

줄댕강나무 (*Abelia tyaihyoni*) 집단의 유전다양성 및 공간구조

정지희¹ · 김규식² · 이철호² · 김진수^{1*}

¹고려대학교 생명과학대학 생명공학부, ²국립수목원 산림자원보존과

Genetic Diversity and Spatial Structure in Populations of *Abelia tyaihyoni*

Ji-Hee Jeong¹, Kyu-Sick Kim², Cheul-Ho Lee² and Zin-Suh Kim^{1*}

¹Division of Biotechnology, College of Life Sciences and Biotechnology, Korea University, Seoul 136-701, Korea

²Division of Forest Resources Conservation, Korea National Arboretum, Pocheon-si, Gyeonggi-do 487-821, Korea

요약: I-SSR 표지자를 이용하여 영월지역의 줄댕강나무 2개 집단의 유전적 다양성과 공간구조가 조사되었다. 줄댕강나무는 분포가 제한되어있고 집단크기가 작음에도 불구하고 개체 수준에서 추정된 유전변이는 다른 관목류와 유사한 수준으로 판단되었다($S.I.=0.336$, $h=0.217$). Genet 수준에서 조사된 유전다양성 역시 개체 수준의 값과 큰 차이가 없었다($S.I.=0.339$, $h=0.219$). 전체 유전변이의 약 18.7%가 집단 간 차이로 나타나, 다른 관목류에 비해 다소 높거나 비슷한 수준이었다. N_G/N 값과 Simpson's index로 추정된 유전자형 다양성 역시 다른 관목류에 비해 높았다($N_G/N=0.729$, $D_G=0.988$). 한 genet의 최대직경은 5.5 m로 비교적 작게 나타났다. 높은 수준의 유전자 및 유전자형 다양성과 genet의 작은 직경 크기는, 무성번식이 줄댕강나무 집단의 유전적 구성에 차지하는 비중이 그렇게 크지 않음을 보여주었다. 개체 및 genet 수준에서 큰 차이 없이, 약 12-18 m 거리 내에 분포하는 개체 간에 자기상관성이 인정되었다. 줄댕강나무 집단의 현지의 보전을 위한 표본 추출 시, 연속 분포하는 집단에서는 최소 18 m 이상의 간격을 두는 것이 좋고, 소규모 단편으로 분리되어 분포하는 경우 최대한 많은 단편으로부터 표본을 채취하는 것이 효율적일 것으로 판단되었다.

Abstract: The genetic diversity and the spatial structure in two populations of *Abelia tyaihyoni* in Yeongwol region were studied by employing I-SSR markers. In spite of the limited distribution and small population sizes of *Abelia tyaihyoni*, the amount of genetic diversity estimated at the individual level was comparable to other shrub species ($S.I.=0.336$, $h=0.217$). Genetic diversity at the genet level was very similar to that at individual level. ($S.I.=0.339$, $h=0.219$). About 18.7 percent of total variation was allocated between two populations, which was slightly higher or similar level as compared with other shrub species. Genotypic diversity estimated by the ratio of the number of genets (N_G) over the total number of individuals (N) and a modified Simpson's index (D_G) were also higher than those of other shrubs. The maximum diameter of a genet did not exceed 5.5 m. The high level of gene and genotypic diversity, and the relatively limited maximum diameter of a genet suggested that the clonal propagation is not the most dominant factor in determining the population structure of *Abelia tyaihyoni*. Spatial autocorrelation analysis revealed significant spatial genetic structure within 12 m and 18 m distances in two populations A and B, respectively. Autocorrelations among individuals at the both individual and genet levels in each population didn't show any considerable differences. As a sampling strategy for ex-situ conservation of populations showing continuous distribution, a minimum distance of 18 m between individuals was recommended. For the populations with many segments, it was considered very crucial to sample materials from as many segments as possible.

Key words : *Abelia tyaihyoni*, I-SSR marker, spatial genetic structure, genetic diversity, genotypic diversity

*Corresponding author
E-mail: zskim@korea.ac.kr

서론

희귀식물의 보전 대책을 수립하는 데 있어 유전다양성이나 공간구조 등의 특성이 중요하게 대두되고 있다. 특히 보존지역의 크기와 수를 결정하려면 해당 종의 공간구조를 파악하는 일이 중요하다(Diniz-Filho and Telles, 2002; Escudero *et al.*, 2003). 줄댕강나무(*Abelia tyaihyoni* Chung ex Nakai)처럼 유성번식과 무성번식이 함께 일어나는 경우, 무성번식의 종류와 강도가 집단의 유전적 공간구조에 큰 영향을 미친다. 예를 들어 무성번식이 빈번하면 눈으로 식별되는 개체 수(ramets)와 유전적으로 구별되는 개체 수(genets)는 크게 차이가 난다. 극단적으로 하나 또는 단 몇 개의 genet이 집단을 형성하면, 개체수가 많아도 유전다양성이 매우 부족할 뿐만 아니라 종자번식이 이루어지더라도 근친교배의 영향으로 절멸의 위험에 처할 수 있다(Swensen *et al.*, 1995; Sydes and Peakall, 1998).

줄댕강나무(*Abelia tyaihyoni*)는 인동과에 속하는 낙엽 관목으로, 북한과 우리나라 강원도 및 충청북도 일부지역의 석회암지대에 자생하는 특산 식물이다(오병운 등, 2005). 5월 중순경에 흰색에서 연분홍색의 꽃이 피는데 향기가 매우 강하며 열매는 9월경에 성숙한다. 충북 단양 매포리에 자생하는 것으로 처음 보고되었지만, 지금은 강원도 평창, 영월 등지에서도 줄댕강나무가 발견되고 있다(국립수목원, 2006). 그러나 분포면적 자체가 제한되어 있고, 양지 바른 곳을 좋아하는 생태적 특성상 숲 가장자리로 밀려나 소규모로 분포한다. 그나마도 자생지 훼손, 불법 채취 등이 빈번하여 앞으로 적절한 보전 대책이 요구된다. 줄댕강나무에 대한 분포 범위 및 특성에 관한 기초연구나 유전다양성의 정도나 공간분포에 대한 연구는 매우 빈약하다(백원기와 이우철, 1989; 김태진 등, 2001).

동위효소 표지자는 그 동안 집단 분석에 널리 이용되어 왔지만, 조사할 수 있는 유전자좌의 수가 제한되고, 종에 따라서는 변이가 있는 유전자좌를 충분히 얻기가 쉽지 않다. 그러나 DNA 표지자를 이용하면 더 많은 유전자에서의 변이를 추정할 수 있기 때문에, 무성번식이나 자가수정에 의해 유전다양성이 낮은 집단이나 개체를 식별할 수 있는 가능성이 더욱 커지는 장점이 있다(Bachmann, 1994). 이러한 DNA 표지자의 장점은 다수의 비교 연구를 통해 입증되었으며, 충분한 유전자좌를 조사하는 경우 공유성 뿐만 아니라 우성 DNA 표지자도 집단이나 개체를 식별하는데 유용하게 활용될 수 있음을 보여주고 있다(Sydes and Peakall, 1998; Kjø lner *et al.*, 2004).

본 연구는 RAPD 표지자에 비해 재현성이 높은 ISSR

표지자를 사용하여, 강원도 영월지역에 소집단으로 산재되어 분포하는 줄댕강나무 집단의 유전적 다양성과 분화 정도를 추정하고, 유전적 공간 구조를 구명하기 위해 수행되었다.

재료 및 방법

1. 조사지 개황

조사대상지는 강원도 영월군 서면과 남면에 위치하는 두 집단으로, 집단 간 거리는 약 10 km였다. 공간구조와 유전적 다양성의 분포 및 분화 정도를 보다 구체적으로 구명하기 위하여 해당 집단을 분포 특성에 따라 몇 개의 소집단으로 구분하였다. 공간구조 분석을 위해 각 소집단 내의 모든 개체의 위치를 확인하였다. 영월군 서면의 집단 A(N37° 9' 45", E128° 20' 39")는 약 0.5 ha 정도의 낮고 양지바른 구릉지로, 줄댕강나무는 두 곳에 군상으로 분포하며 갈기조팝나무, 분꽃나무 등의 관목류와 혼생하고 있었다. 산길에 의해 분리되어 큰 무리를 이루고 있는 두 곳(A1, A2)에 총 50개체가 서식하고 있었다(Figure 1). 영월군 남면의 집단 B(N37° 11' 58", E124° 24' 41")에서는 줄댕강나무가 산길을 따라 좁고 길게 분포하며, 숲 가장자리인 초입은 밀도가 매우 높으나, 올라갈수록 다른 관목류와 혼생하여 밀도가 낮았다. 폭 10-15 m, 길이 약 160 m 전 구간을 따라 분포의 크기, 밀도 등을 고려하여 세 곳(B1-B3)으로 구분하였는데, 총 96개체가 확인되었다(Figure 2). 유전다양성조사를 위해 두 집단에서 총 146개체의 잎 시료를 채취하였다.

2. I-SSR 분석

다소 변형된 CTAB(Cetyltrimethyl ammonium bromide)

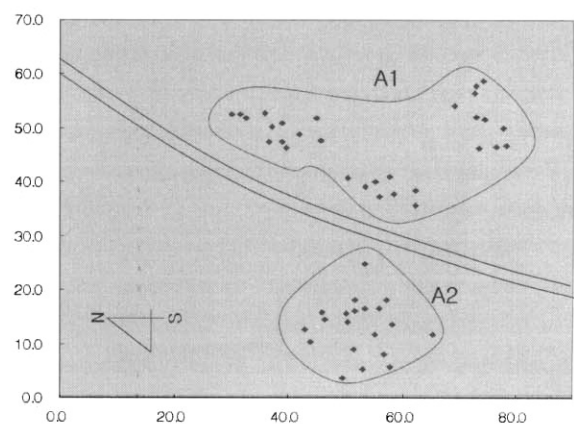


Figure 1. Distribution of individuals in population A. Two subpopulations on both sides of the path are indicated by A1 and A2.

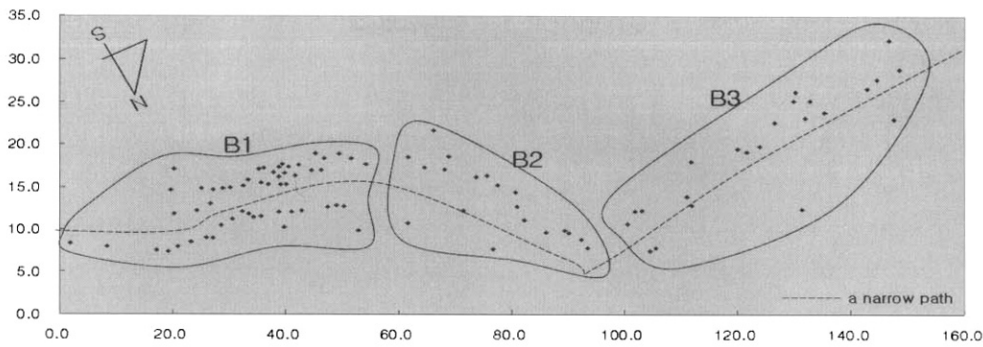


Figure 2. Distribution of individuals in population B. Three subpopulations are indicated by B1, B2 and B3.

추출 방법을 이용하여 각 개체의 잎 조직으로부터 total DNA를 추출하였다(Doyle and Doyle, 1992). UBC (University of British Columbia)와 Wolfe Lab(Department of Evolution, The Ohio State University)에서 제작된 I-SSR primer 50개로 예비실험을 하였으며, 변이가 풍부하고 재현성이 높은 7개의 I-SSR primer를 선정하였다; #815 (CTC TCT CTC TCT CTC TG), #818(CAC ACA CAC ACA CAC AG), #825(ACA CAC ACA CAC ACA CT), #841(GAG AGA GAG AGA GAG AYC), #845(CTC TCT CTC TCT CTC TRG), #902(GTG TGT GTG TGT AY), #CHRIS (CAC ACA CAC ACA CAY G).

PCR 반응액은 최종 20 μ L에 10 ng DNA, 1 \times PCR reaction buffer, 2.5 mM MgCl₂, 0.2 mM dNTPs, 0.0025% BSA, 0.6 unit Taq DNA polymerase, 그리고 0.4 μ M의 I-SSR primer의 농도로 사용되었다. PCR 사이클은 먼저 1분 30초간 94°C에서 pre-denaturation 단계를 거친 후, 94°C/40초, 52-56°C/45초, 72°C/1분30초의 3단계 사이클을 35회 반복하였고, 마지막으로 72°C에서 5분간 처리하여 증폭을 완료 시켰다.

증폭산물을 pH8.0 1 \times TBE buffer를 사용하여 1.5% agarose gel(w/v)에서 2시간 30분 동안 전기영동 하였다. 젤을 ethidium bromide로 정색하여 UV trans-illuminator 상에서 사진을 찍고 밴드의 존재 유무를 판정하여 이를 각각 '1'과 '0'으로 표시하여 data matrix를 작성하였다.

3. 자료분석

우성 표지자의 특성상 젤의 일정한 위치에 밴드의 유와 무의 두 가지로 나타나는 I-SSR의 증폭산물을 특정 유전자의 산물로 간주하여 유전분석을 시행하였다.

유전다양성을 추정하기 위하여 POPGENE 1.31 프로그램(Yeh et al., 1999)을 이용하여 99% 수준에서 다형적 유전자의 비율(P), Shannon's index(S.I.; 1949), 그리고 Nei의 유전자 다양성(h; 1973)을 구했다. 계층적 AMOVA (Analysis of Molecular Variance; Excoffier et al., 1992) 분석에 의해 유전변이의 집단 간 집단 내 소그룹 간 유전

적 차이 정도를 추정했으며, Arlequin v3.01(Excoffier et al., 2006)을 사용했다.

조사된 모든 위치에서의 증폭산물 표현형이 일치하는 개체들을 해당 유전자에서의 유전자형이 동일한 것으로 간주하여 무성번식에 의한 ramet으로 처리하였다. 줄대강나무의 무성번식이 각 집단의 유전다양성과 소집단 간 분화 정도에 미치는 영향을 알아보기 위해, 전 조사개체 수를 대상으로 하는 개체 수준과, 동일 ramet를 제외한 genet 수준에서 각각 Shannon's index, Nei의 유전자 다양성 등을 포함하는 다양성 분석과, AMOVA 분석을 실시하였다.

유전자형 다양성을 추정하기 위하여 N_G/N 과 D_G 두 가지 통계량을 계산하였다. 먼저 N_G/N 값은 관찰된 genet의 수 (N_G)를 전체 개체수 (N)로 나눈 비율로 계산하였다. 그리고 D_G 값은 유전자형 다양성과 균등도를 나타내는 통계량으로, 제한된 표본크기를 고려해 변형된 Simpson's index (Pielou, 1969)를 이용하여 구했으며 식은 다음과 같다.

$$D_G = 1 - \sum_i \frac{n_i(n_i - 1)}{N(N - 1)}$$

n_i : i 번째 유전자형을 가지는 개체 수

N : 전체 조사된 개체 수

D_G 값은 한 집단을 구성하는 모든 개체가 유전자형이 동일한 하나의 genet으로 구성 되었을 때 0의 값을, 구성하는 모든 개체가 고유 유전자형을 가져서 개체수와 유전자형 수가 일치할 때 1의 값을 가진다. 또한 D_G 값은 개체수에 대한 genet의 비율(N_G/N)이 같더라도, 각 genet에 해당하는 개체수가 균등하게 분포할수록 높은 값을, 특정 유전자형에 집중되어 분포할수록 낮은 값을 나타낸다.

유전적 공간구조를 위해서 SGS v1.0 프로그램을 사용하였다(Degen et al., 2001). 우선 개체의 유전적 공간구조는 집단내 개체 분포의 특성과도 밀접하게 관련이 있으므로, 각 집단에서 군집되어 있는 정도를 알아보기 위하여 Clark and Evans(1954)의 군집지수(aggregation index, R)를 구했다. 군집지수는 집중분포 할 때 1 보다 작은 값을,

Table 1. Genetic diversity in two populations of *Abelia tyaihyoni*.

Population	P	Individual level			Genet level			Genotypic diversity	
		N	h	S.I.	N _G	h	S.I.	N _G /N	D _G
A (Total)	67.92	50	0.197	0.302	38(8)	0.196	0.300	0.760	0.985
A1	58.49	29	0.190	0.286	21(4)	0.185	0.282	0.724	0.966
A2	50.94	21	0.172	0.260	17(4)	0.170	0.257	0.810	0.981
B (Total)	86.79	96	0.236	0.369	67(19)	0.242	0.377	0.698	0.991
B1	81.13	54	0.209	0.332	31(14)	0.221	0.348	0.574	0.976
B2	73.58	19	0.220	0.339	18(1)	0.221	0.340	0.947	0.994
B3	73.58	23	0.229	0.353	18(4)	0.232	0.358	0.783	0.976
Mean (A, B)	77.36	73.0	0.217	0.336	52.5	0.219	0.339	0.729	0.988
Overall	88.68	146	0.254	0.392	105(27)	0.254	0.392	0.719	0.994

P: percentage of polymorphic loci, N: number of individuals, N_G: number of genets (with 2 or more ramets), S.I.: Shannon's index, h: Nei's gene diversity, N_G/N: the ratio of genets over the number of ramets, D_G: Simpson's index corrected for finite sample size.

임의분포 할 때 1에 가까운 값을, 그리고 규칙적인 분포일 때 1보다 큰 값을 얻는다. 한편 유전적 공간구조를 알아보기 위하여, Tanimoto distance를 이용하여 Distogram을 산출했는데, 계산식은 다음과 같다(Degen, 2000).

$$D_{ij} = 1 - \frac{v_{ij}}{v_{ij} + y_i + y_j}$$

D_{ij}: 개체와 j개체간의 Tanimoto distance

v_{ij}: 개체와 j개체에 공통으로 나타난 밴드의 수

y_i: 개체는 가지고 있지만 j개체에는 나타나지 않은 밴드의 수

y_j: 개체는 가지고 있지만 i개체에는 나타나지 않은 밴드의 수

보다 정밀한 분석을 위해 Distogram에서의 거리등급(distance class)은 가능한 좁게 설정하였으며, 각 거리등급에 속하는 개체 쌍(pair)의 수가 최소 30을 넘도록 하였다(Degen, 2000). 따라서 개체수가 적고 군집도가 강한 집단 A에서는 4 m 간격, 14개 거리등급으로 나뉘 계산했으며, 보다 개체수가 많고 연속적 분포를 보이는 집단 B는 2 m 간격으로 20개 거리등급으로 나뉘었다. 각 거리등급에서 1000회의 permutation분석에 의해 95% 신뢰구간을 산출하여 자기상관성의 유의성 여부를 검정하였다(Degen, 2000).

무성번식이 유전적 공간구조에 미치는 영향을 알아보기 위해 유전적으로 동일한 ramet를 제외한 genet 수준에서의 공간구조도 같은 방법으로 조사하였다. 반덩굴성 관목인 줄대강나무는 외형적 특성만으로 모수를 추정 하는 것이 곤란하여, 2개 이상의 ramet으로 구성된 genet의 위치는 그 중간점을 선택 하였다.

결 과

1. 유전다양성과 분화

7개 I-SSR primer를 이용하여 관찰된 증폭산물 중에서

식별이 뚜렷한 53개를 분석 대상으로 하였다. 이 중 47개 증폭산물은 적어도 한 집단 이상에서 변이가 발견되어 다형적 유전자로 간주되었으며, 나머지 6개 증폭산물은 조사된 전 개체에서 모두 관찰되어 변이가 없는 유전자로 해석되었다.

다형적 유전자의 비율은 집단 A에서 67.9%, 집단 B에서 86.8%이었으며 평균은 77.4%였다(Table 1). Nei의 유전자 다양성과 Shannon index의 값은 각각 집단 A에서 0.197과 0.302, 집단 B에서 0.236과 0.369로 나타났다. Genet 수준에서의 다양성은 개체 수준에서의 값과 큰 차이가 없었는데, Shannon index의 경우 집단 A에서는 0.300, 집단 B에서는 0.377이었다. 두 집단의 평균값 역시 0.339로, 개체 수준에서의 값 0.336과 거의 같았다. 두 집단 내 소집단에 따라서는 약간의 다양성 차이가 관찰되었는데, 소집단 A2와 B1에서의 Nei의 유전자 다양성 값과 Shannon index의 값이 각각 0.172, 0.260과 0.209, 0.332로 다소 낮았다. AMOVA 분석 결과 전체 변이의 18.85%가 두 집단 간 차이에 기인하며, 8.54%가 집단 내 소집단간 차이에 기인하는 것으로 나타났다(Table 2). 한편 genet 수준에서 분석을 했을 때, 집단 간 차이는 18.70%로 개체 수준에 비해 별 차이가 없었으나, 집단 내 소집단간 차이는 6.16%로 다소 낮아졌다.

2. 유전자형 다양성

조사된 전체 146개체 중에서 유전자형이 서로 다른 105개의 genet가 식별되었다(Table 1). 78개 개체는 단일 유전자형을 지닌 genet였으며, 나머지 68개 개체는 둘 또는 그 이상의 동일한 유전자형을 지닌 27개 genet의 ramet으로 나타났다. 전 개체(ramet)수에 대한 genet수의 비율(N_G/N)로 표현된 유전자형 다양성은 집단 A에서 0.760으로 집단 B의 0.698보다 다소 높게 나타났다. 유

Table 2. Hierarchical AMOVA of genetic diversity in two populations of *Abelia tyaihyoni*.

Level	Individual level		Genet level	
	Variance components	Percentage of variation	Variance components	Percentage of variation
Among populations	1.456	18.85	1.436	18.70
Among subpopulations within populations	0.660	8.54	0.473	6.16
Within subpopulations	5.610	72.61	5.771	75.13
Total	7.726		7.681	

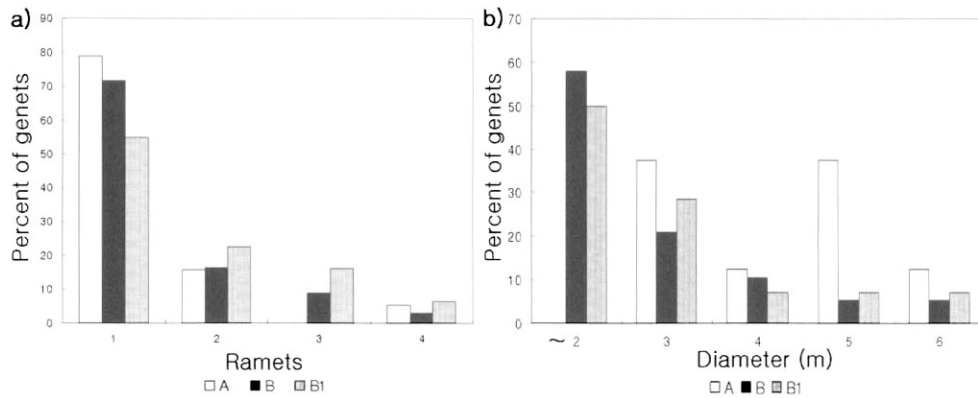


Figure 3. Distribution of the number of ramets (a) and the diameter (b) per genet in two populations of A and B, and subpopulation B1.

전자형 다형성은 소집단에 따라서도 차이를 보였는데, 특히 소집단 B1에서 0.574로 가장 낮았다(Table 1). 전체적으로 볼 때 작은 크기의 소집단에서의 유전자형 다형성이 개체수가 많은 소집단에 비해 더 높은 경향을 보였다. 한편 유전자형의 균등도를 반영하는 D_c 값은 집단 A에서 0.985, 집단 B에서 0.991로 비슷하게 나타났다(Table 1). 소집단별로는 N_c/N 값이 낮게 나타난 A1과 B1에서 각각 0.966과 0.976으로 낮은 값을 보였다. 한편 한 개체가 고유한 유전자형을 지니는 genet의 비율은 집단 A에서 약 79%, 집단 B에서 약 72%였다. 또한 2개 이상의 ramet를 지닌 genet의 양도 조금 달랐는데, 집단 A에서는 3개의 ramet를 지닌 genet가 하나도 없었는데 반해, 집단 B에서는 8.9%로 나타났다 (Figure 3a). 한편 집단 A에서는 2 m 이하의 직경을 갖는 genet가 존재하지 않고 2 m 이상 최대 5.5 m 이하의 범위에 산재되어 있는 반면에, 집단 B에서는 60% 가까운 genet의 직경이 2 m 이하이고 그 후 최대직경 5 m까지 점차 감소하는 경

향을 보였다(Figure 3b).

3. 유전적 공간구조

공간구조 분석을 위한 기초자료로 집단별로 모든 개체의 위치를 확인하여 개체 간 평균거리를 조사한 결과 집단 A에서 전체평균 2.51 m, 소집단별로는 2.3 m에서 2.8 m 범위였으며, 집단 B에서는 전체평균 2.18 m, 소집단별로는 1.79 m에서 2.72 m 사이의 분포를 보였다(Table 3). 이를 토대로 계산된 군집지수는 집단 A에서 0.690, 집단 B에서 0.707의 값으로 모두 0.1% 수준에서 유의성이 인정되어 강한 집중분포를 보였다(Table 3).

공간구조 분석 결과 집단 A에서는 약 12 m 직경 내에 분포하는 개체들 간에 유전적 유사성이 높아 자기상관성이 인정 되었고, 12 m에서 16 m 사이에서 임의분포함을 보였다. 그 이후 16 m에서 24 m 사이에 있는 개체 간에는 유전적 이질성을 보였으나, 약 24 m 이상 떨어진 개체 간에는 다시 임의분포에 가까운 것으로 나타났다(Figure 4a).

Table 3. Spatial structure by 5 subpopulations within 2 populations of *Abelia tyaihyoni*.

Population	A			B			
	A (Total)	A1	A2	B (Total)	B1	B2	B3
Min. distance (m)	1.30	1.30	1.30	0.64	0.64	0.76	1.04
Max. distance (m)	60.34	48.34	22.52	148.03	53.04	33.55	51.33
Aver. distance (m)	2.51	2.30	2.84	2.18	1.79	2.72	2.64
Agregation index ^a	0.690***	0.757*	1.166	0.707***	1.065	1.120	0.734*

^aSignificant at 0.05 level* and 0.001 level***

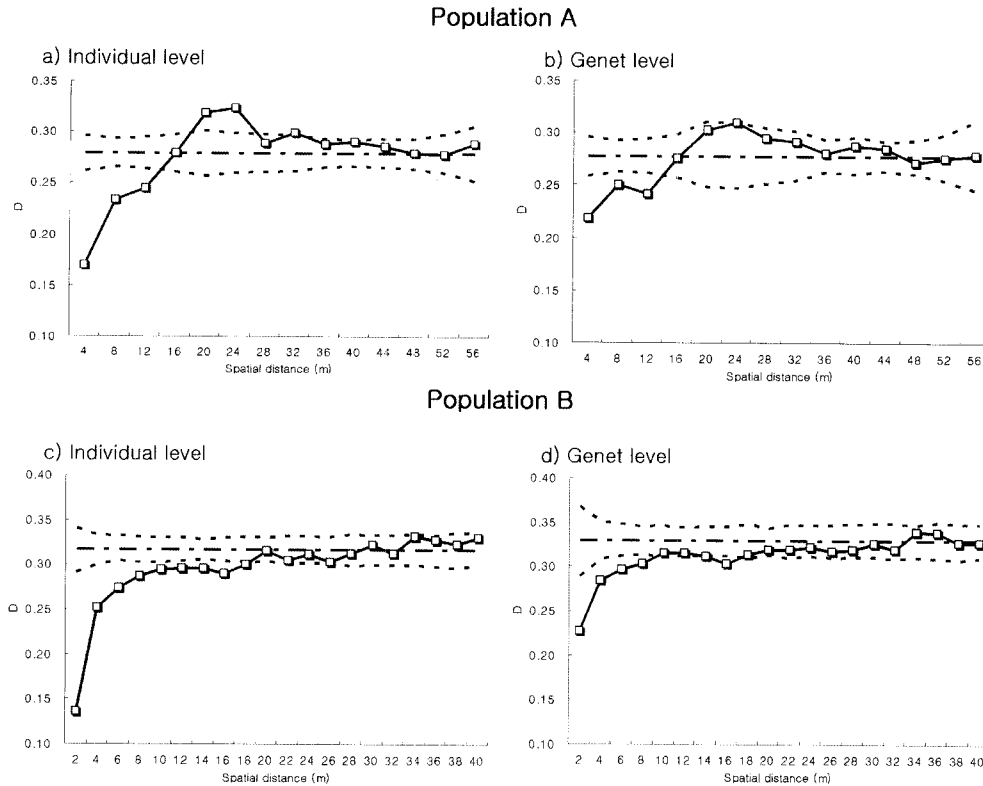


Figure 4. Distogram using the mean Tanimoto distance calculated at individual and genet level of *A. tyaihyoni*. The solid line folded indicates the value of Tanimoto distance in each distance class, and the horizontal broken line is the mean value of the distance. Two dotted lines indicate the upper and the lower confidence interval of 95% at 1000 permutations, respectively.

Genet 수준에서의 공간구조 역시 비슷한 경향을 보였으나, 그 정도는 다소 차이가 있었다. 특히 4 m 거리 내에 존재하는 개체 간 유전적 거리가 약 0.17에서 0.22로 높아졌고, 18 m에서 24 m 사이에서 보였던 유전적 이질성이 완화되어, 12 m 이후에는 거의 임의분포 하는 것으로 나타났다 (Figure 4b). 집단 B에서는 약 18 m 직경 내에 분포하는 개체들 간에는 유전적 유사성이 높은 것으로 나타났는데, 특히 2 m 직경 내 분포하는 개체 간에는 평균거리 0.32의 절반에도 훨씬 못 미치는 0.14로 나타나 매우 높은 자기상관성을 보였다 (Figure 4c). Genet 수준에서는 2-4 m 구간의 자기상관성이 현저히 감소했고, 10-14 m의 일부 구간에서는 임의분포하는 경향을 보였으나 전체적으로는 개체 수준에서 마찬가지로 18 m 이후에서 자기상관성이 완전히 사라지는 것으로 관찰되었다 (Figure 4d).

고 찰

줄대강나무 두 집단에서 조사된 유전다양성, $S.I.=0.336$ (Table 1)은 우리나라에서 조사된 복분자딸기 (*Rubus coreanus*)의 0.576(강범용 등, 2003)과 0.242(Hong *et al.*, 2003a), 철쭉(*Rhododendron schlippenbachii*)의 0.395 (Hong *et al.*, 2003b), 시로미(*Empetrum nigrum* var. *japonicum*)의 0.531(최형순 등, 2004)과 비교할 때 다소 낮은 수준이었다. 그러나 중국의 희귀 특산 식물인 *Heptacodium*

*miconioides*의 0.133(Jin and Li, 2007)과 *Tetraena mongolica*의 0.264(Ge *et al.*, 2003) 보다는 높은 값이었다. 따라서 제한적으로 분포하고 소집단을 이루는 줄대강나무의 특성을 고려할 때, 관찰된 유전변이는 상대적으로 풍부한 것으로 판단되었다.

생물종의 유전다양성은 기본적으로 교배양식의 영향을 크게 받는다. 따라서 줄대강나무 집단에서 관찰된 유전다양성도 타가교배의 영향을 크게 받는 것으로 추정할 수 있었다. 일부 무성번식이 일어난다는 것 이외에 줄대강나무의 교배양식에 대해 알려진 구체적 자료는 전무한 실정이다. 그러나 개화기, 강한 꽃향기 및 꽃의 구조 등을 고려할 때 줄대강나무 집단 안에서의 빈번한 충매에 의한 타가교배에 의해서 새로운 유전조합을 가진 개체들이 다수 생성되어 집단 내 유전다양성이 유지될 것으로 사료된다.

종 수준에서의 유전자형 다양성, $N_e/N=0.729$, $D_e=0.988$ (Table 1)의 값은 붉나무(*Rhus japonica*), 우목사스레피나무(*Eurya emarginata*), 참나무류(*Quercus*)등에서 보고된 값(각각 0.08-0.620, 0.94-0.994의 범위)에 비해 비교적 높은 수준이었다(Berg and Hamrick, 1994; Escaravage *et al.*, 1998; Chung *et al.*, 2000; Chung and Epperson, 2000; Albert *et al.*, 2003; Hoebee *et al.*, 2006). 이런 통계량 역시 줄대강나무에서 무성번식에 따른 유전자형 다양성 감소의 위험은 크지 않은 것으로 판단되었다. Genet 수준과 개체 수준에서의 유전다양성 정도가 큰 차이를 보이지

않은 사실도 부분적으로 이런 추정을 뒷받침하는 것으로 사려 되었다.

관찰된 두 집단 간의 유전다양성의 차이는 분포 특성과 집단크기와 관련이 있는 것으로 추정되었다. 즉, 비교적 연속적으로 분포하고 개체수도 많은 집단 B에서의 유전다양성($h=0.236$, $S.I.=0.369$)이 소규모 단편으로 분리되어 있고 개체수도 적은 집단 A($h=0.197$, $S.I.=0.302$)에 비해서 더 높았다. AMOVA 분석에 의해 추정된 두 집단 간 유전다양성의 분화정도 18.7%는 비슷한 생태적 습성을 가지는 관목류인 철쭉(*Rhododendron schlippenbachii*)의 11.6% (Hong *et al.*, 2003), *Tetraena mongolica*의 15.2%(Ge *et al.*, 2003), 그리고 *Lonicera periclymenum*의 18.6% (Grashof-Bokdam *et al.*, 1998)에 비해 다소 높거나 비슷한 수준이었다. 단지 두 집단의 조사값에서 추정된 통계량이기 때문에 다른 종과의 객관적 비교는 쉽지 않지만, 소규모로 고립되어 불연속적으로 분포하는 줄댕강나무의 특성상 집단 간 화분이나 종자 이동이 원활하지 못하면 집단 간의 유전차이가 커질 수 있을 것으로 사려 되었다. 관찰 결과 9월경에 성숙하는 줄댕강나무의 열매는 끝내 벌어지지 않고 날개처럼 보이는 꽃받침과 함께 열매채로 바람을 타고 산포된다. 그러나 열매가 길이 약 5 mm 정도로 비교적 커서 이동거리가 상당히 제한될 것으로 보인다. 따라서 이러한 종자 특성이 집단 및 소집단 간 유전적 분화에 영향을 주는 것으로 추정되었다.

한편 genet 수준과 개체수준에서 계산된 집단 간 분화 정도는 차이가 없어서, 역시 무성번식 특성이 줄댕강나무의 집단 전체에 미치는 영향이 크지 않음을 알 수 있었다 (Table 2). 반면 개체수준에서 관찰된 집단 내 소집단 간 차이 8.54%는 genet 수준에서 6.16%로 다소 낮아졌다. 이는 genet 수준에서의 소집단 간의 유전적 차이가 동일유전자형의 중복 ramet를 제외하고 계산되었기 때문에, 무성번식 특성이 집단 전체보다는 한정된 개체수로 이루어진 소집단의 유전다양성에 더 크게 영향을 주는 것으로 해석되었다.

유전자형 다양성을 나타내는 N_c/N 값과 D_c 값도 두 집단 간에 다소 차이가 있었다. 집단 B는 집단 A에 비해 N_c/N 값은 다소 낮았으나, D_c 값은 미세하나마 높았다 (Table 1). 이는 상대적으로 집단 B에서 무성번식의 비중이 다소 크지만 유전자형의 균등도는 집단 A에 못지않음을 의미하며, 가장 큰 소집단인 B1이 위의 두 통계량의 값에 크게 영향을 준 것으로 나타났다. 소집단 B1에서는 genet의 비율이 가장 낮으나($N_c/N=0.574$) 상당히 균등한 분포 ($D_c=0.976$)를 보였다. 소집단 B1은 거의 순림에 가까운 군락으로 밀도도 일정하고 높아 광요구도가 높은 줄댕강나무의 특성상 발아한 치수가 성장하기에 어려운 조건이다. 따라서 무성번식이 상대적으로 큰 비중을 차지하는 것으로 판

단되었다. 그러나 무성번식이 여러 genet에서 고르게 일어나는 것으로 확인되었다. 소집단 B1에서 둘 이상의 ramet을 갖는 genet는 14개로 가장 많으나 (Table 1), 특정 ramet 수에 집중되지 않고 비교적 고른 분포를 보였다. 즉, ramet 수에 따라 genet 수는 역J자 형태로 완만히 감소하는 경향을 보였다 (Figure 3a).

줄댕강나무의 무성번식에 의한 genet의 최대직경은 5.5 m이었으나 주로 2-3 m로 나타났다. 이 정도는 *Vaccinium myrtillus*의 최대직경 5.5 m (Albert, 2003), *Quercus margaretta*의 5 m (Berg and Hamrick, 1994)와 유사한 수준이지만, 우목사스레피나무 (*Eurya emarginata*), 붉나무 (*Rhus japonica*) 등의 19 m-35 m에는 미치지 못하는 값이었다 (Chung and Epperson, 2000; Chung *et al.*, 2000; Hoebee *et al.*, 2006). 현지관찰을 토대로 환경에 따라 줄댕강나무의 무성번식 형태도 달라짐을 알 수 있었다. 군락이 제대로 형성 되지 못했거나 입지적 조건이 불리한 곳에서는 주어진 환경에 따라 genet의 직경은 다양한 크기를 보인다 (집단 A, Figure 3b). 충분한 공간에서 자라는 개체는 늘어진 가지 부위에서 발근이 이루어져 땅을 기듯이 영역을 옆으로 확장해 가는데 이 경우 genet의 직경이 5 m 이상 되기도 한다. 그러나 밀도가 높고 종내 개체간의 경쟁이 심한 곳에서는 줄기도 위를 향해 자라게 된다. 이 경우 무성번식은 지면과 가까운 땅속 가지의 하단부에서 발근하여 주간이 없는 다간성의 관목형태를 하게 된다. 개체들은 크기를 확장해 가지만 다른 개체와의 경쟁으로 인해 대부분 2 m 내외의 직경을 갖는다 (소집단 B1). 따라서 줄댕강나무는 집단의 형성 과정, 입지적 조건이나 밀도에 따라 genet의 형태 및 직경 크기가 상당히 다를 수 있음을 알 수 있었다 (Figure 3b).

유전적 공간구조 분석 결과 약 12 m (집단 A) 또는 18 m (집단 B) 직경 내에 분포하는 개체 간에는 자기상관성을 보였다. 이는 시로미 (*Empetrum nigrum* var. *japonicum*)의 약 10 m (최형순 등, 2004), 북분자딸기 (*Rubus coreanus*)의 약 20 m (강범용 등, 2003), 우목사스레피나무 (*Eurya emarginata*)의 약 24 m (Chung and Epperson, 2000), 그리고 *Sorbus torminalis*의 집단에 따른 15-30 m (Hoebee *et al.*, 2006) 등, 무성번식이 가능한 관목류들과 비슷한 수준이었다. 다소 차이는 있었지만, 전체적으로 볼 때 두 집단 모두에서 개체 및 genet 수준에서의 거리등급에 따른 자기상관성 경향은 유사하게 나타났다 (Figure 4). 줄댕강나무 집단의 자기상관성은 기본적으로 분포특성, 층매에 의한 교배양식 및 부분적인 무성번식 이외에 종자의 이동 등에 따라서 결정된다고 추정되었다. 한편 집단 A의 개체수준에서 관찰된 16-24 m 거리구간에서의 유전적 이질성이 genet 수준에서는 거의 임의분포 하는 것으로 나타났고, 집단 B에서도 근소한 차이긴 하지만 genet 수준에서

18 m 이내 일부 구간에서 임의분포를 보였는데, 이는 중복된 ramet가 제외되어 단편 간의 유전적 이질성이 완화되는 효과 때문으로 해석되었다. 한편 집단 A(12 m)에서 집단 B(18 m)에 비해 상대적으로 짧은 거리 안에서 자기상관을 보인 이유는 집단 A에서 줄대강나무가 직경 약 10 m-20 m 정도의 작은 단편을 형성하며 불연속적으로 분포하는 특성 때문으로 해석되었다.

줄대강나무는 꽃의 아름다움, 향기, 희귀성 등을 고려할 때, 자원으로서의 잠재성이 크다. 그러나 소규모로 분포하고 있는 자생지에서 숲이 우거짐에 따라 가장자리로 밀려나고 있어 효율적 보존대책이 요구된다. 현지의 보전을 위한 표본을 추출할 때, 유전적 공간구조 분석을 통해 구명된 자기상관성 거리를 표본 간 최소 거리로 설정하면, 최소의 비용과 노력으로 최대의 유전다양성을 확보하는 전략이 될 수 있다(Diniz-Filho and Telles, 2002). 줄대강나무의 경우 연속분포를 보이는 곳에서는 약 18 m 간격을 두고 표본을 추출함이 바람직하다고 추정되었다. 그러나 단편으로 분리되어 불연속적으로 분포하는 경우 하나의 단편 안에는 유전적으로 동일한 ramet가 존재할 가능성이 높으므로 가능한 많은 수의 단편에서 표본을 채취하는 것이 효율적일 것으로 판단되었다.

현지내 또는 현지의 보전을 위한 집단 수 및 한 집단 내 개체수 선정을 위해서는 더 많은 집단의 유전적 구조와 분화 정도가 구명되어야 할 것이다. 따라서 자생지의 훼손이 더 심해지기 전에 줄대강나무에 대한 체계적인 집단 유전연구가 수행되어 보다 효율적인 보전전략이 수립되어야 할 것으로 판단되었다.

감사의 글

본 연구는 고려대학교 특별연구비에 의하여 수행되었습니다. 야외 조사와 시료채취에 도움을 준 박유진, 장광수, 김용진에게 고마움의 뜻을 전합니다.

인용문헌

1. 강범용, 홍경락, 정재민, 홍용표. 2003. I-SSR 표지자를 이용한 치악산 복분자딸기(*Rubus coreanus*)의 공간분포에 따른 유전변이. 한국임학회지 92(6): 558-556.
2. 국립수목원. 2006. 사업보고서.
3. 김태진, 선병윤, 서영배. 2001. 광의의 땃강나무속 식물(인동과)의 화분 및 세포분류학적 연구. 한국식물분류학회지. 31(2): 91-106.
4. 백원기, 이우철. 1989. 한국산 땃강나무속 식물의 분류학적 연구. 한국식물분류학회지 19(3): 139-156.
5. 오병운, 조동광, 김규식, 장창기. 2005. 한반도 특산 관속식물. 국립수목원.
6. 최형순, 홍경락, 정재민, 강범용. 2004. 한라산 시로미(*Empetrum nigrum* var. *japonicum*)의 유전적 다양성 및 공간적 유전구조. 한국임학회지 93(3): 175-180.
7. Albert, T., O. Rasp, and A.-L. Jacquemart. 2003. Clonal structure in *Vaccinium myrtillus* L. revealed by RAPD and AFLP markers. International Journal of Plant Science 164: 649-655.
8. Bachmann, K. 1994. Molecular markers in plant ecology. New Phytologist 126: 403-418.
9. Berg, E.E. and J.L. Hamrick. 1994. Spatial and genetic structure of two sandhills oaks: *Quercus laevis* and *Quercus margaretta* (Fagaceae). American Journal of Botany 81: 7-14.
10. Chung, M.G., J.M. Chung, M.Y. Chung and B.K. Epperson. 2000. Spatial distribution of allozyme polymorphisms following clonal and sexual reproduction in populations of *Rhus japonica* (Anacardiaceae). Heredity 84: 178-185.
11. Chung, M.G. and B.K. Epperson. 2000. Clonal and spatial genetic structure in *Eurya emarginata* (Theaceae). Heredity 84: 170-177.
12. Clark, P.J. and F.C. Evans. 1954. Distance to nearest neighbor as a measure of spatial relationship in populations. Ecology 35: 445-453.
13. Degen, B. 2000. SGS: spatial genetic software. Computer program and user's manual. <http://kourou.cirad.fr/genetique/software.html>.
14. Degen, B., R. Petit and A. Kremer. 2001. SGS-spatial genetic software: a computer program for analysis of spatial genetic and phenotypic structures of individuals and populations. Journal of Heredity 92: 447-448.
15. Diniz-Filho, J.A. and M.P.C. Telles. 2002. Spatial autocorrelation analysis and the identification of operational units for conservation in continuous populations. Conservation Biology 16: 924-935.
16. Doyle, J.J. and J.L. Doyle. 1987. A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. Phytochemical Bulletin 19: 11-15.
17. Escaravage, N., S. Questiau, A. Pomon, B. Doche and P. Taberlet. 1998. Clonal diversity in a *Rhododendron ferrugineum* L. (Ericaceae) population inferred from AFLP markers. Molecular Ecology 7: 975-982.
18. Escudero, A., J.M. Irión and M.E. Torres. 2003. Spatial analysis of genetic diversity as a tool for plant conservation. Biological Conservation 113: 351-365.
19. Excoffier, L., L. Guillaume and S. Schneider 2006. Arlequin ver 3.01: An Integrated Software Package for Population Genetics Data Analysis. Computational and Molecular Population Genetics Lab, University of Berne.
20. Excoffier, L., P. Smouse and J.M. Quattro. 1992 Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: application to human mitochondrial DNA restriction data. Genetics 131: 479-491.
21. Ge, X.-J., Y. Yu, N.-X. Zhao, H.-S. Chen and W.-Q. Qi.

2003. Genetic variation in the endangered Inner Mongolia endemic shrub *Tetraena mongolica* Maxim. (Zygophyllaceae). *Biological Conservation* 111: 427-434.
22. Grashof-Bokdam, C.J., Jansen, J. and Smulders, M.J.M. 1998. Dispersal patterns of *Lonicera periclymenum* determined by genetic analysis. *Molecular Ecology* 7: 165-174.
23. Hoebee, S.E., C. Menn, P. Rotach, R. Finkeldey and R. Holderegger. 2006. Spatial genetic structure of *Sorbus torminalis*: the extent of clonal reproduction in natural stands of a rare tree species with a scattered distribution. *Forest Ecology and Management* 226: 1-8.
24. Hong, Y.-P., M.-J. Kim and K.-N. Hong. 2003a. Genetic diversity in natural populations of two geographic isolates of Korean black raspberry. *The Journal of Horticultural Science & Biotechnology* 78(3): 350-354.
25. Hong, Y.-P., H.-Y. Kwon, Y.-Y. Kim and C.-S. Kim. 2003b. Distribution of I-SSR variants in natural populations of smile rosebay (*Rhododendron schlippenbachii* Maxim.) in Korea. *Journal of Korean Forest Society*. 92(5): 497-503.
26. Jin, Z. and J. Li. 2007. Genetic differentiation in endangered *Heptacodium miconioides* Rehd. based on ISSR polymorphism and implications for its conservation. *Forest Ecology and Management* 245: 130-136.
27. Kjø lner, S., S.M. Sástad, P. Taberlet and C. Brochmann. 2004. Amplified fragment length polymorphic DNA markers: clonal diversity in *Saxifraga cernua*. *Molecular Ecology* 13: 81-86.
28. Nei, M. 1973. Analysis of gene diversity in subdivided populations. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA* 70: 3321-3323.
29. Pielou, C.E. 1969. An introduction to mathematical ecology. Wiley-Interscience, New York.
30. Shannon, C.E. 1948. A mathematical theory of communication. *Bell System Technical Journal* 27: 379-423
31. Sydes, M.A. and R. Peakall. 1998. Extensive clonality in the endangered shrub *Haloragodendron lucasii* (Haloragaceae) revealed by allozymes and RAPDs. *Molecular Ecology* 7: 87-93.
32. Swensen, S.M., G.J. Allan, M. Howe, W.J. Elisens, S.A. Junak and L.H. Rieseberg. 1995. Genetic analysis of the endangered island endemic *Malacothamnus fasciculatus* (Nutt.) Greene var. *nesioticus* (Rob.) Kear. (Malvaceae). *Conservation Biology* 9(2): 404-415.
33. Yeh, F.C., Yang, R.C. and Boyle, T. 1999. POPGENE. Microsoft window-based freeware for population genetic analysis. Dept. of Renewable Resources. Univ. of Alberta. Edmonton, Alberta. Canada.

(2007년 9월 10일 접수; 2007년 11월 27일 채택)