

I-SSR 분석에 의한 노각나무 천연집단의 유전변이

양병훈, 한상돈*, 구영본, 박용구¹

국립산림과학원 산림유전자원부, ¹경북대학교 임학과

Genetic Variation in the Natural Populations of Korean *Stewartia* (*Stewartia koreana* Nakai) Based on I-SSR Analysis

Byeung-Hoon Yang, Sang-Don Han*, Yeong-Bon Koo and Yong-Goo Park¹

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

¹Department of Forestry, Kyungpook National University, Daegu 702-701, Korea

Abstract - We investigated the genetic variation in *Stewartia koreana* Nakai by examining 61 I-SSR amplicons in 120 individuals distributed among six natural populations in Korea. The overall percentage of polymorphic I-SSR amplicons was 81.9% and mean number of amplicons per I-SSR primer was 12.2. Levels of genetic diversity within 6 populations were similar each other [Shannon's Index: 0.358~0.467 (mean: 0.407)]. The Mt. Obong population had the highest level of genetic diversity and was most distinctive from the other populations. Most variation existed among individuals within population (88.2%). Genetic differentiation among populations (Φ_{ST}) was 0.118. The UPGMA dendrogram based on the genetic distance failed in showing decisive geographic relationships.

Key words - AMOVA, Genetic variation, Inter-simple sequence repeat (I-SSR), *Stewartia koreana*, UPGMA

서 론

노각나무(*Stewartia koreana* Nakai)는 차나무과에 속하는 낙엽교목으로 우리나라 남부와 평안남도 양덕의 산중턱까지 분포하고 있는 우리나라 특산수종이다. 내한성 및 내음성이 강하여 그늘에서도 잘 자라고 공해에도 잘 견디며 나무껍질은 얇게 벗겨져 홍황색의 얼룩 줄무늬가 아름답다. 꽃은 백색으로 6월말에서 7월말에 걸쳐 지속적으로 개화하여 꽃의 관상가치가 높을 뿐만 아니라 붉은색 계통의 단풍을 10월초에서 10월말까지 20여 일간 감상할 수 있다(심 등, 1989; 고와 전, 2003). 그러나 노각나무 열매의 경우 결실이 좋지 않고 한번 건조된 종자는 발아하는데 2~3년이 걸리며 생육속도가 느리고 번식이 어려워 우리나라에서는 아직 널리 보급되지 않고 있다. 반면에 미국에서는 1917년에 Wilson이 지리산에서 도입한 이후 내한성이 강한 Ballet 4품종을 육종하였으며 현재 미국에 Princeton Nursery 등 11개 종묘회사에서 조경수목으로 재배하여 판매되고 있으며 신품종 육성을 위한

노력이 계속되고 있다(Dirr, 1990; 심, 1991). 그러나 우리나라에서 노각나무에 대한 연구는 심 등(1992, 1993)에 의한 자생지 분포에 대한 연구와 실생 번식 및 녹지삼목에 대한 연구, 최 등(1995)에 의한 미숙배로부터 식물체 재분화에 대한 연구 이외에는 거의 전무한 상태이며, 특히 유전자원보존의 기준을 제시하는 천연 자생지에 대한 분자생물학적 표지자를 이용한 집단유전학적 연구는 수행되지 않고 있는 실정이다.

최근 생물다양성 협약이 발효된 이후로 모든 생물은 유전 자원으로서 인식되고 있는데, 이러한 경향은 임목의 경우도 마찬가지이다. 유전자원의 보존을 위해서는 유전자원 탐색 과정으로서 천연집단의 유전변이에 대한 조사가 필수적인데, 유전변이에 대한 자료를 통해서 차후 유전자원 보전 및 육종계획의 수립이 가능하기 때문이다(National Research Council, 1991). 천연집단의 유전변이 분석은 1970년대 이후에 동위효소 표지자를 사용한 분석이 주류를 이루어 왔으나 최근에는 분자유전학의 발달로 인해 유전물질인 DNA에 대한 직접적인 분석이 가능하게 되었으며, 이들 중 I-SSR(inter-simple sequence repeat) 표지자 분석은 RAPD(random amplified polymorphic DNAs) 표지자에

* 교신저자(E-mail) : sang5503@foa.go.kr

비해 primer 당 많은 다형적 증폭산물을 나타내며(Esselman *et al.*, 1999; Qian *et al.*, 2001), 긴 primer와 높은 재결합온도를 사용하여 재현성이 우수하다는 장점이 있다(Godwin *et al.*, 1997; Wolfe and Liston, 1998). 이러한 장점으로 I-SSR 표지자는 집단 유전변이 분석, 유전자 탐색 등에 널리 쓰이고 있다(Huang and Sun, 2000). 지금까지 우리나라에서 I-SSR 표지자를 이용한 천연집단 유전변이에 관한 연구는 주로 침엽수를 중심으로 많이 이루어져 왔으나(Kwon and Kim, 2000; Hong *et al.*, 2000, 2001), 최근 들어 일부 활엽수를 중심으로 한 연구도 수행되고 있다(홍 등, 2000; Lee *et al.*, 2002).

따라서 본 연구에서는 생물유전자원으로써 이용가치가 높은 노각나무를 대상으로 I-SSR 표지자를 이용하여 유전변이 양상을 파악함으로써 노각나무 자생 집단에 대한 집단유전학적 특성을 구명하여 유전자원 보존은 물론 육종에 필요한 기초 자료를 제공하는데 그 목적이 있으며, 더불어 국내 다른 특산수종들과 유전적 특성을 비교하는데 있어서 중요한 기초 자료로 이용될 것으로 기대된다.

재료 및 방법

시료채취

조사지는 국내 자생하는 노각나무 6개 집단(소백산, 가야산, 지리산, 바랑산, 금산, 오봉산)을 대상으로 2003년 4~5월에 집단 당 20개체에서 유엽을 채취하였으며, 집단내 시료 개체목간의 간격은 최소 30m 이상을 유지하여 혈연적으로 근연관계에 있는 개체가 선발되지 않도록 하였다(Fig. 1, Table 1).

DNA 분리 및 I-SSR PCR

채취한 시료는 멸균수로 표면세척을 한 다음, 곱게 마쇄한 뒤 NucleoSpin® Kit(MACHEREY-NAGEL, Germany)를 이용, total DNA를 추출하였다.

I-SSR PCR은 반응용액 20 μ l당 10ng template DNA, 0.6 μ M I-SSR primer, 0.6 Unit Thermostable DNA polymerase(Advanced Biotechnologies Ltd.), 20mM (NH₄)₂SO₄, 75mM Tris · HCl(pH 8.8), 1.5mM MgCl₂, 100 μ M dNTP, 0.0025% BSA(Bovine Serum Albumine)

Table 1. Site description and number of samples collected.

Population	Latitude	Longitude	Altitude (m)	No. of sample collected
Mt. Sobaek (Gyeongbuk Yeongju-si)	36° 58' N	128° 30' E	450	20
Mt. Gaya (Gyeongnam Hapcheon-gun)	35° 46' N	128° 06' E	260	20
Mt. Chiri (Jeonnam Gurye-gun)	35° 15' N	127° 35' E	380	20
Mt. Barang (Jeonnam Suncheon-si)	35° 03' N	127° 24' E	335	20
Mt. Geum (Gyeongnam Namhae-gun)	34° 45' N	127° 59' E	608	20
Mt. Obong (Jeonnam Wando-gun)	34° 20' N	126° 42' E	330	20

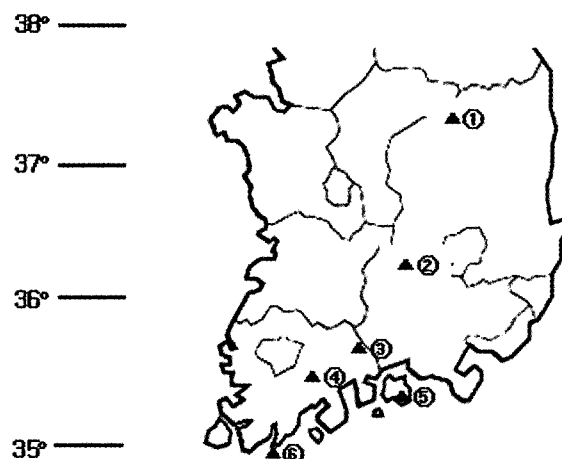


Fig. 1. Location of six natural populations of *Stewartia koreana* in Korea.

- ① Mt. Sobaek, ② Mt. Gaya, ③ Mt. Chiri,
 ④ Mt. Barang, ⑤ Mt. Geum, ⑥ Mt. Obong.

결과 및 고찰

가 포함되도록 하였으며, 분석에 사용된 I-SSR primer는 재현성이 우수하고, 다형성을 보이는 증폭산물이 선명하고 구분이 용이한 5개 [UBC #813(5'-CTCCTCCTCCTCCTCTT-3'), #815(5'-CTCTCTCTCTCTCTCTG-3'), #818(5'-CACACACACACACAG-3'), #820(5'-GTGTGTGTGTGTGTGTC-3'), #823(5'-TCTCTCTCTCTCTCTCC-3')]을 사용하였다. PCR 증폭 반응은 PTC-200 Thermal cycler(MJ Research Inc.)를 이용하여 94°C에서 5분의 전처리 후 94°C(30초), 52°C(30초), 72°C(1분)의 과정을 45회 반복한 뒤 72°C에서 10분간 최종증폭 시켰다. PCR 증폭산물은 0.5 μ M의 Ethidium Bromide가 포함된 1.8% agarose gel에서 전기영동 시킨 후(1 \times TBE, pH 8.0) UV trans-illuminator상에서 촬영한 DNA 밴드사진을 통해 관찰하였으며, 100bp DNA size marker(MBI Fermentas)를 기준으로 특정 bp에서 증폭산물의 유무에 따라 '1' 과 '0' 으로 data를 입력하였다.

자료의 분석

6개 노각나무 집단에 대한 I-SSR 변이체의 다양성을 추정하기 위해 POPGENE 1.31 program(Yeh *et al.*, 1999)을 이용하여 Shannon's information Index(S.I.; Shannon, 1948)를 구하였으며, Arlequin 2.0 program(Schneider *et al.*, 2000)을 이용, Euclidean distance에 의해 계산된 유전적 거리를 기초로 AMOVA 분석을 실시하여 집단간 유전적 분화의 정도를 계산하였다(Excoffier *et al.*, 1992). 분석된 두 집단간의 유전적 거리는 RAPDDIST v1.0(Black, 1996)을 이용하여 Manhattan distance(Wright, 1978)를 계산하였다.

유전적 다양성

노각나무 유전변이 분석에 사용된 5개의 I-SSR primer(#813, 815, 818, 820, 823)에서 총 61개의 증폭산물을 관찰할 수 있었으며, primer 당 평균 12.2개의 다형성 증폭 산물을 얻을 수 있었다(Fig. 2).

다형성 I-SSR 표지자의 비율(P; Percentage of polymorphic loci)은 오봉산집단(88.5%), 금산집단(86.9%), 바랑산집단(83.6%) 그리고 소백산집단(80.3%)이 다소 높았으며, 지리산집단(77.1%)과 가야산집단(75.4%)이 비교적 낮은 값을 보여 전체평균 81.9%로 관찰되었다(Table 2).

5개의 I-SSR primer에서 총 61개의 증폭산물을 토대로 Shannon의 유전 다양성 지수(S.I.; Shannon's information Index)를 계산한 결과 가장 높은 값을 보인 집단은 오봉산집단(0.467)이었으며 가장 낮은 값을 보인 집단은 가야산집단(0.358)이었다. 6개 집단의 평균값은 0.407로 나타났다(Table 2). 지금까지 I-SSR분석을 이용하여 얻어진 다른 임목 수종들과 비교하여보면, 비자나무(S.I.=0.353; Hong *et al.*, 2000), 은행나무(S.I.=0.388; Hong *et al.*, 2001), 팻두릅나무(S.I.=0.269; Lee *et al.*, 2002)보다는 다소 높은 유전다양도를 나타냈으며 구상나무(S.I.=0.492; 강, 2002), 주목(S.I.=0.478; Kwon and Kim, 2002)보다는 낮았다. Lee 등(2002)은 팻두릅나무의 유전다양성이 낮은 이유를 제한된 지역에 분포하고 자생지 내에서 생육적지가 많지 않으며 열매 결실 및 발아율 또한 저조하여 나타난 결과라고 해석하였다. 반면, Kwon 과 Kim(2002)은 주목의 경우 유전다양성이 높은 집단은 오랜 세대동안 많은 개체로 이루어져 있어서 나타난 결과라고 해석하였다. 노각나무 또

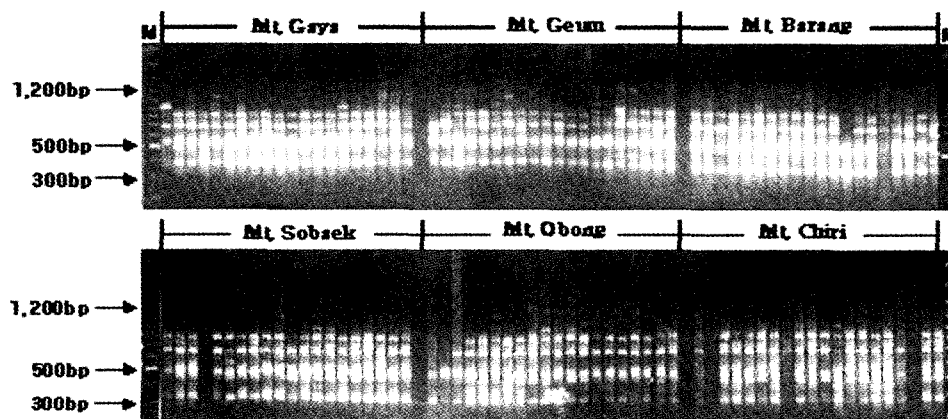


Fig. 2. Example of I-SSR amplicon profiles of *Stewartia koreana*. I-SSR PCR was performed with UBC primer #813 ("M" indicate DNA size marker of 100bp ladder).

Table 2. Estimates of I-SSR amplicon diversity within population.

Population	Individuals	P(%) ¹⁾	S.I. (SD) ²⁾
1. Mt. Sobaek	20	80.3	0.396 (0.251)
2. Mt. Gaya	20	75.4	0.358 (0.264)
3. Mt. Chiri	20	77.1	0.368 (0.253)
4. Mt. Barang	19	83.6	0.425 (0.250)
5. Mt. Geum	20	86.9	0.427 (0.227)
6. Mt. Obong	20	88.5	0.467 (0.222)
Average	19.8	81.97	0.407

¹⁾Percentage of polymorphic loci

²⁾Shannon's information Index(Standard deviation).

한 앞에서 언급했듯이 열매의 결실이 좋지 않고 한번 건조된 종자는 발아하는데 2~3년이 걸리지만 많은 개체로 이루어진 비교적 넓은 집단이라는 점, 내음성이 강하여 그늘에서도 잘 자란다는 점, -27.6℃의 저온에서도 생육이 가능(심 등, 1992)하다는 점을 고려해 볼 때, 천연집단내 초기 유묘 단계에서 성목으로 성장시 생존이 용이하여 적절한 유전다양성을 유지했을 것으로 추정해볼 수 있다.

일반적으로 분포 한계지에 위치하는 집단은 분포 중심지에 있는 집단에 비하여 유전변이가 적고, 빙하기에 피난처였던 집단은 병목현상에 의해 유전변이가 줄어든다고 알려져 있으며, 분포범위가 매우 제한적이거나 멸종위기 식물종들은 유전적부동, 근친교배 등에 의해 일반적으로 그 유전변이가 적다고 알려져 있다(Ledig and Conkle, 1983; Falk and Holsinger, 1991). 노각나무의 경우 유전 다양성을 나타내는 P값과 S.I.가 비교적 남쪽에 분포하는 오봉산집단(P=88.5%, S.I.=0.467), 금산집단(P=86.9%, S.I.=0.427), 바랑산집단(P=83.6%, S.I.=0.425)의 유전 다양성이 비교적 높았으며, 북쪽(내륙)에 분포하는 소백산집단(P=80.3%, S.I.=0.396), 지리산집단(P=77.1%, S.I.=0.368), 가야산집단(P=75.4%, S.I.=0.358)은 낮았다. 이러한 결과로 미루어 볼 때, 노각나무는 역사적으로 남부지방에 분포하는 집단(오봉산, 금산, 바랑산)이 내륙지방에 분포하는 집단(소백산, 지리산, 가야산)에 비해서 보다 오래된 집단인 것으로 생각되며, 빙하기를 겪으면서 남부지방에 피난처로 있다가 내륙지방으로 분화되어졌을 것으로 추정해볼 수 있으나 이에 대한 보다 자세한 고찰을 위해서는 노각나무의 지질시대의 자연 식생사에 대한 보다 정밀한 연구가 요구되며, 교배양식 및

번식특성과 함께 성목 및 차대에 대한 유전구조 비교연구도 아울러 이루어져야할 것으로 생각된다.

집단의 유전구조와 분화

조사된 6개의 집단에 대한 AMOVA를 이용한 분산요소의 비교에서 전체 유전변이 중 11.8%만이 집단간에 기인하는 것으로 나타났고, 나머지 88.2%는 집단내 개체간의 차이에서 기인한 것으로 나타났다(Table 3).

임목집단의 동위효소 분석에서는 집단간 유전변이가 20% 미만이 대부분인 것으로 조사 되었으며(Hamrick *et al.*, 1992), 또한 DNA 표지자를 이용한 우리나라 전나무(Φ_{ST} =0.198; 김과 현, 1999), 비자나무(Φ_{ST} =0.094; Hong *et al.*, 2000), 모감주나무(Φ_{ST} =0.143; Son *et al.*, 2000), 주목(Φ_{ST} =0.102; Kwon and Kim, 2002), 땃두릅나무(Φ_{ST} =0.109; Lee *et al.*, 2002), 굴참나무(Φ_{ST} =0.048; 송 등, 2002), 구상나무(Φ_{ST} =0.058; 강, 2002)를 대상으로 관찰된 집단간 유전적 거리와 비교해볼 때 노각나무집단은 중간 수준의 값을 나타내었다. 강(2002)은 구상나무의 경우 분포 범위가 제한된 아고산지대의 수종이나 유전적으로 안정되고 충분한 크기의 천연집단을 구성하고 있으며, 풍매화하면서 타식을 하기 때문에 집단내 개체간 유전다양성이 높다고 해석하였다. 또한 Kwon과 Kim (2002)은 주목의 경우 바람에 의해 수분이 이루어진다는 점, 높은 생식력, 다양한 임목연령 계층구조 그리고 일부 종자는 새에 의해서 산포(散布)되어 집단간 유전분화가 비교적 낮다고 해석하였다. 반면 Hong 등(2000)은 비자나무 연구에서 집단들의 분포범위가 제주도를 포함한 아열대 지역의 좁은 곳에 집중되어 있어서

Table 3. Analysis of molecular variance for I-SSR amplicon variants.

Source of variance	d.f.	Component variance
Among populations	5	11.8%
Within populations	114	88.2%

집단간 유전적 분화 수준이 낮다고 해석하였다. 노각나무 또한 위에서 언급하였듯이 지리적인 분포범위가 비교적 넓은 점, 연속적으로 출현한다는 점, 충매에 의해 교배가 이루어지는 점으로 미루어볼 때 지역간의 유전자 교류가 원활해서 나타난 결과라고 추정해 볼 수 있다. 식물의 경우 유전변이의 양과 분포는 대상 식물종의 생태적 특성 및 생활사와 깊은 연관이 있는 것으로 보고되고 있다. 즉, 지리적으로 광범위하게 분포하고, 타가수정을 하며 장수하는 식물종, 화분이나 종자의 이동이 장거리에 걸쳐서 이루어지는 식물종의 경우 그렇지 않은 식물에 비해서 집단내 개체간 유전변이량은 많고 집단간 유전적 분화의 정도는 적은 것으로 알려져 있다 (Hamrick *et al.*, 1992; Nybom and Bartish, 2000). 이는 집단간에 유전자 이입(移入)이 원활하게 이루어져 도태나 유전자부동 등에 의해 발생할 수 있는 유전적 분화를 방지하기 때문인 것으로 해석된다(Edwards and Hamrick, 1995).

노각나무의 집단간 유전자 교류의 정도(Nm)는 1.82로 (Table 4) 다른 충매 및 풍매 수종과 비교했을 경우 다소 낮은 값을 보였다(Govindaraju, 1988). Nm 값이 1이상이면

유전적 부동에 의해 집단간의 분화를 방지할 수 있는 값으로 집단간 유전적 교류가 원활하게 이루어지고 있음을 의미한다 (Slatkin, 1985, 1987). 노각나무의 지리적 분포와 교배양식을 생각해볼 때 유전자 교류가 원활하게 이루어짐을 추정해 볼 수 있다.

유전적 거리를 이용하여 UPGMA(Sneath and Sokal, 1973)법에 의한 유집분석을 실시한 결과 Fig. 3과 같이 크게 두 그룹 분리되었는데, 전남의 지리산집단, 경남의 가야산집단과 금산집단이 하나의 그룹으로 그리고 나머지 소백산집단, 바랑산집단 및 오봉산집단이 다른 그룹을 형성하였다. 일부집단은 지리적인 분포와는 다른 형태로 유집되었는데, 이러한 결과에 대한 보다 명확한 답을 얻기 위해서는 자연도태와 격리 등과 관련하여 유전적·생태적 특성을 구명하기 위한 보다 정밀한 연구가 요구된다.

유전자원 보존전략

최근 희귀·멸종위기 생물종 및 특산종을 중심으로 유용형질에 대한 선발육종과 현지내·외 유전자원 보존에 대한 중요성이 점차 증가되고 있는 추세이다(IUCN, 2001). 특히

Table 4. Nei's analysis of gene diversity in subdivided populations.

$H_T^{1)}$	$H_S^{2)}$	$G_{ST}^{3)}$	$Nm^{4)}$
0.3055	0.2687	0.1205	1.82

¹⁾Total genetic diversity of the species

²⁾Mean within-population genetic diversity

³⁾The proportion of the total genetic diversity found among populations

⁴⁾Estimate of gene flow from G_{ST} , $Nm = 0.25(1-G_{ST})/G_{ST}$ (Slatkin and Barton, 1989).

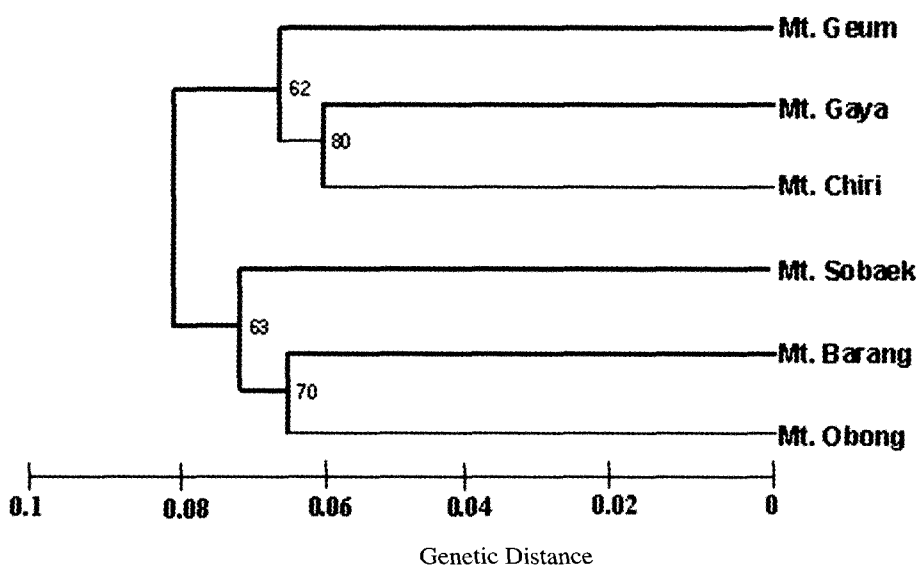


Fig. 3. Dendrogram of *Stewartia koreana* population produced by UPGMA cluster analysis based on 5 I-SSR markers.

노각나무의 경우 세계적으로 한국에서만 자라는 특산수종으로 신품종 육성 등을 위한 산림유전자원으로서의 보존가치가 높다고 할 수 있다.

임목의 유전 다양성 보존을 위해서 우선적으로 고려해야 할 인자는 분석된 임목 수종의 전체 유전변이 중에서 집단간이 차지하는 비율이다(Hamrick *et al.*, 1991). 유전분화가 많이 진행된 수종의 경우 유전 다양성을 보존하기 위한 수단으로 가능하다면 모든 집단을 보존하는 것이 필요하며 유전분화가 크지 않은 수종일 경우 집단내 변이가 다양하고 집단의 규모가 크며 차대 생산이 비교적 용이한 집단을 보존하는 것이 좋다(장 등, 1999). 노각나무는 다른 수종들과 비교해 볼 때, 유전분화는 크지 않지만 장기적인 환경변화에 대처하기 위한 방법으로 집단내 변이가 다양하고 차대의 생산이 용이한 몇몇 집단(금산, 바랑산, 오봉산)을 선정하여 현지내 보존을 실시하는 것이 좋을 것이다. 또한 노각나무가 우리나라 특산수종이라는 사실을 고려해볼 때 산불이나 병해충과 같은 대규모 자연재해로부터 안전한 현지의 보존을 통한 유전자원보존 전략이 수행되어야 할 것이다. 현지의 유전자원보존을 위해서 노각나무 집단의 생태학적, 유전학적 특성을 고려한 합리적인 표본 추출 전략에 대한 연구가 선행되어져야 할 것이다.

적 요

본 연구는 우리나라 특산수종이며 조경 및 원예적 가치가 높은 노각나무 유전변이를 조사하기 위해 6개 천연집단을 선발하여 DNA I-SSR 표지자를 사용, 유전다양성 및 유전구조를 조사하였다. 5개의 I-SSR primer(#813, 815, 818, 820, 823)에서 총 61개의 증폭산물을 관찰할 수 있었으며, 유전 다양성을 나타내는 P (Percentage of polymorphic loci)값과 S.I.(Shannon's information Index)가 남쪽에 분포하는 오봉산($P=88.5\%$, S.I.=0.467), 금산($P=86.9\%$, S.I.=0.427), 바랑산($P=83.6\%$, S.I.=0.425)집단이 높았으며, 북쪽(내륙)에 분포하는 소백산($P=80.3\%$, S.I.=0.396), 지리산($P=77.1\%$, S.I.=0.368), 가야산($P=75.4\%$, S.I.=0.358)집단은 낮았다. 전체 유전변이 중 11.8%만이 집단간에 기인하는 것으로 나타났고, 나머지 88.2%는 집단내 개체간의 차이에서 기인하였다. 유전거리를 이용하여 UPGMA법에 의한 유집분석을 실시한 결과 지리적 분포에 대한 뚜렷한 경향은 나타나지 않았다.

인용문헌

Black, W.C., IV. 1996. RAPDDIST 1.0. Department of Microbiology, Colorado State University, Fort Collins, Co. USA.

Dirr, M.A. 1990. Manual of woody landscape plants. 4th. ed. pp.1007. Stipes Publishing Company Illinois.

Edwards, M.A. and J.L. Hamrick. 1995. Genetic variation in shortleaf pine, *Pinus echinata* Mill (Pinaceae). Forest Genetics 2: 21-28.

Esselman, E.J., L. Jinanqiang, D.J. Crawford, J.L. Wingduss, and A.D. Wolfe. 1999. Clonal diversity in the rare *Calamagrostis porteri* ssp. *insperata* (Poaceae): comparative results for allozymes and random amplified polymorphic DNA (RAPD) and inter-simple sequence repeat (ISSR) markers. Molecular Ecology 8: 443-451.

Excoffier, L., P. Smouse and J. Quattro. 1992. Analysis of molecular variance inferred from metric distance among DNA haplotypes: Application to human mitochondrial DNA restriction data. Genetics 131: 479-491.

Falk, D.A., K (eds). Holsinger. 1991. Genetics and conservation of rare plants. Oxford University Press, New York pp. 388.

Godwin, I.D., E.A.B. Aitken and L.W. Smith. 1997. Application of inter simple sequence repeat (ISSR) makers. to plant genetics. Electrophoresis 18: 1542-1528.

Govindaraju, D.R. 1988. Relationship between dispersal ability and levels of gene flow in plants. Oikos 52: 31-35.

Hamrick J.L., M.J.W. Godt, D.A. Murraswski and M.D. Loveless. 1991. Correlation between species traits and allozyme diversity: Implication for conservation biology. pp. 75-86. in D.A. Falk and K.F. Holsinger (eds.). Genetics and conservation of rare plants. Oxford University press. Oxford, England.

Hamrick J.L., M.J.W. Godt and S.L. Sherman Broyles. 1992. Factors influencing levels of genetic diversity in woody plant species. pp. 95-124. In: Population Genetics of Forest Trees. Ed by W. Adams et al. Kluwer Academic Publishers Inc., Netherlands.

Hong, Y.P., K.J. Cho, Y.Y. Kim, E.M. Shin and S.K. Pyo. 2000. Diversity of I-SSR variants in the populations of *Torreya nucifera*. Journal of Korean Forestry Society 89: 167-172.

Hong, Y.P., K.J. Cho, K.N. Hong and E.M. Shin. 2000. Diversity of I-SSR variants in *Ginkgo biloba* L. planted in 6 regions of Korea. Jour. Korean For. Soc. 90: 169-175.

Hong, Y.P., M.J. Kim and K.N. Hong. 2003. Generic diversity in natural populations of two geographic isolates of Korean black raspberry. The Journal of Horticultural Science & Biotechnology 78: 350-354.

Huang, J.C. and M. Sun, 2000. Genetic diversity and relationships of sweet potato and its wild relatives in *Ipomoea* series *Batatas* (Convolvulaceae) as revealed by inter-simple sequence repeat (ISSR) and restriction analysis of chloroplast DNA. Theor. Appl.

- Genet. 100: 1050-1060.
- IUCN. 2001. The IUCN Red List Catagoris (Version 3.1). IUCN Species Survival Commission. Gland. Switzerland.
- Kwon, H.Y. and Z.S. Kim. 2002. I-SSR Variation within and among Korean populations in *Taxus cuspidata*. Jour. Korean For. Soc. 91: 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.
- Lee. S.W., Y.M. Kim, W.W. Kim and J.M. Chung. 2002. Genetic variation of I-SSR markers in the natural populations of a rare and endangered tree species. *Oplopanax elatus* in Korea. Jour. Korean For. Soc. 91: 565-573.
- National Research Council. 1991. Managing Global Genetic Resources. National Academy Press, Washinton. D.C. pp. 228.
- Nybom, H. and I.V. Bartish. 2000. Effects of life history traits and sampling strategies on genetic diversity estimates obtained with RAPD markers in plants. Perspectives in Plant Ecology, Evolution and Systematics 3: 93-114.
- Qian, W., S. Ge and D.Y. Hong. 2001. Genetic variation within and among populations of a wild rice *Oryza granulata* from China detected by RAPD and ISSR markers. Theor. Appl. Genet. 102: 440-449.
- Schneider, S., D. Roessli and L. Excoffier. 2000. Arlequin V2.0. A software for population genetics data analysis. Dept. of Anthropology and Ecology, University of Geneva, Geneva, Switzerland.
- Shannon, C.E. 1948. A mathematical theory of communication. Bell System Tech. J. 27: 379-423.
- Slatkin, M. 1985. Gene flow in natural populations. Ann. Rev. Ecol. Syst. 16: 393-430.
- Slatkin, M. 1987. Gene flow and the geographic structure of natural populations. Science 236: 787-792.
- Slatkin, M. and N.H. Barton, 1989. A comparison of three-indirect methods for estimation average levels of gene flow. Evolution 43: 1349-1368.
- Sneath, P.H.A. and R.R. Sokal. 1973. Numerical Taxonomy, Freeman, San Francisco, CA. pp. 573.
- Son, S.G., Y.P. Hong, J.J. Lee, K.O. Byun and E.M. Shin. 2000. Survey the natural growth populations including Woraksan group of *Koelreuteria paniculata* Laxm. FRI Journal of Forest Science 63: 14-23.
- Wolfe, A.D. and A. Liston. 1998. Contributions of PCR-based methods to plant systematics and evolutionary biology. In: Soltis, D.E., P.S. Soltis, J.J. Doyle (Ed), Molecular systematics of plant. II .DNA sequencing. Chapman and Hall, New York. pp. 432-486.
- Wright, S. 1978. Evolution and genetics of populations. Vol. 4. Variability within and among natural population. University of Chicago Press, Chicago, USA.
- Yeh, F.C., R.C. Yang and T. Boyle. 1999. POPGENE Vo1.31. Microsoft window-based freeware for population genetic analysis. Dept. of Renewable Resources. Univ. of Chicago Press, Chicago, USA.
- 강범용. 2002. 구상나무 천연집단의 공간적 유전구조와 교배양식 및 유전자원 보전전략. 농학박사학위논문. 서울대학교 대학원 pp. 80-91.
- 고경식, 전의식. 2003. 한국의 야생식물. 일진사 pp. 430
- 김인식, 현정오. 1999. RAPD 분석에 의한 전나무 천연집단의 유전변이. 한국임학회지 88: 408-418.
- 송정호, 김남수, 이용섭, 김영중, 송재모, 이재선. 2002. RAPD 분석에 의한 굴참나무 집단의 유전변이 연구. 한국유전학회지 24: 189-195.
- 심경구, 이경재, 최상태, 최만봉, 심상렬, 김용식, 최상범, 진희성, 조영환, 김영빈, 남정철, 심우경. 1989. 조경수목학. 문운당. 한국조경학회지 pp. 386.
- 심경구. 1991. 한국자생으로서 미국에서 재배되고 있는 조경수목(교목)에 관한연구. 한국원예학회지 9: 160-161.
- 심경구, 서병기, 이규완, 조남훈, 심상철. 1992. 한국자생 노각나무에 관한 연구: I. 노각나무 소백산 자생지 분포. 한국원예학회지 33: 413-424.
- 심경구, 서병기, 조남훈, 김건호, 심상철. 1993. 한국자생 노각나무에 관한 연구: II. 노각나무의 실생번식 및 녹지삽목. 한국원예학회지 34: 160-166.
- 장진성, 강우창, 김용식. 1999. 우리나라 미선나무의 유전 다양성과 이의 보전방안. 한국식물전문가그룹 뉴스레터 6: 3-11.
- 최은경, 박학봉, 김광수, 이용기. 1995. 노각나무(*Stewartia koreana* Nakai)의 미숙배로부터 체세포배발생에 의한 식물체 재분화. 식물조직배양학회지 22: 77-81.
- 홍경낙, 조경진, 박유현, 허성두, 홍용표, 강범용. 2000. 국내 가시오갈피 군락의 유전변이 분석. 한국임학회지 89: 645-654.

(접수일 2005.9.30; 수락일 2006.2.2)