결과가 Fig. 7에 제시되어 있다. 총 수지구수에 대해서는(Y축) 소나무, 금강소나무, 곰솔집단들이 뚜렷하게 분리되지 않으나, 중위 수지구수(X축)에 대해서는 소나무와 금강소나무가 한 집락을 곰솔집단이 또 하나의 집락을 형성하였다. 금강소나무는 역시 다른 소나무 집단과 섞여서 위치하여 별개의 군을 형성하지 않았다. 즉, 금강소나무는 수지구수나 중위수지구수에 있어서도 곰솔의 영향을 더 강하게 받은 흔적을 전혀 찾을 수 없었다. 결국 현 등(1967)이 금강소나무 집단에서 중위인 수지구가 많이 출현하기 때문에 곰솔로부터 영향을 받은 이입잡종이라는 가설은 설명력이 부족하다고 하겠다(류 등, 1985; Kim et al., 1993).

結 論

소나무와 곰솔에서 공통으로 조사된 23개 등위효소 유전자좌에서의 대립유전자 빈도를 이용한 다각적인 유전분석과 수지구분석의 결과는 금강소나무에서 소나무와 구분이 될만한 뚜렷한 유전

적 차이가 발견되지 않음은 물론 곰솔의 유전적 영향을 받은 흔적도 없음을 보여주었다. 많은 유전자좌에서의 수종별로 독특한 대립유전자와 주대립유전자의 빈도분포와 수종간 유전자좌별 거리계수 빈도 분포 등은 이를 강하게 뒷받침하고 있다. 그러나 금강소나무의 특성과 이용가치를 더욱 명확히 구명하기 위해서는 등위효소 이외의 보다 직접적인 유전적 특성의 조사와 산지시험 등이 수행되어야 할 것이다(김과 이, 1992).

한편 소나무와 곰솔간의 잡종소나무의 출현빈도, 유전적 특성, 이용가치 등과 관련하여 해안가에서 흔히 발견되는 hybrid swarm이나 개체군을 대상으로 면밀한 집단유전학적 연구가 수행될 필요가 있다. 두 수종의 분포가 중복되는 해안가에서는 상이한 정도로 서로 영향을 주고 받은 잡종소나무가 발견될 수 있기 때문에(김과 이, 1992), 표식인자를 이용하여 지역이나 개체별 잡종정도, 잡종소나무의 유전적 특성과 시간에 따른 잡종소나무 빈도의 변화추이 등이 구명되어야 할 것이다.

引用 文 獻

1. 안건용. 1972. 일대잡종종의 교배친화력과 특성에 관한 연구. 한국임학회지. 16: 1-32.
2. Avise, J.C. and M.H. Smith. 1977. Gene frequency comparisons between sunfish(*Centrarchidae*) populations at various stages of evolutionary divergence. Syst. Zool. 26: 319-335.
3. Ayala, F.J., M.L. Tracey, D. Hedgecock, and R.C. Richmond. 1974. Genetic differentiation during the speciation process in *Drosophila*. Evolution. 28: 576-592.
4. Ayala, F.J. 1975. Genetic differentiation during the speciation process. Evol. Biol. 8: 1-78.
5. Hair, J.F., R.E. Anderson and R.L. Tatham. 1990. Multivariate Data Analysis(2nd.). Macmillan Publ. New York. 449p.
6. 현신규·구군회·안건용. 1967. 동부산 적송에 있어서의 이입교잡 현상. 임목육종연구소 연구보고. 5: 43-52.
7. Jones, S.B. Jr. and A.E. Luchsinger. 1986.

- Plant Systematics. 2nd ed. Mcgraw-Hill Book Company, New York. 512p.
8. 김진수 · 이석우. 1992. 강원 · 경북지역 소나무 천연집단의 유전적 구조. 한국육종학회지. 24 : 48 - 60.
 9. Kim, Z.S. and S.W. Lee. 1992. Genic diversity of three native *Pinus* Species in Korea. Joint Meeting of IUFRO Working Parties on Biochemical Genetics, Population and Ecological Genetics. Intern. Symposium on Population Genetics and Gene Conservation of Forest Trees. Carcans Maubisson, France, 24-28 August, 1992.
 10. Kim, Z.S., J.H. Lim, and S.W. Lee. 1993. Geographic variations in needles and seeds of *Pinus densiflora* (in preparation).
 11. Lincoln, R.J., G.A. Boxshall and P.F. Clark. 1982. A Dictionary of Ecology, Evolution, and Systematics. Cambridge Univ. Press. Cambridge. 298p.
 12. 이창복. 1986. 신고 수목학. 향문사. 331p.
 13. Nei, M. 1978. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. Genetics. 89 : 583 - 590.
 14. Rogers, J.S. 1972. Measure of genetic similarity and genetic distance. Univ. Texas Stud. Genet. 7 : 145 - 153.
 15. 류장발 · 홍성호 · 정현관. 1985. 침엽의 수지구 위치에 의한 우리나라 소나무의 이입교잡 현상 연구. 한국임학회지. 69 : 19 - 27.
 16. Shurkhal, A., A. Podogas and L. Zhivotovs-ky. 1992. Allozyme differentiation in the genus *Pinus*. Silvae Genetica. 41 : 105 - 109.
 17. 손두식 · 홍성천 · 여진기. 1989. 경북지방 소나무 및 곰솔집단의 동위효소에 의한 유전변이. 한국임학회지. 78(4) : 345 - 359.
 18. 손두식 · 권철용 · 박상준. 1990a. 곰솔과 소나무의 자연잡종으로 추정되는 잡종소나무의 특성. 한국임학회지. 79(2) : 127-137.
 19. 손두식 · 박상준 · 황재우. 1990b. 소나무 및 곰솔의 수지구지수에 따른 침엽, 구과 및 종자의 형태적 특성과 동위효소의 변이. 한국임학회지. 79(4) : 424 - 430.
 20. Sneath, P.H.A. and R.R. Sokal. 1973. Numerical Taxonomy. Freeman, San Francisco. 573p.
 21. 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.
 22. Uyeki, H. 1928. On the physiognomy of *Pinus densiflora* growing in Korea and silvicultural treatment for its improvement. Bull. Agr. and Forestry Coll. Suwon. Korea. No.3. 263pp. (in Japanese).
 23. Wright, S. 1978. Variability within and among natural populations. in Evolution and the Genetics of Populations. vol. 4. University of Chicago Press. Chicago.
 24. 山田常雄 外 6人. 1983. 岩波 生物學 辭典 第 3 版. 岩波書店. 東京. 1404p.