

稀貴 樹種 눈향나무 集團의 同位酵素 分析에 의한 遺傳變異 研究

한상돈*, 양병훈, 권해연

국립산림과학원 산림유전자원부 유전자원과

Genetic Variation in the Endemic Rare Tree Species, *Juniperus chinensis* var. *sargentii* HENRY

Sang-Don Han*, Byeung-Hoon Yang and Hae-Yun Kwon

Department of Genetic Resources, Korea Forest Research Institute, Suwon 441-350, Korea

Abstract - Genetic variation of two *Juniperus chinensis* var. *sargentii* populations in Mt. Seorak and Mt. Halla was investigated by isozyme analysis at reproducible 11 loci of 7 isozyme systems(*Aat-1*, *Aat-2*, *Gdh*, *Idh*, *Lap*, *Mdh-1*, *Mdh-2*, *Mdh-3*, *6Pgd*, *Pgi-1*, and *Pgi-2*), of which 7 loci were polymorphic. The levels of genetic diversity of two populations were $A=2.2$, $A_e=1.61$, $P_{95}=54.5$, $H_o=0.179$, $H_e=0.287$ (Mt. Seorak population) and $A=2.1$, $A_e=1.48$, $P_{95}=63.6$, $H_o=0.270$, $H_e=0.250$ (Mt. Halla population), respectively. These values were similar to and/or somewhat higher than those observed in other Korean native conifers. Moderately low degree of genetic differentiation was observed between 2 analyzed populations ($F_{ST}=0.039$). Heterozygosity of the population in Mt. Seorak was significantly lower than expected, and much high level of inbreeding coefficient($F=0.376$) was observed. Considering the limited population size and distribution range of the population, the population seemed to be influenced by inbreeding and/or random genetic drift. Consequently, Mt. Seorak population should be considered to be a more important candidate for the conservation of *J. chinensis* var. *sargentii*.

Key words - Genetic variation, Isozyme, Inbreeding coefficient, *Juniperus chinensis* var. *sargentii*

서 언

눈향나무(*Juniperus chinensis* var. *sargentii* HENRY)는 세계적으로 만주, 시베리아, 한국, 일본 등지에 자생하는 것으로 알려져 있으며, 국내에서는 평안도 이남의 해발 700~2,300m 이상 고산 지대에 주로 분포하는 상록침엽 관목이다(정, 1965). 대체로 척박한 토양에서도 잘 자라고 내음성, 내한성, 내건성, 내공해성 등이 강하며, 수간은 비스듬히 누워 자라는데 땅위를 기는 줄기 곳곳에서 뿌리가 발생하여 영양 증식을 하기도 한다(김 등, 2001). 이러한 성장 특성으로 인해 눈향나무는 주로 조경용 地皮植物로 이용되어 왔으며, 앞으로도 그 수요가 꾸준히 증가할 것으로 예상되는 소중한 생물자원으로 평가되고 있으나(심 과 서, 1995), 아직까지 우리나라에 자생하는 눈향나무 천연 집단의 유전자원 관리 및 보존을 위해 필요한 생태적·유전적 특성에 대한 정보

는 거의 알려진 바 없다. 또한 현존하는 눈향나무의 대규모 집단 서식지는 한라산, 설악산 정도에 지나지 않으며, 지리산을 비롯하여 기존에 알려진 대부분의 자생지 내에서는 개체목이나 소규모 군락의 형태로 발견되는 현실이므로 산림청 보존우선순위 41위인 희귀·멸종 위기 식물로 지정되어 있기도 하다(산림청, 1997; 정, 미발표자료). 따라서 소멸 위기에 처해 있는 것으로 생각되는 소중한 산림유전자원의 하나인 눈향나무의 체계적인 보존·관리 등을 위한 현지 집단의 유전구조 분석 등 유전변이에 대한 기초자료 확보가 시급한 실정이다.

일반적으로 동위효소 수준에서 식물의 유전변이는 지리적으로 광범위하게 분포하며 수명이 길고 타가 수정하는 식물이 그렇지 않은 식물에 비해 유전변이가 다양한 것으로 알려져 있으며(Hamrick *et al.*, 1979; Loveless and Hamrick 1984), 상대적으로 분포역이 좁거나 희귀·멸종 위기에 처해 있는 식물종들은 유전적 부동이나 근친교배 등에 의해 유전변이가 적은 것으로 알려져 있다(Ledig and Conkle 1983;

* 교신저자(E-mail) : sang5503@foa.go.kr

Waller *et al.*, 1987; Lesica *et al.*, 1988; Hickey *et al.*, 1991; Lee *et al.*, 1997, 1998). 그러나 일부 희귀식물 종들의 경우 일반적인 예상과는 달리 유전변이가 매우 다양하게 나타나기도 하는데, 이러한 현상의 원인으로는 광범위하게 분포하는 종으로부터 최근에 분화된 경우(Gottlieb *et al.*, 1985), 서식지 교란에 의한 분포역의 축소가 최근에 이루어진 경우(Karron *et al.*, 1988), 교배 및 번식 특성에 의한 경우(Ranker, 1994; Lewis and Crawford, 1995), 체세포 돌연변이 및 복수 창시자 효과(multiple founder effect)에 의한 경우(Ranker, 1994) 등을 들 수 있다.

최근까지 국내에 자생하는 눈향나무에 대한 연구는 세포학적 특성(김 등, 1985)과 한라산 눈향나무의 공간분포에 따른 유전구조 및 유전적 다양성에 관한 연구(최 등, 2004) 이외에는 전무한 상태이다. 따라서 본 연구는 한라산 및 설악산에 자생하는 희귀유전자원인 눈향나무 집단을 대상으로 동위효소 분석에 의한 유전변이를 비교 조사함으로써 두 집단의 유전적 다양성 및 집단 간 분화 정도를 추정하여 희귀유전자원의 보존 전략 수립 시 필요한 기초 정보를 얻고자 수행되었다.

재료 및 방법

조사지는 설악산 북면 귀떼기청봉(128° 24' 01.31"E, 38° 07' 16.08"N)과 한라산 남서면 윗세오름 지역(126° 31' 15.54"E, 33° 21' 39.16"N)의 정상부 일대로서 두 지역 공히 토심이 얇고 암석이 많으며, 식물이 생육하기에 어려운 고산 지대이다. 2004년 봄, 두 집단으로부터 각각 30개체씩을 선발하고, 각 개체로부터 유엽을 채취하였다. 선발 개체간의 거리는 30m 이상을 유지하여 혈연적으로 근연 관계에 있는

개체가 선발되지 않도록 하였으며, 채취된 유엽은 ice box에 넣어 실험실로 옮긴 뒤 분석에 사용할 때까지 냉장 보관(4℃)하였다.

동위효소 분석에는 가수분해 된 감자전분(SIGMA Co., USA)을 이용하여 12%(w/v)로 제조된 수평식 젤 전기영동 장치가 사용되었다. 분석에 사용된 모든 완충액 및 정색액의 조제는 Kim *et al.*(1993)의 방법을 따랐으며, 예비실험을 통해 선명하고 재현성 있는 band를 나타내는 동위효소만을 선정하여 집단분석에 이용하였다(Table 1). 아직까지 눈향나무에 대한 동위효소 유전형식은 세계적으로 보고된 바 없으므로, 동일 속 수종인 *J. scopulorum* 및 *J. ashei*에서의 동위효소 결과를 참고로 개체의 유전자형을 간접 추정하였다(Kelley and Adams, 1977, 1978). 분석된 동위효소의 명칭 및 추정된 유전자좌의 수는 Table 1에 명시하였으며, 관찰된 유전자좌 및 대립유전자는 이동속도에 따라 각각 1, 2, 3, ... 과 a, b, c, ... 등으로 명명하였다.

각 유전자좌에서 추정된 개체별 유전자형 및 그 빈도를 토대로 유전자좌당 평균대립유전자수(A), 평균 유효대립유전자수(A_e), 다형적 유전자좌의 비율(P_{95} , P_{99}), 평균이형접합도의 관측치(H_o)와 기대치(H_e)를 구하였으며, 관찰된 유전자형 빈도와 Hardy-Weinberg 평형빈도와의 일치 여부는 Levene(1949)의 보정에 의한 χ^2 -test에 의해 검정하였는데, 이때 cell size가 5 이하인 경우는 빈도수가 낮은 유전자형끼리 합쳐서 판정하였다(Sokal and Rohlf, 1981). 집단내 근친교배의 정도와 집단간 유전적 구조를 알아보기 위하여 Wright의 F 통계량(F_{IS} , F_{IT} , F_{ST})을 구하였으며(Wright, 1978), 두 집단간 유전적 거리는 Nei(1978)의 방법에 의해 계산하였다. 이상의 모든 분석에는 BIOSYS-1(Swofford and Selander, 1989) program이 사용되었다. 한편,

Table 1. Description of isoenzymes assayed and buffer systems used for electrophoresis.

Enzyme	Abbreviation	E.C.No. ^a	Buffer ^b	No. of loci scored
Aspartate aminotransferase	AAT	2.6.1.1	B	2
Glutamate dehydrogenase	GDH	1.4.1.3	B	1
Isocitrate dehydrogenase	IDH	1.1.1.42	E	1
Leucine aminopeptidase	LAP	3.4.11.1	A	1
Malate dehydrogenase	MDH	1.1.1.37	E	3
6 Phosphogluconate dehydrogenase	6PGD	1.1.1.44	B	1
Phosphoglucose isomerase	PGI	5.3.1.9	A	2

^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).

Table 2. Allele frequencies at 7 polymorphic loci of *Juniperus chinensis* var. *sargentii* in Mt. Seorak and Mt. Halla.

Locus	Mt. Seorak				Mt. Halla			
	a	b	c	d	a	b	c	d
<i>Aat-1</i>	0.033	0.967	-	-	0.083	0.917	-	-
<i>Aat-2</i>	0.267	0.633	0.100	-	0.600**	0.400	-	-
<i>Gdh</i>	0.750**	0.250	-	-	0.833	0.167	-	-
<i>Idh</i>	0.017**	0.533	0.383	0.067	0.033**	0.817	0.017	0.133
<i>Lap</i>	0.133	0.633	0.233	-	0.150	0.567	0.283	-
<i>6pgd</i>	0.233	0.733	0.033	-	0.100	0.833	0.067	-
<i>Pgi-2</i>	0.383**	0.217	0.400	-	0.500	0.183	0.317	-

** : significant heterozygote deficit compared to Hardy-Weinberg expectatios($p < 0.01$),

** : significant heterozygote excess compared to Hardy-Weinberg expectatios($p < 0.01$)

BOTTLENECK(Cornuet and Luikart, 1996) program을 사용하여 근래에 분석집단의 유효집단크기가 변하였는지의 여부를 검정하였는데, 분석된 표지자의 특성과 관찰된 다형적 유전자좌의 수를 고려하여, Kimura와 Crow의 infinite allele model(1964)을 적용한 Wilcoxon sign rank test를 수행하였다(Luikart and Cornuet, 1997; Piry *et al.*, 1999).

결과 및 고찰

시료 두집단으로부터 분석된 7개 동위효소, 11개 유전자좌 (*Aat-1*, *Aat-2*, *Gdh*, *Idh*, *Lap*, *Mdh-1*, *Mdh-2*, *Mdh-3*, *6Pgd*, *Pgi-1*, *Pgi-2*) 가운데 *Mdh-1*, *Mdh-2*, *Mdh-3*, *Pgi-1*의 4개 유전자좌에서는 변이가 관찰되지 않았다(Table 2). 나머지 7개 유전자좌에서는 모두 20개의 대립유전자가 관찰되었는데, 전체적으로 *Idh* 유전자좌에서는 4개의 대립유전자가, *Aat-2*, *Lap*, *6Pgd*, *Pgi-2* 유전자좌에서는 3개의 대립유전자가, 나머지 *Aat-1*, *Gdh* 유전자좌에서는 2개의 대립유전자가 관측되었다(Table 2). 이들 가운데 *Aat-2* 유전자좌의 c 대립유전자는 설악산 집단에서만 관측되어 '집단 특이적 대립유전자(population-specific allele, unique allele)'인 것으로 나타났는데(Table 2), 그 빈도가 10%에 이르는 것을 고려할 때 집단의 유전자원 보존을 위한 전략 수립 시 유의하여 다루어져야 할 것으로 생각된다(Kim *et al.*, 1994). *Aat-2*와 *Pgi-2*를 제외한 대부분의 다형적 유전자좌에서 주대립유전자의 구분이 가능하였으나, 주대립유전자의 비율이 0.9 이상인 유전자좌는 *Aat-1*이 유일하였으며, 동일 유전자좌에서 대립유전자의 빈도가 집단별로 다소 차이를 보이는 경우도 있었다(Table 2). 즉 *Aat-2* 유전자좌에서는 설악산 집단에서는 b 대립유전자가,

한라산 집단에서는 a 대립유전자의 비율이 보다 높게 나타났으며, *Pgi-2* 유전자좌의 경우 설악산 집단에서는 관찰된 세 대립유전자의 빈도가 비교적 균일한 반면 한라산 집단에서는 a 대립유전자의 비율이 상대적으로 높은 것으로 나타나 두 집단이 다소 차이를 보였다(Table 2).

분석된 두 집단의 유전변이량을 추정된 결과, 설악산 집단에서는 $A=2.2$, $A_e=1.61$, $P_{95}=54.5$, $H_o=0.179$, $H_e=0.287$, 한라산 집단의 경우 $A=2.1$, $A_e=1.48$, $P_{95}=63.6$, $H_o=0.270$, $H_e=0.250$ 로 나타났다(Table 3). 이는 우리나라에 자생하는 주요 침엽수종인 소나무나 해송, 잣나무 집단으로부터 추정된 동위효소 유전변이량과 대체로 유사하거나 다소 높은 수준이었으며(*Pinus densiflora* $A=2.44$, $P_{95}=86.2\%$, $H_o=0.262$, $H_e=0.263$; *P. thunbergii* $A=1.99$, $P_{95}=58.4\%$, $H_o=0.174$, $H_e=0.171$; *P. koraiensis* $A=1.86$, $P_{95}=66.7\%$, $H_o=0.175$, $H_e=0.183$; Kim *et al.*, 1994), 분포 범위 및 생태적 특성, 입지 환경이 눈향나무와 비슷한 설악산 눈잣나무 집단에서 추정된 값과 비교할 때 확연히 높은 값이었다(*P. pumila* $A=1.9$, $P_{99}=62.5\%$, $P_{95}=50.0\%$, $H_o=0.165$, $H_e=0.198$; 홍 등, 2004). 한편, 이러한 양상은 I-SSR 표지자 변이 분석에서도 유사하게 나타났는데, 최 등(2004)은 한라산 눈향나무 집단의 공간적 유전구조 분석에서 집단 내 유전다양성을 나타내는 Shannon's Index 값이 해당 표지자를 이용하여 분석된 국내 타 수종 집단에 비해 상대적으로 높았다고 보고한 바 있다.

일반적으로 어떤 식물종이 가지는 유전변이의 양과 분포는 그 식물종의 지리적 분포특성과 교배 및 번식과 관련된 특성들에 의해 영향을 받는 것으로 알려지고 있는데(Hamrick and Godt, 1989; Hamrick *et al.*, 1992), 눈향나무와 같이 분포 범위가 제한적이고 고립되어 있으며 집단의 규모가 상대적으로 크지 않은 식물종들은 병목현상 또는 창시자 효과와 이에 수반되는 근친교배 및 무작위적 유전적

Table 3. Genetic diversity of *J. chinensis* var. *sargentii* in Mt. Seorak and Mt. Halla(standard error).

	A	A _e	P ₉₅	P ₉₉	H _o	H _e
Mt. Seorak	2.2	1.61	54.5	63.6	0.179(0.067)	0.287(0.082)
Mt. Halla	2.1	1.48	63.6	63.6	0.270(0.088)	0.250(0.073)

A = number of alleles per locus, A_e = effective number of alleles per locus, P₉₅ = percentage of polymorphic loci at 95% level, P₉₉ = percentage of polymorphic loci at 99% level, H_o = observed heterozygosity, H_e = Nei's unbiased expected heterozygosity.

부동(random genetic drift) 현상 등에 의해 유전변이량이 적게 나타나는 경우가 대부분이다(Ledig and Conkle, 1983). 그러나 분석된 눈향나무 집단의 경우 비교적 다양한 유전변이를 보유하고 있는 것으로 나타났는데, 이는 기존에 발표된 우리나라 고산지역에 현존하는 격리·잔존 식물종에 대한 연구결과들에서도 추정되었듯이(이 등, 1997; Kwon and Kim, 2002), 빙하기 무렵 추운 환경에서 눈향나무가 현재보다 넓은 지역에 걸쳐 연속적으로 분포하였을 것으로 추정된다. 이후 기온 상승으로 인해 현존하는 고산지대로 밀려날 때 연속 집단의 형태로 존재하고 있던 인근 소집단들로부터 다양한 유전적 배경을 지닌 개체들이 뒤섞여 지속적으로 유입되는 복수 창시자 효과(multiple founder effect)가 있는 것으로 보여진다.(Ranker, 1994). 실제로 1965년에 보고된 자료에 의하면, 눈향나무는 우리나라 濟州, 全南北, 慶南北, 江原, 平南北 지방 고산 지대에 분포한다는 기록이 있어(정, 1965), 조사 시점보다 훨씬 이전에는 눈향나무의 분포 영역이 현재에 비해 넓고 연속적이었으며, 집단 수가 많았던 것으로 추정된다. 가능성을 배제할 수 없다. 또한 눈향나무는 실생 번식과 더불어 땅에 닿은 가지에서 뿌리를 내려 clump를 형성하는 무성번식을 겸하는데, 이러한 생태적 특성 역시 눈향나무 집단의 유전적 다양성을 유지하는데 도움이 되었을 것으로 보인다. 즉 지금까지의 동위효소 분석 결과에 따르면 유·무성번식을 겸하는 수종들은 대체로 유전 다양성이 높은 경향을 나타내는데(Hamrick et al., 1992), 이는 환경조건의 악화 등으로 인해 유성생식이 불가능할 경우 무성생식에 의해 개체수를 증식하여 일정 수준의 집단 크기를 유지함으로써 현재 집단이 보유하고 있는 유전변이를 다음 세대에서도 일정하게 유지하는 것이 가능하기 때문인 것으로 추정된다(Lee et al., 1997).

한편, 설악산 집단은 한라산 집단과는 달리 집단 내 이형접합 빈도의 관찰치가 기대치에 비해 크게 낮은 것으로 추정되었는데(Table 2), 이는 집단별로 각 유전자좌에서 관찰된 유전자형 빈도와 Hardy-Weinberg 평형빈도와 일치여부를 검정한 결과에서도 유사하게 나타났다. 즉 총 39개 집단 별 분석 유전자좌에서 검정 결과 5가지 경우에서 통계적 유의성이 인정되었는데, 설악산 집단의 경우 Gdh, Idh, Pgi-

2 등 3개 유전자좌에서 통계적으로 유의한 이형접합도의 부족 현상이 관찰되었다(p<0.01; Table 2). 반면 한라산 집단에서는 Idh 유전자좌에서만 유의한 이형접합 부족 현상을 나타냈으며(p<0.01; Table 2), 이를 제외한 모든 다형적 유전자좌에서 다소나마 평형빈도보다 높은 이형접합도가 관찰되었는데, Aat-2 유전자좌의 경우 이형접합도의 관찰치가 기대치보다 유의하게 높은 것으로 나타났다(p<0.01; Table 2). 이와 같은 결과는 한라산 집단과 달리 설악산 집단에서는 근친교배 등 집단의 유전적 특성을 변화시킬 수 있는 진화적 요인이 작용하고 있는 것으로 사료된다.

이러한 추정에 대한 보다 구체적 증거를 제시하기 위해 기존에 알려진 몇 가지 통계적 방법에 의한 추가적 검정을 시도하였다. 먼저 본 실험에서 조사된 다형적 유전자좌에서 대립유전자 빈도의 분포를 조사하여 그림으로 나타냈는데(Fig. 1), 그 분포는 대체로 균일하였으며 특정한 경향을 나타내지 않았다. Chakraborty 등(1980)은 대부분의 침엽수종에서 유전적으로 안정적인 집단의 대립유전자빈도의 분포는 U자형의 분포곡선을 나타낸다고 하였으며, Ledig 등(1997)은 어떤 종이 유전적 부동의 영향을 받는 경우 대립유전자 빈도의 분포가 균일한 양상을 보인다고 하였다. 또한 Luikart 등(1998)은 근래에 유효집단크기의 감소가 일어났던 집단은 일반적으로 그 대립유전자의 수와 유전다양성이 상관적으로 감소하는데, 이때 유전다양성보다는 대립유전자의 수가 보다 빠르게 감소하기 때문에 근래에 집단의 크기가 급격히 감소하였거나 그 이후 다시 증가하고 있는 집단의 경우 현재 집단에서 관찰된 대립유전자 수로부터 구해진 이형접합도의 기대치(gene diversity: H_e)가 집단의 크기가 변화하지 않았을 경우, 추정된 이형접합도의 기대치(the expected equilibrium gene diversity: H_{eq})보다 높다고 하였다(H_e>H_{eq}). 이러한 가설에 근거하여 BOTTLENECK program을 이용, 두 분석 집단에서 관찰된 유전자형 및 대립유전자의 빈도를 검정한 결과, 설악산 집단의 경우 7개 다형적 유전자좌 전부에서 H_e 값이 H_{eq} 값보다 크게 나타났으며, Wicoxon rank test 결과에서도 이에 대한 통계적 유의성이 인정된 반면(p<0.05), 한라산 집단의 경우에는 H_e 값의 초과 현상이 인정되지 않았다(p>0.05). 이러한 결과들을 중

합하여 판단할 때, 설악산 집단은 비교적 최근 인위적 또는 환경적 교란을 겪음으로서 유효 집단 크기가 줄어들었으며, 이로 인해 현재 심각한 근친교배 및 유전적 부동 현상이 일어나고 있을 가능성이 높다고 사료된다. Wright(1978)의 F 분석 결과 역시 위의 결과를 뒷받침하는데, 집단 내 근친교배의 정도를 나타내는 F_{IS} 값이 0.1506, 전체 집단 수준에서의 근친교배 정도를 나타내는 F_{IT} 값은 0.1838로 두 값이 모두 비교적 높게 나타났으며(Table 4), 이러한 높은 F_{IS} 의 평균값은 주로 설악산 집단의 근교계수(inbreeding coefficient: F)가 0.376으로 매우 높은 데에 기인하는 것으로 추정되었다. 이는 설악산 지역에 최근까지 분포하였던 대청봉 일원과 오색약수 계곡 1,000m 고지 부근의 눈향나무 집단이 소실된 사실과도 관계 깊은 결과로 생각된다.

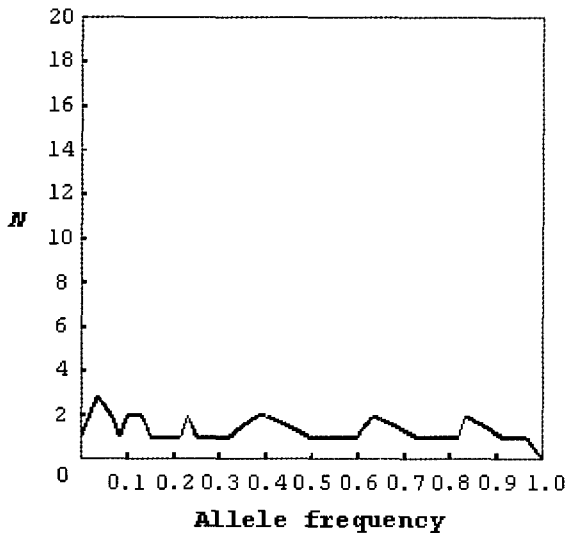


Fig. 1. The distribution of allele frequencies in the populations.

집단간 유전적 분화를 나타내는 F_{ST} 값은 0.039로 전체 유전변이 가운데 3.9% 가량이 집단간 차이에 기인하며, 나머지 대부분의 변이(96.1%)는 집단 내 개체 간에 공유되고 있음을 알 수 있었다 (Table 4).

Table 4. Wright's F statistic(1978) for *J. chinensis* var. *sargentii*.

Locus	F_{IS}	F_{IT}	F_{ST}
<i>Aat-1</i>	-0.0742	-0.0619	0.0114
<i>Aat-2</i>	-0.2695	-0.1668	0.0809
<i>Gdh</i>	0.4383	0.4442	0.0105
<i>Idh</i>	0.8101	0.8312	0.1111
<i>Lap</i>	0.0630	0.0660	0.0033
<i>6pgd</i>	-0.2420	-0.2168	0.0203
<i>Pgi-2</i>	0.2077	0.2145	0.0085
Mean	0.1506	0.1838	0.0390

이처럼 집단 간 유전적 분화의 정도를 나타내는 변이에 비해 집단 내 개체 간 공유하는 변이의 비율이 높게 나타난 것은 타가수정을 하고 종자비산 거리가 멀며, 광범위하고 연속적인 지리적 분포를 보이는 임목 집단에서 일반적으로 관찰되는 결과로서(Hamrick *et al.*, 1992), 기존에 보고된 우리나라 주요 침엽수종 집단에서 추정된 F_{ST} 값도 대체로 이와 유사한 수준이었다(*Pinus densiflora* $F_{ST}=0.038$; *P. thunbergii* $F_{ST}=0.035$; *P. koraiensis* $F_{ST}=0.050$; Kim *et al.*, 1994). 그러나 눈향나무의 경우 분포범위가 매우 제한적이고 집단 규모도 비교 대상인 다른 수종들에 비해 작으며, 분석된 두 집단이 지리적으로 완전히 격리되어 있어 다소의 외인 결과로 생각된다. 한편, 두 집단 간 Nei(1978)의 유전적 거리 역시 0.023으로 비교적 가깝게 나타났다. 본 연구에서 분석 가능한 대상 집단 수 및 동위효소 유전자좌 수가 기존에 분석된 국내 타 침엽수종들에 비해 상대적으로 적었으며, 해당종에 대한 동위효소 유전자좌 및 변이분석 결과가 지금까지 전혀 보고된 바 없어 단정적으로 결론 내릴 수는 없으나, 눈향나무 집단의 제한된 분포 현황 및 집단 크기, 집단 간 지리적 격리 정도에 비해 전반적으로 유전적 다양성이 높고 집단 간 유전적 분화가 크지 않게 나타난 것은 현존하는 집단이 전술한 대로 과거에는 보다 넓고 연속적으로 분포했을 가능성이 높다는 것을 나타낸다고 생각된다. 또한 설악산 집단이 세대를 거듭하며 인위적·환경적 교란으로 인해 집단의 크기가 줄어들고 이로 인한 근친교배 또는 유전적 부동의 효과로 집단의 유전적 구조가 변화한 반면, 상대적으로 대면적에 걸쳐 분포하며 집단을 구성하는 개체수가 많은 한라산 집단은 비교적 안정적인 구조를 유지하여 온 것으로 생각된다.

지금까지의 결과를 종합해 볼 때 우리나라의 고산지대에 국소적으로 생육하고 있는 눈향나무 집단은 희귀 유전자원으로 대부분 소규모이며 개체수가 많지 않고 타수종과의 경쟁으로 인해 위협을 받는 집단이므로 보다 구체적인 유전자원 소실 방지 방안이 시급히 마련되어야 할 것으로 생각된다. 따라서 현지 내 보존을 위해서는 우선 건전한 생육환경 조성 및 유전적으로 다양한 차대림 육성을 목표로 적절한 무육 관리를 시행함으로써, 집단 내 개체 간의 유전적 교류를 비롯하여 실생 차대목의 발아와 성장을 위한 임분 내 채광 조건 및 공간적 조건을 확보하여야 할 것으로 생각된다. 한라산 집단의 경우 집단의 유전적 구조로 볼 때 아직 소실위기가라는 말할 수 없으나 기후 온난화의 영향 등으로 추측되는 조릿대의 신속하고 왕성한 분포고도의 상승으로 인해 눈향나무 집단의 생육이 현저히 저하되고 있는 만큼 이러한 조림적 사업이 속히 수행되어야 할 것이다. 한편, 설악산 집단의 경우 한라산 집단에서는 발견되지 않은 집단 특이적 대립

유전자를 보유하고 있으며, 유전변이 소실의 가능성이 높은 것으로 판명된 만큼 유전자원 보호법으로의 지정을 통한 다양한 현지내 보존대책이 신속히 마련되어야 할 것이며, 이외에도 별도의 보다 적극적인 현지의 보존 방안 마련이 추가로 적용되어야 할 것으로 사료된다. 이를 위해서는 설악산 눈향나무 집단 및 주변에 산재한 개체목들을 대상으로 공간적 유전구조 분석 등을 통해 보다 정밀한 유전적 정보를 얻는 한편, 삼목 등 영양번식을 통한 개체수의 증식과 현지의 보존법의 조성이 필요하다고 생각된다.

적 요

우리나라 고산 지역에 제한적으로 자생하는 희귀 유전자원인 눈향나무(*Juniperus chinensis* var. *sargentii* HENRY)의 설악산 및 한라산 집단을 대상으로 동위효소 분석에 의한 유전적 다양성을 조사하였다. 총 7개 동위효소에서 11개의 재현성 있는 유전자좌가 분석되었으며, 이중 *Mdh-1*, *Mdh-2*, *Mdh-3* 및 *Pgi-1* 유전자좌를 제외한 7개 유전자좌에서 다형성이 관찰되었다. 분석된 두 집단의 유전변이량은 각각 $A=2.2$, $A_e=1.61$, $P_{95}=54.5$, $H_o=0.179$, $H_e=0.287$ (설악산 집단)과 $A=2.1$, $A_e=1.48$, $P_{95}=63.6$, $H_o=0.270$, $H_e=0.250$ (한라산 집단)으로 국내 타 침엽수종으로부터 동위효소 분석을 통해 추정된 유전변이량에 비해 다소 높은 경향을 보였으며, 분석 집단간 유전적 분화 정도는 그리 높지 않은 것으로 나타났다($F_{ST}=0.039$). 설악산 집단의 경우 이형접합도의 관찰치가 기대치에 비해 매우 낮았으며 근교계수 값이 매우 높게 나타나($F=0.376$), 전반적으로 근교배 또는 유전적 부동의 영향을 많이 받고 있는 것으로 추정되었다. 이는 설악산 눈향나무 집단의 분포 면적이나 개체수가 한라산 집단에 비해 매우 적기 때문인 것으로 추정되며, 향후 설악산 집단의 보존을 위한 보다 적극적인 노력이 필요한 것으로 사료된다.

인용문헌

- Chakraborty, R., P.A. Fuerst and M. Nei. 1980. Statistical studies on protein polymorphism in natural populations III. Distribution of allele frequencies and the number of alleles per locus. *Genetics* 94: 1039-1063.
- Conkle, M.T., P.D., Hodgskiss, L.B. Nunally and S.C. Hunter. 1982. Starch gel electrophoresis of pine seed: a laboratory manual. U.S. Forest Service General Technical Report PSW-64.
- Comuet, J.M. and G. Luikart. 1996. Description and power analysis of two tests for detecting recent population bottlenecks from allele frequency data. *Genetics* 144: 2001-2014.
- Gottlieb, L.D., S.I. Warwick and V.S. Ford. 1985. Morphological and electrophoretic divergence between *Layia discodea* and *L. glandulosa*. *Systematical Botany* 10: 484-495.
- Hamrick, J.L., Y.B. Linhart and J.B. Mitton. 1979. Relationships between life history characteristics and electrophoretically detectable genetic variation in plants. *Annual Review of Ecological Systematics* 10: 173-200.
- Hamrick, J.L. and M.J.W. Godt. 1989. Allozyme diversity in plant species. In: A.H.D. Brown, M.T. Clegg, A.L. Kahler and B.S. Weir(eds). *Plant Population Genetics, Breeding and Genetic Resources*. Sinauer Associates, Sunderland, MA, USA. pp.43-63.
- 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.
- Hickey, R.J., M.A. Vincent and S.I. Guttman. 1991. Genetic variation in running buffalo clover *Trifolium soloniferum*, Fabaceae. *Conservation Biology* 5: 309-316.
- Karron, J.D., Y.B. Linhart, C.A. Chaulk and C.A. Robertson. 1988. Genetic structure of populations geographically restricted and widespread species of *Astragalus* (Fabaceae). *American Journal of Botany* 75: 1114-1119.
- Kelley, W.A. and R.P. Adams. 1977. Seasonal variation of isozymes in *Juniperus scopulorum*: systematic significance. *American Journal of Botany* 64: 1092-1096.
- Kelley, W.A. and R.P. Adams. 1978. Analysis of isozyme variation in natural populations of *Juniperus ashei*. *Rhodora* 80: 107-134.
- Kim, Z.S., S.W. Lee and J.O. Hyun. 1993. Allozyme variation in six native oak species in Korea. *Annual Science For.* 50 (suppl1): 253-260.
- Kim, Z.S., C.H. Yi and S.W. Lee. 1994. Genetic variation and sampling strategy for conservation in *Pinus* species pp.294-321. In: *Conservation and Manipulation of Generic Resources in Forestry*. Eds. Z.S. Kim and H.H. Hattemer. Kwang Moon Kag Pub., Seoul.
- Kimura, M. and J.F. Crow. 1964. The number of alleles that can be maintained in a finite populations. *Genetics* 49: 725-738.
- Kwon, H.Y. and Z.S. Kim. 2002. I-SSR Variation within and among Korean Populations in *Taxus cuspidata*. *Journal of Korean Forestry Society* 91(5): 654-660.
- 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.

- Ledig, F.T., V. Jacob-Cervantes, P.D. Hodgskiss and T. Eguiluz-Piedra. 1997. Recent evolution and divergence among populations of a rare Mexican endemic, Chihuahua spruce, following Holocene climatic warming. *Evolution* 51: 1815-1827.
- Lee, S.W., S.C. Kim, W.W. Kim, S.D. Han and K.B. Yim. 1997. Characteristics of leaf morphological, vegetation and genetic variation in the endemic population of a rare tree species, *Koelreuteria paniculata* Laxm. *Journal of Korean Forestry Society* 86: 167-176 (in Korea).
- Lee, S.W., S.C. Kim and H.S. Lee. 1998. Allozyme variation in *Abeliophyllum distichum* Nakai, an endemic tree species of Korea. *Silvae Genetica*. 47: 294-298.
- Lesica, P., R.T. 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.
- Levene, H. 1949. On a matching problem in genetics. *Annual Mathematical Statistics* 20: 91-94.
- Lewis, P.O. and D.J. Crawford 1995. Pleistocene refugium endemics exhibit greater in the genus than widespread congeners in the genus *Polygonella*(Polygonaceae). *American Journal of Botany* 82: 141-149.
- Loveless, M.D. and J.L. Hamrick. 1984. Ecological determinants of genetic structure in plant populations. *Annual Review of Ecological Systematics* 15: 65-95.
- Luikart, G. and J.M. Cornuet. 1997. Empirical evaluation of a test for identifying recently bottlenecked populations from allele frequency data. *Conservation Biology* 12: 228-237.
- Luikart, G., F.W. Allendorf, J.M. Cornuet and W.B. Sherwin. 1998. Distortion of allele frequency distributions provides a test for recent population bottlenecks. *Genetics* 89: 238-247.
- Nei, M. 1978. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics* 89: 583-590.
- Piry, S., G. Luikart and J.M. Cornuet. 1999. BOTTLENECK: a computer program for detecting recent reductions in the effective population size using allele frequency data. *Journal of Heredity* 90: 502-503.
- Ranker, T.A. 1994. Evolution of high genetic variability in the rare Hawaiian fern *Adenophorus periens* and implications for conservation management. *Biological Conservation* 70: 19-24.
- Sokal, R.R. and F.J. Rohlf. 1981. *Biometry*. 2nd ed. WH Freeman. San Francisco. USA. 859p.
- 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.
- Waller, D.M., D.M. O' Malley and S.C. Gawler. 1987. Genetic variation in the extreme endemic *Pedicularis furbishize* (Scrophulariaceae). *Conservation Biology* 1: 335-340.
- Wright, S. 1978. *Evolution and the Genetics of Populations. Variability Within and Among Populations*. University of Chicago Press. Chicago. Illinois. USA.
- 김영수, 장준명, 백선근. 2001. 우리지역에서 자라는 나무(수목도감). 도서출판 고인돌. pp.44.
- 김정석, 김영두, 정우규. 1985. *Juniperus chinensis* 7변종의 세포학적 특성. *한국임학회지* 77: 22-26.
- 산림청. 1997. 희귀 및 멸종위기 식물도감. *생명의 나무*. pp.21.
- 심경구, 서병기. 1995. 한국자생으로서 미국 및 캐나다에서 재배되고 있는 조경수목(교목)에 관한 연구. *한국조경학회지* 22(4): 95-117.
- 이석우, 김찬수, 조경진, 최완용. 1997. 희귀수종 시로미의 유전변이. *한국육종학회지* 29: 376-381.
- 정태현. 1965. *한국동식물도감 식물편(목·초본류)*. 삼화출판사. pp.128-129.
- 최형순, 홍경낙, 정재민, 김원우. 2004. 희귀식물인 눈향나무 (*Juniperus chinensis* var. *sargentii*)의 공간분포에 따른 유전구조 및 유전적 다양성. *한국생태학회지* 27(5): 257-261.
- 홍용표, 권해연, 양병훈, 이석우, 김찬수, 한상돈. 2004. 설악산 격리 잔존 눈잣나무 집단의 유전적 성상. *한국임학회지* 93(5): 393-400.

(접수일 2005. 8. 23 ; 수락일 2006. 1. 16)