

稀貴樹種 모감주나무 自生集團의 잎의 形態의 特性,  
植生特性 및 遺傳變異<sup>1</sup>

李錫雨<sup>2</sup> · 金善昌<sup>2</sup> · 金元雨<sup>2</sup> · 韓相敦<sup>2</sup> · 任慶彬<sup>2</sup>

Characteristics of Leaf Morphology, Vegetation and  
Genetic Variation in the Endemic Populations of a Rare Tree  
Species, *Koelreuteria paniculata* Laxm.<sup>1</sup>

Seok Woo Lee<sup>2</sup>, Sun Chang Kim<sup>2</sup>, Won Woo Kim<sup>2</sup>, Sang Don Han<sup>2</sup> and Kyong Bin Yim<sup>2</sup>

요 약

희귀수종인 모감주나무(*Koelreuteria paniculata* Laxm.) 6개 자생 집단에 대해서 잎의 형태적 특성 및 식생개황을 조사하였으며, 동위효소 분석에 의한 유전변이를 조사하였다. Nested design에 의한 분산분석 결과 8가지 잎의 형태적 특성 모두에서 집단간 및 집단내 개체간에 고도의 통계적 유의성이 인정되었으며, 대부분 형질의 경우 총 분산 가운데 집단간 차지하는 비율이 집단내 개체가 차지하는 비율보다 큰 것으로 나타났다. 식생분석 결과 각 집단별로 출현한 수종 수는 많지 않았으며, 대부분 집단이 인위적 교란을 받고 있는 것으로 나타났다. 다른 수종, 특히 지리적으로 광범위하게 분포하는 수종들과 비교할 때 유전변이는 매우 적고( $A/L=1.1$ ,  $P=9.5\%$ ,  $H_o=0.021$ ,  $H_e=0.035$ ) 집단간 분화( $F_{ST}=0.114$ )는 다소 큰 것으로 나타났는데, 유전적 부동 및 근친교배의 영향을 받고 있는 것으로 추정되었다. 마지막으로 모감주나무 집단의 유전적 다양성을 보전하기 위한 방법에 대해서 논의하였다.

ABSTRACT

Characteristics of leaf morphology and vegetation were examined in 6 populations of rare endemic tree species, *Koelreuteria paniculata* Laxm. Additionally we studied genetic variation employing isozyme marker. Nested anova showed that there were statistically significant differences among populations as well as among individuals within populations in all 8 leaf morphological traits. In 7 of 8 traits, variance components among populations were larger than those among individuals within populations. Only a few tree species were found within each population and all the populations seemed to have been disturbed by man. Level of genetic diversity for this rare endemic species was very low, especially compared with those of geographically widespread tree species( $A/L=1.1$ ,  $P=9.5\%$ ,  $H_o=0.021$ ,  $H_e=0.035$ ) and degree of genetic differentiation was high( $F_{ST}=0.114$ ). Factors contributing to the low level of genetic diversity and high level of genetic differentiation might include genetic drift, inbreeding and limited gene flow. Finally, implications for the conservation of genetic diversity of *Koelreuteria paniculata* were discussed.

Key words : *Koelreuteria paniculata*, rare tree species, leaf morphological traits, vegetation, genetic variation

<sup>1</sup> 接受 1997年 2月 4日 Received on February 4, 1997.

<sup>2</sup> 산림청 임목육종연구소 Forest Genetics Research Institute, Suwon 441-350, Korea.

## 서 론

모감주나무(*Koelreuteria paniculata* Laxm.)는 무환자나무와 함께 우리나라에 자생하고 있는 무환자나무 科(Sapindaceae)의 수종인데, 낙엽 소교목으로 6-7월 사이에 황색꽃이 만발하여 정원수로 이용되는 한편 그 열매는 염주로 쓰이고 있다. 모감주나무는 주로 해안가에 소규모 고립 집단으로 자생하고 있는 회귀 수종으로 지금까지 6개 집단(안면도, 완도, 남해, 거제, 포항, 대구)이 알려져 있는데, 각 집단별 분포 개체수는 100개체 미만인 것으로 보고되고 있다(Yim 등, 1994). 한편 모감주나무의 기원에 대해서는 정확히 알려진 바가 없으며, 중국이나 대만으로부터 해류를 타고 이입되었다는 설이 있다(Yim 등, 1994).

목본식물에 대한 유전변이 연구는 초본이나 작물에 비해서 매우 적은데(Hamrick과 Godt, 1989), 주로 침엽수를 대상으로 이루어져 왔으며, 활엽수에 대한 연구는 최근 들어 참나무류나 너도밤나무 등을 중심으로 이루어지고 있다(Hamrick 등, 1992). 일반적으로 식물의 유전변이는 동위효소 수준에서 지리적으로 광범위하게 분포하며, 수명이 길고, 풍매에 의해 교배가 이루어지면서 타가수정하는 식물이 그렇지 않은 식물에 비해서 유전변이가 다양하고 집단간 분화는 적은 것으로 알려져 있다(Brown, 1979; Hamrick 등, 1979; Loveless와 Hamrick, 1984). 모감주나무와 같이 소규모로 격리되어 분포하고 있는 회귀종 또는 멸종위기종의 경우 광범위하게 연속적으로 분포하는 종에 비해 그 유전변이가 매우 적은 것으로 보고되고 있으며(Ledig과 Conkle, 1983; Waller 등, 1987; Lesica 등, 1988; Wheeler 등, 1995), 이러한 종의 유전적 다양성을 보존하기 위한 시급한 조치가 필요한 것으로 인식되고 있는데(Falk

와 Holsinger, 1991), 이들에 관한 유전변이 연구는 매우 미약한 실정이다.

모감주나무에 대한 유전변이 연구는 최근 RAPD 표지자를 이용하여 이루어진 바 있는데(Yim 등, 1994), 안면도, 완도, 포항의 세 집단만을 대상으로 하여 유전적 거리에 의한 유집분석만을 실시하였을 뿐, 집단의 유전변이량 및 유전분화의 정도는 추정하지 않아 모감주나무의 집단유전학적 연구는 거의 전무한 실정이다. 본 연구에서는 모감주나무의 자생집단으로 알려진 6개 집단을 대상으로 식생의 개황 조사 및 성장특성, 엽의 형태적 특성 및 동위효소 분석에 의한 유전변이를 조사하므로써 모감주나무가 자생하는 집단의 식생 개황, 생육 및 유전적 특성을 밝혀내고자 한다. 본 연구는 임목의 집단유전학적 연구, 특히 회귀수종에 대한 집단유전학적 연구는 물론 모감주나무의 유전자원 보전을 위한 전략수립시 매우 유용한 기초자료로 제공될 수 있을 것으로 기대된다.

## 재료 및 방법

모감주나무가 자생하고 있는 지역으로 알려진 6개 집단(Table 1)에 대해서 1996년 8-9월 식생 및 모감주나무의 성장특성을 조사하였으며, 엽형변이 및 동위효소 분석을 위한 시료를 채취하였다.

식생조사는 집단크기(집단에 따라 0.2-0.4 ha)를 고려하여 10×10m, 20×20m의 조사구를 설치한 뒤 출현한 목본식물종 및 그 분수를 조사하였으며 흉고직경 6cm 이상의 수종에 대해서는 수고, 흉고직경 및 수관폭을 측정하였다. 이때 수관폭은 동서방향과 남북방향을 측정한 뒤 그 평균값을 이용하였다. 측정된 자료를 이용하여 Hill (1973)의 방법에 의한 종다양도지수(N1)를 계산하였으며(Ludwig과 Reynolds, 1988), 모감주나무의 상대빈도를 계산하였다.

**Table 1.** Locality and geographic information for 6 populations of *Koelreuteria paniculata* in Korea.

Pop. No.	Location	Latitude	Longitude	altitude(m)	Area(ha)
1	Seungeon, Anmyun, Taean, Chungnam	36° 29'	126° 20'	7	0.3
2	Kalmun, Wando, Jeonnam	34° 21'	126° 38'	3	0.3
3	Tokwol, Nam, Namhae, Kyungnam	34° 46'	127° 51'	8	0.3
4	Hannae, Yoncho, Keoje, Kyungnam	34° 55'	128° 36'	5	0.3
5	Naekok, Dong, Taegu	35° 52'	128° 45'	200	0.2
6	Donghae, Nam, Pohang, Kyungbuk	36° 02'	129° 31'	12	0.4

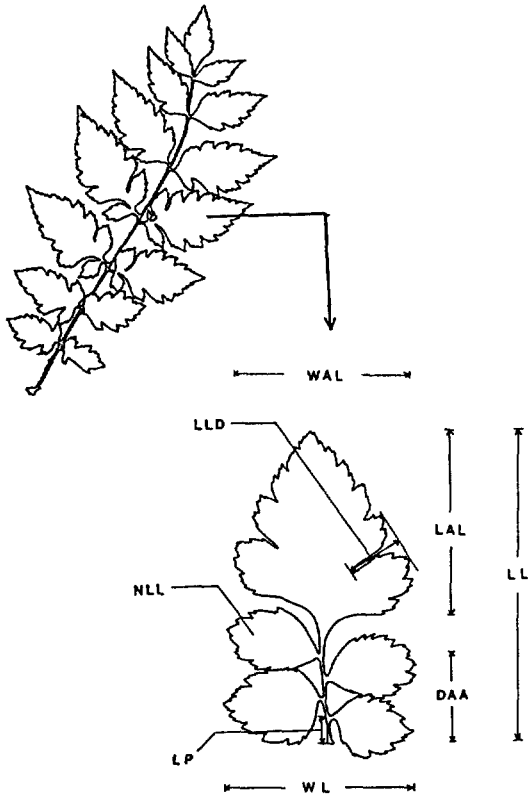


Fig. 1. Schematic drawing of leaf indicating traits measured.

NLL : number of lateral leaves, LL : length of leaflet

WL : width of leaflet, DAA : distance from abscission layer to the base of apical leaf  
LAL : length of apical leaf, WAL : width of apical leaf

LLD : largest lobe depth, LP : length of petiolule

엽형변이 조사는 집단별로 11-16개체를 선발한 뒤 각 개체로부터 동서남북 4방향 및 수관의 상·중·하층이 모두 포함될 수 있도록 하여 20개의 성엽을 채취한 후 표본을 제작하여 실시하였다. 이때 全葉을 조사하기는 복잡하였기 때문에 중앙에 위치하는 小葉(leaflet)을 대표특징으로 파악하여 엽형변이(小葉長, 小葉幅, 頂端葉長, 頂端葉幅, 頂端葉缺刻長, 側葉數, 側葉着生長, 小葉柄長)를 조사하였으며(Fig. 1), Nested design에 의한 분산분석 및 상관분석을 PC용 SAS program (SAS, 1987)을 이용하여 실시하였다.

동위효소 분석은 15-30 개체의 성목으로부터 채취한 동아를 이용하여 Kim 등(1993)의 방법에 의

해 실시하였는데, 조사된 효소는 aconitase(ACO, E.C. 4.2.1.3), glutamate dehydrogenase(GDH, E.C. 1.4.1.3), glutamate-oxaloacetate transaminase(GOT, E.C.2.6.1.1), isocitric dehydrogenase(IDH, E.C. 1.1.1.42), malate dehydrogenase(MDH, E.C. 1.1.1.37), 6-phosphogluconate dehydrogenase(6PGD, E.C. 1.1.1.44), phosphoglucose isomerase(PGI, E.C. 5.3.1.9), phosphoglucomutase(PGM, E.C. 2.7.5.1), shikimate dehydrogenase(SKDH, E.C. 1.1.1.25)의 9개 었으며, 14개 유전자좌에 대한 유전자형을 조사하였다. 각 동위효소별 유전양식은 인공 교배 차대가 없었기 때문에 직접 추정할 수는 없었으나, 다른 유사 식물로부터 보고된 자료 및 효소의 기능과 생화학적 구조(Weeden과 Wendel, 1989)를 고려하여 간접적으로 추정하였다. 각 유전자좌에서의 개체별 유전자형 빈도를 토대로 유전자좌당 평균 대립유전자수( $A/L$ ), 다형적 유전자좌의 비율( $P$ ), 평균 이형접합도의 관측치( $H_o$ )와 기대치( $H_e$ )를 구하였다. 또 모감주나무 집단의 유전적 구조를 추정하기 위하여 Wright(1978)의  $F$ 통계치를 구하였으며, Nei(1978)의 유전적 거리를 구한 후 UPGMA법(Sneath와 Sokal, 1973) 등에 의한 유집분석을 실시하였다. 이상의 모든 분석은 PC용 BIOSYS-1 program(Swofford와 Selander, 1989)을 이용하여 실시하였다.

## 결과 및 고찰

### 1. 식생개황 및 생장특성

모감주나무의 자생집단은 대부분 남부 해안에 위치하고 있기 때문에 남부와 중부이남의 저지대 및 해안 지역에 자생하는 수종이 주로 출현하였으며, 대구나 포항의 경우 이러한 수종 외에 마을 주변에서 주로 나타나는 수종이 일부 출현하였다. 집단별로 출현한 종을 살펴보면 안면도의 경우 모감주나무 1종, 거제의 경우 모감주나무와 팽나무(*Celtis sinensis*)의 2종, 남해의 경우 모감주나무, 팽나무, 이팝나무(*Chionanthus retusa*), 느티나무(*Zelkova serata*), 회화나무(*Sophora japonica*)의 5종, 대구의 경우 모감주나무, 팽나무, 쉬나무(*Evodia daniellii*), 산딸나무(*Cornus kousa*), 감태나무(*Lindera glauca*), 찔레꽃(*Rosa multiflora*), 감나무(*Diospyros kaki*), 참느릅나무

(*Ulmus parvifolia*)의 9종, 포항의 경우 모감주나무, 떡갈나무(*Quercus dentata*), 해송(*Pinus thunbergii*), 팽나무, 까치밥나무(*Ribes mandshuricum*), 느티나무, 병아리꽃나무(*Rhodotypos scandens*), 복분자딸기(*Rubus coreanus*), 복사나무(*Prunus persica*), 명석딸기(*Rubus parvifolius*), 쥐똥나무(*Ligustrum obtusifolium*), 짚레꽃, 노박덩굴(*Celastrus orbiculatus*), 청미래덩굴(*Smilax china*), 인동(*Lonicera japonica*), 보리밥나무(*Elaeagnus macrophylla*)의 16종, 완도의 경우 모감주나무, 감탕나무(*Ilex integra*), 팽나무, 소사나무(*Carpinus turzhaninovi*), 동백나무(*Camellia japonica*), 산초나무(*Zanthoxylum schinifolium*), 사철나무(*Euonymus japonica*), 청미래덩굴, 짚레꽃, 보리밥나무, 개울나무(*Rhus verniciflua*), 생강나무(*Lindera obtusiloba*), 참식나무(*Neolitsea sericea*), 자금유(*Ardisia japonica*), 예덕나무(*Mallotus japonicus*)의 15종이었다. 한편, Hill의 종다양도지수를 구한 결과는 1.00(안면도) - 8.14(포항)와 같았는데(Table 2), 분포 종수가 많은 집단이 종다양도지수도 높게 나타나는 경향을 보였다. 남해집단의 경우 대구집단에 비해서 분포 종수는 적었으나 종다양도지수는 높게 나타났는데, 이는 대구집단에 비해 임분내 분포하고 있는 각 종들의 개체수가 보다 더 균질적이었기 때문으로 사료된다.

각 집단별로 모감주나무의 상대빈도를 구한 결과 포항 27%, 완도 32.7%, 남해 50%, 대구 69.2%, 거제 96.3%, 안면도 100%로 나타났으며, 흉고직경 6cm이상 되는 임목만을 고려했을 경우에는 포항과 남해 50%, 완도 64.2%, 대구 85.7%, 거제 95%, 안면도 100%로 나타났다.

임황조사결과 모감주나무 집단은 인위적인 교란을 많이 받아 온 것으로 추정되었다. 즉, 모감주나무 집단의 경우 모두 보호림 또는 준보호림

으로 지정되어 있기 때문에 일부 집단의 경우 모감주나무의 보호를 위해 하층식생을 인위적으로 제거해 주었으며, 그렇지 않은 집단의 경우에도 사람의 간섭을 쉽게 받을 수 있는 지역에 위치하고 있어서 많은 교란을 받아 하층식생이 다양하지 않은 것으로 추정되었다. 예를 들면 안면도 집단의 경우 보호림 내에 모감주나무 외의 하층식생을 모두 제거하여 집단내에 다른 종은 전혀 출현하지 않았으며, 거제 집단의 경우에도 하층식생에 대한 임내 정리를 하여 모감주나무 외에 팽나무만이 출현하였다. 남해집단 역시 임내 정리로 하층임분은 제거되고 일부 교목 수종만이 출현하고 있었다. 한편 임내 정리를 하지 않은 집단의 경우 임내정리된 집단들에 비해 출현 종수는 많았으나, 마을 어귀의 논밭에 인접(대구)해 있거나 사람의 접근이 용이한 해안의 평지(완도)에 위치하고 있어서 다른 천연임분들과 비교해 볼 때 출현 종수는 많지 않은 것으로 나타났다. 한편 포항집단의 경우 마을 어귀의 야산에 위치하고 있으나 접근이 쉽지 않아서인지 타 집단에 비해 출현 종수가 많았다.

각 집단별로 모감주나무의 생장특성을 조사한 결과(Table 2), 평균수고는 5.0(안면도)-11.9m(남해), 평균 흉고직경은 7.4(안면도)-28.4cm(남해), 평균 수관폭은 3.5(포항)-6.6m(남해)의 범위로 나타나 안면도집단의 임목생장이 타 집단에 비해서 떨어졌으며, 남해집단의 임목생장이 타 집단에 비해서 우수한 것으로 나타났다. 이같은 결과는 여러 가지 요인에 의해 설명될 수 있겠지만 임분밀도 및 타 수종과의 경쟁상태 등이 중요한 인자로 작용한 것 같다. 즉, 안면도와 완도의 경우 타 집단에 비해 단위면적 당 흉고직경 6cm 이상의 모감주나무 성목 본수가 많고 개체목들이 매우 가까이 인접해 있어 서로의 경쟁으로 인해 생장이 제약을 받은 것으로 추정되었으며, 거

**Table 2.** Average growth features, number of found tree species and species diversity index for 6 populations of *Koelreuteria paniculata*.

Population	Height(m)	DBH(cm)	Crown width(m)	NO*	N1**
Anmyondo	5.0	7.4	4.3	1	1.00
Wando	8.2	12.5	4.9	15	6.53
Namhae	11.9	28.4	6.6	5	3.67
Keoje	10.9	27.2	5.5	2	1.17
Taegu	10.9	22.3	5.5	9	2.68
Pohang	11.3	11.3	3.5	16	8.14

\* No. of found woody plant species,

\*\* Hill's(1973) species diversity index

제와 남해 집단의 경우 모감주나무의 성목 분수가 상대적으로 적고 개체목들이 서로 떨어져 있으며, 입내정리로 하층식생을 모두 제거해 주었기 때문에 생장이 비교적 우수했던 것으로 추정된다. 또한 포항집단의 경우 모감주나무 외에 다른 수종이 입분내에 다수 출현하고 있으며, 이들이 모감주나무와 경쟁관계에 있어 모감주나무의 생장이 좋지 않았던 것으로 사료된다. 한편 각 집단별로 모감주나무의 수령을 추정하기 위해 생장추를 이용하여 목편을 채취한 뒤 나이테를 조사하였는데, 생장추 안에서 목편이 파열될 뿐만 아니라 나이테의 흔적이 뚜렷치 않아 정확한 수령을 측정할 수는 없었다. 직경급에 의해 수령을 간접적으로 추정할 경우 안면도 집단의 임령이 가장 어린 것으로 생각되는데, 위에서 언급했듯이 각 집단의 입분 구조 및 환경이 상이하어 동령급이라도 집단에 따라 생장에 차이가 날 수 있기 때문에 정확한 비교는 힘든 것으로 사료된다.

보호림으로 지정된 집단이 그 기능을 다하기 위해서는 대상 수종의 갱신이 원활하게 이루어져야 한다. 각 집단별로 치수 발생 정도를 조사한 결과 대구 및 완도집단의 경우 치수 발생이 원활하게 이루어지고 있었으며, 포항의 경우 그 정도가 매우 미약했다. 반면 안면도 집단의 경우 하층임분을 제거하면서 모감주나무의 치수까지 모두 제거해 줌으로서 치수가 전혀 발생하고 있지 않았다. 남해와 거제집단 역시 입내 정리로 말미암아 자연치수는 찾아보기 어려웠는데, 거제집단의 경우 몇 본의 치수를 인공식재하고 있었다. 결국 기존에 지정된 모감주나무 보호림이 그 기능을 다하도록 하기 위해서는 집단별로 적절한 조림사업이 적용되어야 할 것으로 사료되었다. 즉, 포항집단의 경우 성숙목 주변의 하층식생을 일부 소개시켜 줌으로써 치수발생을 유도해야 할 것이며, 완도 집단 역시 치수발생은 원활하게 이루어지고 있으나, 다른 하층식생이 밀생하고 있었기 때문에 모감주나무의 경쟁력을 제고시키기 위해서는 하예작업 등이 이루어야 할 것으로 생각되었다. 또한 안면도와 거제집단의 경우 입분관리시 모감주나무 치수가 제거되는 일이 없도록 유의해야 할 것이며, 대구집단의 경우 사람에 의한 피해를 쉽게 받을 수 있는 지역에 위치하고 있기 때문에 보다 집약적인 관리가 요구된다.

이미 서론에서 살펴보았듯이 우리나라의 모감

주나무 자생 집단은 중국이나 대만으로부터 해류를 타고 이동해 온 종자에 의해 기인되었다는 설이 있는데, 이는 신중히 검토되어야 할 것이라고 생각된다. 즉, 대구집단의 경우 다른 집단들과는 달리 내륙에 분포하고 있는 점, 마을 안쪽의 논밭주변에 매우 작은 규모로 위치하고 있는 점, 동령의 노령목이 몇 본 안되는 점 등으로 미루어 볼 때 인위적으로 조성되었을 가능성이 매우 높은 것으로 추정되었다. 포항집단 역시 해안에 위치하고 있기는 하나 해변의 평지에 위치하지 않고 야산에 분포하고 있는 점, 동해에 접함으로써 중국이나 대만으로부터 해류를 타고 종자가 이동해 오기란 거의 불가능한 점 등을 고려해 볼 때, 기 조성되어 있던 집단으로부터 종자를 채취하여 인공적으로 조성되었을 가능성이 높은 것으로 생각된다. 또 거제집단의 경우 마을주민의 이야기나 입분구조를 볼 때 인공 식재되었을 가능성이 매우 높은 것으로 추정되었다. 결국 우리나라의 자생집단으로 알려진 6개 집단 가운데 일부는 기존의 집단으로부터 시료를 채취하여 인위적으로 조성되었을 가능성이 높으며, 최초로 우리나라에 조성된 집단 역시 중국이나 대만으로부터 해류를 타고 이동해 온 종자가 아닌 사람에 의해 도입된 일부 개체에 의해 증식, 보급되었을 가능성도 있는 것으로 사료된다. 이러한 모감주나무의 기원은 모감주나무의 종자를 바닷물에 장기간 침적시킨 뒤 파종하여 발아율을 조사함으로써 보다 세밀하게 검토해 볼 수 있을 것이다. 또한, 우리나라에는 *Koelreuteria*屬에 속하는 수종이 모감주나무 1종인데 반하여 중국에는 6종이 분포(이창복, 1986)하고 있는 점 등으로부터 한국의 모감주나무가 중국으로부터 유입되었다고 추정되고 있으나, 재래종일 가능성 역시 완전히 배제할 수는 없다고 생각된다.

## 2. 업형변이

업형변이의 조사결과는 Table 3과 같다. 안면도집단의 경우 조사된 8개 항목에서 모두 최저값을 나타냈으며, 포항집단의 경우 정단엽폭과 소엽병장을 제외한 모든 조사항목에서 최고값을 나타내어 다른 집단과 구분되었다. 각 항목별로 2개층 구조에 의한 Nested 분산분석을 실시한 결과는 Table 4와 같다. 분석 결과 모든 항목에서 집단간 및 집단내 개체간 모두 0.1% 수준에서

**Table 3.** Average values for leaf morphological traits in 6 populations of *Koelreuteria paniculata*.

Population	NLL	LL (cm)	WL (cm)	DAA (cm)	LAL (cm)	WAL (cm)	LLD (cm)	LP (cm)
Anmyondo	0.25	5.21	3.29	0.74	5.09	3.28	0.75	0.21
Wando	1.15	8.06	5.06	1.38	7.12	4.85	1.50	0.46
Namhae	2.11	8.70	5.59	1.91	7.05	5.02	1.72	0.77
Keoje	1.99	7.37	5.08	1.57	6.19	4.55	1.45	0.43
Taegu	1.74	8.63	5.33	1.49	7.58	4.89	1.67	0.38
Pohang	2.59	9.50	5.82	2.35	7.44	4.90	1.88	0.62

Note : The abbreviations of variables correspond to those of Fig. 1.

**Table 4.** Summary of Nested analysis of variance for leaf morphological traits in *Koelreuteria paniculata*.

Variable	AP		AIWP		Ms of Error	Variance component(%)		
	MS	F-value	MS	F-value		AP	AIWP	Error
NLL	190.71	13.84***	13.78	9.14***	1.50	22.80	22.31	54.89
LL	627.53	56.96***	11.02	6.48***	1.70	50.19	10.69	39.12
WL	231.89	54.22***	4.28	4.98***	0.86	43.90	9.30	46.80
DAA	31.70	10.08***	3.14	3.47***	0.91	13.55	14.32	72.13
LAL	256.93	28.29***	9.08	8.76***	1.04	37.88	17.35	44.77
WAL	137.78	40.05***	3.44	5.87***	0.59	39.49	11.83	48.67
LLD	44.22	46.30***	0.96	2.85***	0.33	29.53	6.06	64.41
LP	10.21	32.08***	0.32	6.70***	0.05	36.47	14.09	49.44

Note : AP, Among populations; AIWP, Among individuals within populations; MS, Mean square; \*\*\*, significant at  $p < 0.001$ . The abbreviations of variables correspond to those of Fig. 1.

**Table 5.** Correlation matrix calculated on the mean values of 8 leaf morphological traits in *Koelreuteria paniculata*.

Var	LL	WL	DAA	LAL	WAL	LLD	LP
NLL	0.875*	0.929**	0.958**	0.718	0.811	0.917*	0.778
LL		0.974**	0.904*	0.955**	0.942**	0.991**	0.775
WL			0.914*	0.901*	0.967**	0.994**	0.809
DAA				0.738	0.791	0.916*	0.845*
LAL					0.930**	0.930**	0.619
WAL						0.958**	0.764
LLD							0.790

\* significant at  $p < 0.05$ , \*\* significant at  $p < 0.01$

The abbreviations of variables correspond to those of Fig. 1.

통계적 유의성이 인정되었는데, 측엽 착생장과 측엽수를 제외한 모든 형질에서 총분산 가운데 집단이 차지하는 비율이 집단내 개체가 차지하는 비율보다 큰 것으로 나타났다. 한편 측엽수의 경우 집단 및 집단내 개체가 차지하는 분산 성분이 거의 유사하였으며, 측엽 착생장에서는 집단내 개체가 차지하는 분산 성분이 집단이 차지하는 분산성분에 비해서 다소 큰 것으로 나타났다. 일반적으로 성장 특성이나 형태적 특성은 환경인자에 의한 영향을 많이 받는 것으로 나타나고 있는데(Crawford, 1990), 본 연구에서도 거의 대부분의 엽형특성에서 집단간 차지하는 분산 성분이

집단내 개체가 차지하는 분산 성분에 비해 크게 나타남으로써 각 집단이 위치한 지역의 환경인자에 의해 많은 영향을 받는 것으로 추정되었다. 엽형특성이 어떤 환경인자에 대하여 어떻게 반응하는가를 보다 세밀히 추정하기 위해서는 앞으로 다양한 환경인자와 엽형특성간의 상관관계 등을 분석해야 할 것으로 생각된다.

각 형질특성간 상관관계를 구한 결과 측엽수의 경우 소엽장, 소엽폭, 측엽 착생장, 정단엽 결각장과 正의 상관관계를 나타냈다(Table 5). 소엽장, 소엽폭, 측엽 착생장의 값이 측엽수가 증가함에 따라 증가하는 것은 쉽게 예상할 수 있는

며, 측엽수가 정단엽 결각장이 클수록 증가하는 것은 Fig. 1에서 보듯이 정단엽의 결각이 깊어지면서 측엽이 분화하기 때문에 정단엽 결각장이 크면 클수록 분화되어 나올 수 있는 측엽수가 증가하기 때문인 것으로 사료된다. 소엽장은 소엽 폭, 정단엽 장, 정단엽 폭, 결각장과 정의 상관관계를 보였고, 소엽폭은 정단엽 장, 정단엽 폭, 결각장과 정의 상관관계를 보임으로써 정단엽의 크기가 클수록 정단엽과 측엽을 모두 포함하는 전체 잎(소엽)의 크기가 증가함을 알 수 있었다. 측엽 착생장의 경우 결각장 및 소엽병장과 정의 상관관계에 있었으며, 정단엽 길이는 정단엽 폭 및 결각장과 정의 상관관계를 나타냈는데, 정단엽이 클수록 결각장이 커져 측엽의 분화가 증가할 수 있음을 보여주었다.

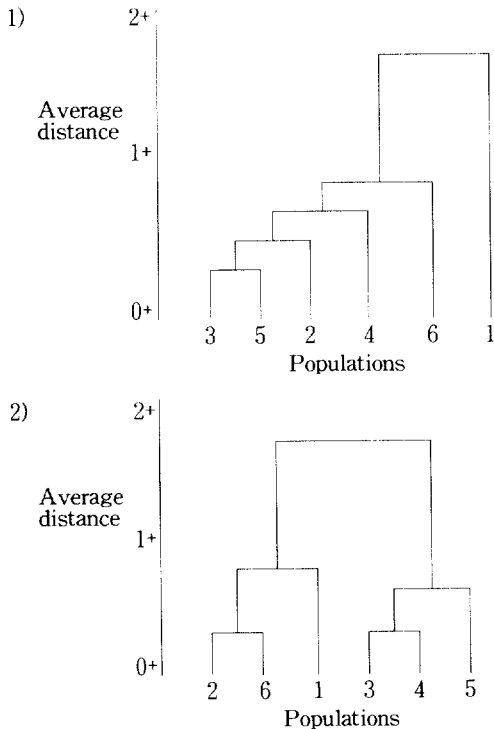
엽형특성에 의한 유집분석을 실시한 결과는 Fig. 2와 같다. Ward, average, centroid법에 의한 유집분석을 실시한 결과 모두 동일한 결과를 나타

내어 average법에 의한 유집분석 결과만을 나타냈는데, 안면도 집단이 가장 이질적인 것으로 나타났으며 포항집단 역시 다른 집단들과는 다소 차이가 나는 것으로 나타났다. 앞에서도 살펴본 듯이 안면도와 포항집단의 경우 모든 조사항목에서 타 집단에 비해 매우 낮은 값을 보여주거나 높은 값을 나타냄으로써 뚜렷이 구분되었었다. 한편 생장특성에 의한 유집분석 결과(Fig. 2) 엽형특성에 의한 결과와는 많은 차이가 있었는데, 남해, 거제, 대구 집단이 하나의 소그룹을 형성한 뒤 완도, 포항, 안면도 집단으로 구성된 소그룹과 묶였다.

**3. 동위효소분석에 의한 유전변이**

분석된 14개 유전자좌(*Aco*, *Gdh*, *Got*, *Idh-1*, *Idh-2*, *Mdh-1*, *Mdh-2*, *Mdh-3*, *6Pgd-1*, *Pgi-1*, *Pgi-2*, *Pgm-1*, *Pgm-2*, *Skdh-1*) 가운데 *Aco*, *Mdh-2*, *Skdh-1* 유전자좌를 제외한 11개 유전자좌에서 하나의 대립유전자만이 관측되어 변이가 없는 것으로 나타났다. 다형성을 나타낸 유전자좌는 모두 2개의 대립유전자만이 관측되었는데, *Aco*와 *Skdh-1* 유전자좌의 경우 하나의 동일한 대립유전자가 전 집단에서 0.9이상의 높은 빈도로 나타났으며, *Mdh-2* 유전자좌의 경우 집단에 따라 주대립유전자가 서로 다르게 나타나 집단간 대립유전자 빈도 분포가 상이한 것으로 나타났다.

모감주나무 6개 자생 집단에 대한 유전적 다양도를 추정한 결과(Table 6) 유전자좌당 평균 대립유전자수는 1.1개, 평균 다형적 유전자좌의 비율(95% 수준)은 9.5%, 평균 이형접합도의 관측치와 기대치는 각각 0.021과 0.035로 나타나 다른 목본식물들의 유전변이와 비교해 볼 때(Hamrick 등, 1992), 유전적 다양도가 매우 낮았다. 모감주나무와 같이 분포범위가 국소적이면서 집단크기가 작은 희귀종이나 멸종 위기종에서 유전적 다양도가 낮게 나타나는 원인으로는 흔히 유전적 부동과 함께 근친교배 효과(Falk와 Holsinger, 1991)를 들고 있다. 모감주나무의 경우 집단크기가 작을 뿐만 아니라(0.2-0.4ha), 일부 집단의 경우 몇 본 안되는 고령목 근처에 비슷한 영답의 후계 임목들이 분포하여 그 임분을 구성하는 개체목들이 혈연적으로 매우 가까운 것으로 추정되었으며, 6개 자생집단들이 지리적으로 멀리 떨어



**Fig. 2.** Average-linkage derived dendrogram of 6 populations in *Koelreuteria paniculata*. 1) based on leaf morphology data, 2) based on growth data. Population numbers correspond to those of Table 1.

**Table 6.** Genetic variability at 14 loci in 6 populations of *Koelreuteria paniculata*(Standard errors in parentheses).

Population	Mean sample size per locus	Mean No. of alleles per locus	Percentage of loci polymorphic*	Mean heterozygosity	
				Observed	Expected**
Anmyondo	29.4 (.6)	1.1 (.1)	7.1	0.019 (.019)	0.035 (.035)
Wando	30.0 (.0)	1.2 (.1)	14.3	0.024 (.015)	0.051 (.037)
Namhae	15.9 (.1)	1.1 (.1)	7.1	0.010 (.010)	0.018 (.018)
Keoje	30.0 (.0)	1.1 (.1)	7.1	0.038 (.038)	0.036 (.036)
Taegu	23.6 (.3)	1.1 (.1)	7.1	0.014 (.014)	0.043 (.037)
Pohang	17.7 (.3)	1.2 (.1)	14.3	0.023 (.016)	0.029 (.017)
Mean		1.1	9.5	0.021	0.035

\* A locus is considered polymorphic if the frequency of the most common alleles does not exceed 0.95.

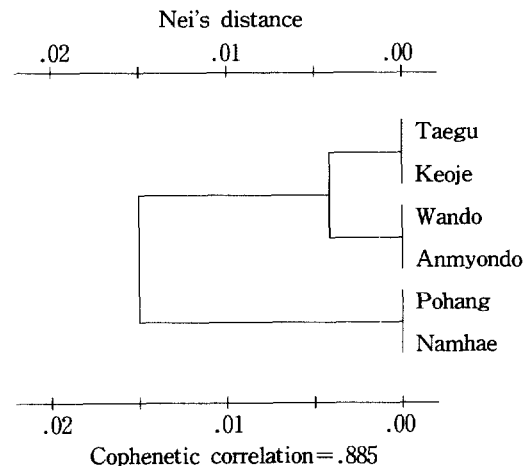
\*\* Unbiased estimate (see Nei, 1978).

져 있어 집단간 유전자 이입이 거의 불가능 할 것으로 사료되었다. 결국 이러한 모감주나무의 분포 특성 때문에 유전적 부동 및 근친교배 효과가 모감주나무의 진화과정에서 상당 부분 영향을 미친 것으로 추정된다. 이같은 근친교배 및 유전적 부동의 효과는 거제 집단을 제외한 5개 집단에서 평균 이형접합도의 관측치가 기대치보다 작게 나타나는 점,  $F_{IS}$  및  $F_{IT}$ 값이 각각 0.383과 0.454로 높은 양(+)의 값을 보임으로서 Hardy-Weinberg 평형상태에 비해 동형접합체의 빈도가 높게 나타나는 점 등으로부터도 추정해 볼 수 있다. 한편, 우리나라에 자생하고 있는 모감주나무가 중국이나 대만으로부터 유입되었다는 설이 사실이라면 유전적 다양도가 매우 낮은 점을 볼 때, 소수의 개체만이 유입되어 증식, 보급되었을 가능성이 많은 것으로 생각된다. 또 우리나라의 모감주나무가 도입종이 아닌 우리나라의 자생종이라고 가정하더라도 모감주나무의 분포 한계지에 위치하고 있기 때문에 분포 중심지인 중국이나 대만의 자생집단에 비해서는 유전변이가 적을 것으로 추정된다. 앞으로 중국이나 대만의 모감주나무 자생집단에 대한 연구가 수행된다면 보다 정확한 해석을 내릴 수 있을 것으로 기대된다.

모감주나무의 총 유전변이 가운데 11.4%는 집단간 차이, 그 나머지는 집단내 개체간 차이로부터 기인하는 것으로 나타났는데( $F_{ST}=0.114$ ), 우리나라에 자생하고 있는 다른 수종(연속적이고 광범위하게 나타나는)의 결과들(Kim 등, 1993; Kim 등, 1994; Kim과 Lee, 1995; Lee 등, 1995)과 비교해 볼 때 집단간 분화정도가 다소 심함을 알 수 있었다. 이같은 결과는 앞에서도 기술하였듯이 모감주나무 자생집단의 경우 지리적으로 격

리되어 있을 뿐만 아니라 고립되어 있어 집단간 유전자 이입이 거의 불가능하기 때문에 기인된 것으로 추정된다. 한편 Hamrick 등(1992)은 322개의 목본식물을 대상으로 동위효소 수준에서의 유전변이와 생태적, 생활사적 특성간의 상관관계를 조사한 바 있는데, 모감주나무와 유사한 지리적 분포 특성을 보이는 수종들에서 모감주나무에 비해 다소 큰 값을 보고하였으며(Endemic :  $G_{ST}=0.141$ ; Narrow :  $G_{ST}=0.124$ ), 지리적으로 광범위하게 나타나는 수종들에서는 모감주나무에 비해 작은 값을 보고하였다(Regional :  $G_{ST}=0.065$ ; Widespread :  $G_{ST}=0.033$ ).

Nei(1978)의 유전적 거리에 의한 유집분석을 실시한 결과는 Fig. 3과 같다. 대구, 거제, 완도, 안면도 집단이 하나의 소 그룹으로 묶인 뒤



**Fig. 3.** UPGMA-derived dendrogram of 6 populations in *Koelreuteria paniculata* based on Nei's(1978) genetic distance.



포항, 남해 집단과 다시 묶임으로서 앞서의 엽형 특성이나 생장 특성에 의한 결과와는 다른 경향을 보여주었다. 한 가지 흥미로운 점은 엽형 특성, 생장특성 및 동위효소 수준 모두 유집분석 결과 뚜렷한 지리적 경향을 발견할 수 없었다는 것이다. 일반적으로 형태적 특성이나 생장특성은 환경인자에 의한 영향을 많이 받기 때문에 유집 분석시 지리적으로 가깝거나 기후 및 강수량 등 생육조건이 유사한 집단이 동일그룹 내에 묶이는 경향이 있다. 그러나 모감주나무의 경우 엽형 특성에서는 어떠한 경향도 찾아 볼 수 없었으며 생장 특성에서는 지리적으로 가까운 남해, 거제, 대구 집단이 동일한 그룹에 속하기는 하였으나, 지리적으로 서로 멀리 떨어져 있으며 기후 특성에서도 많은 차이를 보이는 완도, 포항, 안면도 집단이 동일 그룹에 속함으로써 뚜렷한 경향을 나타내지 않았다. 이러한 결과에 대한 정확한 원인은 각각의 엽형특성이나 생육특성에 대한 미세 환경하에서의 반응을 보다 세밀히 관찰 한 후에 추정해 볼 수 있겠으나, 앞서 살펴보았듯이 모감주나무 자생집단의 경우 인위적 교란에 의해 생육상황이 많은 영향을 받았기 때문에 적응에 의해서라기 보다는 인위적 간섭에 의한 결과라고 사료된다. 한편 동위효소의 경우 엽형특성이나 생육특성에 비해서 환경인자의 영향을 덜 받기 때문에 뚜렷한 지리적 특성을 보이는 경우가 적은 것으로 알려져 있는데, 본 연구에서도 유사한 결과를 나타냈다. 지금까지의 결과들을 종합해 볼 때, 일부 집단이 인공적으로 조성되었다면, 그 가운데 일부는 지리적으로 가까운 집단으로부터 종자를 수집하지 않고 멀리 떨어진 집단에서 종자를 채취하여 조성되었을 가능성이 있는 것으로 추정된다.

지금까지 살펴본 바와 같이 모감주나무 자생집단의 경우 보호림 또는 준보호림으로 지정되어 있기 때문에 비교적 관리가 잘 되고 있었지만, 일부 집단의 경우 건전한 후계림 조성을 위해서는 적절한 무육방법이 적용되어야 할 것으로 생각되었다. 또한 다른 수종들과 비교할 때 유전변이가 매우 적고 집단간 분화는 심한 것으로 나타나 현지내 유전자원 보전시 전 집단을 대상으로 하는 것이 효율적이라고 판단되었다. 한편 생육조건이 적절한 곳에서는 치수발생이 잘 이루어지고 있어서 종자로부터 유묘를 인공적으로 양묘

한 후 임내에 식재해 줄 필요는 없는 것으로 판단되었으나, 유전적 부동 및 근친교배에 의해 유전변이가 계속 감소할 경우 집단 생존에 위협을 받을 수 있으므로 다른 집단으로부터 종자를 수집하여 파종함으로써 유전자 이입을 유도하는 방법 등도 고려해봐야 할 것으로 추정되었다.

### 인용문헌

1. 이창복, 1986. 신고 수목학. 향문사, 331pp.
2. Brown, A.H.D. 1979. Enzyme polymorphism in plant populations. *Theor. Pop. Biol.* 15 : 1-42.
3. Crawford, D.J. 1990. *Plant Molecular Systematics. Macromolecular Approaches.* John Wiley & Sons. New York. 388pp.
4. Folk, D.A. and K. Holsinger (eds). 1991. *Genetics and Conservation of Rare Plants.* Oxford University Press, New York. 283pp.
5. Hamrick, J.L. and M.J.W. Godt. 1989. Allozyme diversity in plant species. Pages 43-63 in A.H.D. Brown, M.T. Clegg, A.L. Kahler and B.S. Weir, eds period. *Plant Population Genetics, Breeding and Genetic Resources.* Sinauer Press, Sunderland, Mass.
6. Hamrick, J.L., Y.B. Linhart and J.B. Mitton. 1979. Relationships between life history characteristics and electrophoretically-detectable genetic variation in plants. *Ann. Rev. Ecol. Syst.* 10 : 173-200.
7. Hamrick, J.L., M.J.W. Godt and S.L. Sherman-Broyles. 1992. Factors influencing levels of genetic diversity in woody plant species. *New Forests* 6 : 95-124.
8. Hill, M.O. 1973. Diversity and evenness : A unifying notation and its consequences. *Ecol. Syst.* 4 : 427-432.
9. Kim, Z.S. and S.W. Lee. 1995. Genetic diversity of three native *Pinus* species in Korea. Pages 211-218 in Ph. Baradat, W.T. Adams and G. Müller-Starck, eds. *Population Genetics and Genetic Conservation of Forest Trees.* SPB Academic Publishing, Amsterdam, The Netherlands.

10. Kim, Z.S., S.W. Lee and J.O. Hyun. 1993. Allozyme variation in six native oak species in Korea. *Ann. Sci. For.* 50(Suppl.1) : 253s-260s.
11. Kim, Z.S., S.W. Lee, J.H. Lim, J.W. Hwang and K.W. Kwon. 1994. Genetic diversity and structure of natural populations of *Pinus koraiensis*(Sieb. et Zucc.) in Korea. *Forest Genetics* 1 : 41-49.
12. Ledig, F.T. and M.T. Conkle. 1983. Gene diversity and genetic structure in a narrow endemic, Torrey pine *Pinus torreyana* Parry ex Carr. *Evolution* 37 : 79-85.
13. 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.
14. Lesica, P., R.F. Leary, F.W. Allendorf and D.E. Bilderback. 1988. Lack of genetic diversity within and among populations of an endangered plant, *Howellia aquatilis*. *Conservation Biology* 2 : 275-282.
15. Loveless, M.D. and J.L. Hamrick. 1984. Ecological determinants of genetic structure in plant populations. *Ann. Rev. Ecol. Syst.* 15 : 65-95.
16. Ludwig, J.A. and J.F. Reynolds. 1988. *Statistical Ecology*. John Wiley & Sons. New York. 337pp.
17. Nei, M. 1978. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics* 89 : 583-590.
18. SAS Institute Inc. 1987. *SAS/STAT TM Guide for Personal Computers*. Version 6 Edition. SAS Institute Inc., Cary, N.C. 1028pp.
19. Sneath, P.H.A. and R.R. Sokal. 1973. *Numerical Taxonomy*. W.H. Freeman and Company. San Francisco. 573pp.
20. 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, IL.
21. Waller, D.M., D.M. O'Malley and S.C. Gawler. 1987. Genetic variation in the extreme endemic *Pedicularis furbishiae*(Scrophulariaceae). *Conservation Biology* 1 : 335-340.
22. Weeden, N.F. and J.F. Wendel. 1989. Genetics of plant isozymes. Pages 46-72 in D.E. Soltis and P.S. Soltis, eds. *Isozymes in Plant Biology*. Dioscorides Press, Portland, Oregon.
23. Wheeler, N.C., K.S. Jech, S.A. Masters, C.J. O'Brien, D.W. Timmons, R.W. Stonecypher and A. Lupkes. 1995. Genetic variation and parameter estimates in *Taxus brevifolia*(Pacific yew). *Can. J. For. Res.* 25 : 1913-1927.
24. Wright, S. 1978. *Evolution and the Genetics of Populations. Variability Within and Among Natural Populations*. University of Chicago Press., Chicago, IL.
25. Yim, K.B., E.W. Noh, J.S. Lee, S.S. Jang, Y.S. Kim and S.H. Chun. 1994. RAPD variation in three distantly isolated populations of *Koelreuteria paniculata* growing in Korea. *Res. Rep. For. Gen. Res. Inst. Korea.* 30 : 93-98.