

I-SSR 표지자에 의한 눈쭈백나무 남한 잔존집단의 유전변이와 구조

양병훈* · 송정호 · 이정주 · 허성두 · 홍용표
국립산림과학원 산림유전자원부

Genetic Variation and Structure of the Relict Populations of Korean Arborvitae (*Thuja koraiensis* Nakai) in South Korea, Employing I-SSR Markers

Byeong-Hoon Yang*, Jeong-Ho Song, Jung-Joo Lee,
Seong-Doo Hur and Yong-Pyo Hong

Division of Forest Genetic Resources, Korea Forest Research Institute, Suwon 441-847, Korea

요약: 본 연구에서는 눈쭈백나무(*Thuja koraiensis* Nakai) 4개 천연집단을 대상으로 84개체를 선발한 뒤 다형성을 보인 29개의 I-SSR amplicons를 이용하여 유전변이를 조사하였다. 6개의 I-SSR primer로 유전다양성을 추정된 결과 평균 유효대립유전자의 수(A_e)는 1.44개, 이형접합도의 기대치(H_e)는 0.258, Shannon의 다양성 지수($S.I.$)는 0.385로 크게 높지는 않은 것으로 추정되었다. 이를 다양한 표지자를 이용하여 측백나무과(Cupressaceae)에 속하는 지금까지 연구된 수종들과 비교하여보면 국내의 눈쭈백나무는 유사하거나 다소 높은 유전변이량을 보유하고 있는 것으로 나타났다. 조사된 4개의 집단을 대상으로 AMOVA를 수행한 결과 전체 유전변이 가운데 13%가 집단간 차이로부터 기인하는 것으로 나타났고, 나머지 87%는 집단내 개체간 차이로부터 기인한 것으로 나타났다. 유전적 거리에 의한 UPGMA 유집분석을 실시한 결과 지리적인 경향은 나타나지 않았다. 유전변이량이 가장 높은 장산집단과 유전적 조성에서 가장 이질적인 방태산집단이 보전 가치가 큰 것으로 판단된다.

Abstract: We investigated the genetic variation and structure in Korean Arborvitae (*Thuja koraiensis* Nak.), by 29 examining I-SSR polymorphic loci in 84 individuals distributed among four natural populations in Korea. The level of population genetic diversity ($A_e=1.44$, $P=72.42$, $H_e=0.258$, $S.I.=0.385$) was similar to or slightly higher than that of plants with similar ecological traits and life history (Cupressaceae). Most genetic diversity was allocated among individuals within populations ($\Phi_{ST}=0.13$). The UPGMA dendrogram based on genetic distance failed in showing decisive geographic relationship. The Mt. Bangtae population had the lowest level of genetic diversity and was the most distinctive from the other populations. Mt. Jang population which is possessed of the highest level of genetic variation and Mt. Bangtae population which is consisted of heterogeneous was considered to be a prime candidate for the conservation studies.

Key words : *Thuja koraiensis*, I-SSR, genetic diversity, genetic structure

서론

눈쭈백나무(*Thuja koraiensis* Nakai)는 세계적으로 중국 동북부의 장백산과 우리나라에 한정되어 있으며, ‘짹뽀나무, 천리송, 누운측백나무’라고도 한다. 우리나라에서는 북위 35° 이북의 표고 700 m 이상의 설악산, 태백산 및 한라산 등 일부 고산지대에만 한정분포하고 있어 내음성이 강하고 내건성이 약한 포복성향을 보이는 수종이다. 상록성 침엽관목으로 측백나무와 비슷하지만 잎의 뒷면 가장

자리에 흰 가루가 덮인 것 같고 종자에 날개가 있는 것이 특징이다(이창복, 1979). 특히, 하나의 원대를 중심으로 퍼지면서 많은 가지를 내고 종자번식과 더불어 땅에 닿은 가지에서 뿌리를 내려 clump를 형성하는 클론번식을 겸하고 있다(송정호 등, 2006).

생물집단의 유전적 다양성에 대한 연구는 생물종 진화 요인에 대한 이해의 폭을 넓혀준다는 점에서 중요한 의미가 있다. 생물다양성 협약이 발효된 이후로 모든 생물은 유전자원으로 인식되고 있으며 임목의 경우도 마찬가지이다. 특히, 희귀 및 멸종위기 식물 집단의 유전다양성 분석 자료는 집단내 개체수 감소의 원인을 파악하고, 어느

*Corresponding author
E-mail: time1124@daum.net

집단 및 개체를 우선적으로 보존하여야 하는지를 결정하는데 중요한 자료가 된다(Milligan *et al.*, 1994). 유전자원의 보존을 위해서는 천연집단에 대한 탐색과 유전변이에 대한 조사가 선행되어야 한다. 이러한 유전변이에 대한 자료를 통해서 차후의 육종계획 수립이 가능하기 때문이다(National Research Council, 1991). 천연집단에 대한 유전변이 분석은 1970년대 이후에 동위효소 표지를 사용한 분석이 주류를 이루어 왔으며 최근에는 해상력이 높은 DNA 표지를 이용한 분석이 활발하게 이루어지고 있다. 특히 I-SSR(inter-simple sequence repeat) 표지자는 RAPD(random amplified polymorphic DNA) 표지자에 비해 primer 당 많은 증폭산물을 나타내며, 긴 primer와 높은 재결합온도를 사용하여 재현성이 우수하다는 장점이 있다(Rakoczy-Trojanowska and Bolibok, 2004). 이러한 장점으로 I-SSR 표지자는 임목의 천연집단 유전변이 분석과 유전자 탐색 등에 널리 이용되고 있다(Chung *et al.*, 2006).

우리나라 특산수종인 눈썯백나무는 산림청에서 희귀멸종위기 식물로 정하여 법적으로 엄밀히 보호하고 있는 수종이다(산림청, 1997). 그러나 아직까지 국내 눈썯백나무를 대상으로 생태·집단 유전학 등에 대한 기초연구는 여전히 미진한 실정이다. 최근 기후변화에 따른 온난화가 진행될수록 생육가능 지대를 온대수종들에게 물려주고 이들과의 경쟁에서 밀려 개체수 감소, 고립화 현상 등으로 일부 한정된 고산지대에만 잔존하고 있으며 종자의 부적합한 발아 등의 환경으로 인한 소멸위기에 직면해 있다. 그러므로 본 연구에서는 임목유전자원으로써 보존가치가 높은 눈썯백나무를 대상으로 I-SSR 표지를 이용한 유전변이 양상을 파악하고 천연집단에 대한 집단유전학적 특성을 규명하여 유전자원 보존과 육종에 필요한 기초 자료를 제공하는데 그 목적이 있다. 또한 국내 다른 희귀·멸종위기수종들과 유전적 특성을 비교하는데 있어서 중요한 기초 자료로 활용될 것으로 기대된다.

재료 및 방법

1. 시료채취

조사지는 국내 자생하는 눈썯백나무 4개 천연집단(설악산, 방태산, 장산, 태백산)을 대상으로 2006년 5월에 집단당 21개체에서 유엽을 채취하였으며, 집단내 시료채취는

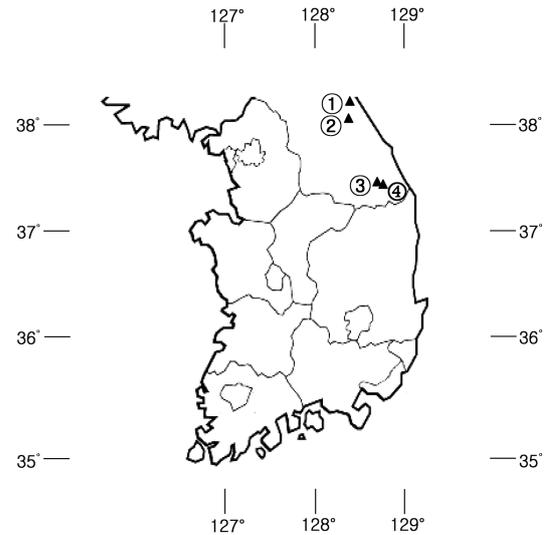


Figure 1. The map showing geographic location of four study sites. (① Mt. Seorak, ② Mt. Bangtae, ③ Mt. Jang, ④ Mt. Taebaek)

화분의 비산거리와 분포지의 지형지세를 고려하여 개체목간의 간격을 최소 20~30 m 이상을 유지하여 혈연적으로 근연관계에 있는 개체가 선발되지 않도록 하였다(Figure 1, Table 1).

2. PCR 분석

채취된 시료는 멸균수로 표면세척을 한 다음, 세포파쇄기(FastPrep™ FP 120: Thermo Savant Ltd.)와 DNeasy® Plant Mini Kit(QIAGEN Ltd. Cat no. 69106)를 이용하여 DNA를 분리하였다. DNA의 양은 spectrophotometer를 이용하여 260 nm에서 비색 정량하고 최종 농도가 2 ng/μL가 되도록 희석하였다. I-SSR PCR 반응용액 20 μL당 10 ng template DNA, 0.6 μM I-SSR primer, 0.6 Unit Thermostable DNA polymerase(Advanced Biotechnologies Ltd.), 20 mM(NH₄)₂SO₄, 75 mM Tris HCl(pH 8.8), 1.5 mM MgCl₂, 100 μM dNTP, 0.0025% BSA(Bovine Serum Albumine)가 포함되도록 하였으며, 분석에 사용된 primer는 재현성이 우수하고, 다형성을 보이며 증폭산물이 선명하게 구분이 되는 6개[UBC #811(5'-GAG AGA GAG AGA GAG AC-3'), #813(5'-CTC TCT CTC TCT CTC TT-3'), #814(5'-CTC TCT CTC TCT CTC TA-3'), #826(5'-ACA CAC ACA CAC ACA CC-3'), #843(5'-CTC

Table 1. Locality and geographic information of populations of *T. koraiensis*.

Populations code and name	Latitude (N)	Longitude (E)	Altitude (m)	No. of Sample	Distribution Area (ha)
Mt. Seorak	38° 06' 59"	128° 24' 04"	1,250-1,525	21	6
Mt. Bangtae	37° 53' 42"	128° 22' 03"	1,120	21	0.4
Mt. Jang	37° 07' 17"	128° 52' 01"	1,330-1,405	21	2
Mt. Taebaek	37° 06' 18"	128° 54' 39"	1,325	21	1.5

Table 2. Genetic diversity estimates for four *T. koraiensis* populations based on 37 I-SSR amplicons (index after excluding monomorphic loci).

Population	A_e	$P(\%)$	H_e	$S.I.$
Mt. Seorak	1.37 (1.48)	59.46 (75.86)	0.215 (0.274)	0.319 (0.407)
Mt. Bangtae	1.18 (1.22)	37.84 (48.28)	0.111 (0.142)	0.173 (0.221)
Mt. Jang	1.43 (1.55)	67.57 (86.21)	0.251 (0.321)	0.373 (0.477)
Mt. Taebaek	1.40 (1.51)	62.16 (79.31)	0.230 (0.294)	0.342 (0.436)
Mean	1.35 (1.44)	56.76 (72.42)	0.202 (0.258)	0.302 (0.385)

A_e = effective number of alleles per locus; P = percent of polymorphic loci; H_e = expected heterozygosity; $S.I.$ = Shannon's (1948) Information index of amplicon phynotypic diversity.

TCT CTC TCT CTC TR(A/G)A-3'), #846(5'-CAC ACA CAC ACA CAC AR(A/G)T-3')]을 사용하였다. PCR 증폭 반응은 PTC-200 Thermal cycler(MJ Research Inc.)를 이용하여 94°C에서 5분의 전처리 후 94°C에서 30초, 50°C에서 30초(#813, 814) 또는 52°C에서 30초(#811, 826, 843, 846), 72°C에서 60초의 과정을 45회 반복한 뒤 72°C에서 10분간 최종증폭 시켰다. PCR 증폭산물은 0.5 μ M의 Ethidium Bromide가 포함된 2% agarose gel에서 4시간 동안 전기영동 시킨 후(1×TEB, pH 8.0) UV trans-illuminator상에서 촬영한 뒤 DNA size marker(MBI Fermentas)를 기준으로 특정 bp에서 증폭산물의 유무에 따라 '1' 과 '0'으로 데이터를 입력하여 분석하였다.

3. 자료의 분석

POPGENE ver. 3.2 program(Yeh *et al.*, 1999)을 이용하여 Shannon's information Index($S.I.$: Shannon, 1948) 등 집단별 유전적 다양성을 구하였으며, Arlequin ver. 2.0 program(Schneider *et al.*, 2000)을 이용하여 Euclidean distance에 의해 계산된 유전적 거리를 기초로 AMOVA (analysis of molecular variance) 분석을 실시하여 집단간 유전적 분화의 정도를 계산하였다(Excoffier *et al.*, 1992). 분석된 집단간의 유전적 거리는 RAPDDIST ver. 1.0 (Black, 1996)을 이용하여 Manhattan distance(Wright, 1978)를 계산하였다. UPGMA(unweighted pair-group method with arithmetic mean) tree(TreeView ver. 1.6.1 program: Page, 1996) 제작을 통해 각 집단간 유집분석을 실행하였다.

결과 및 고찰

1. 유전적 다양성

눈측백나무 유전변이 분석에 사용된 6개의 I-SSR primer (#811, 813, 814, 826, 843, 846)에서 총 37개의 증폭산물을 관찰할 수 있었으며, primer 당 평균 6.2개의 다형성 증폭산물을 얻을 수 있었다. 증폭된 전체 유전자좌를 토대로 계산된 유전변이량은 장산집단($A_e=1.43$, $P=67.57$, $H_e=0.251$, $S.I.=0.373$)이 가장 높았으며, 방태산집단($A_e=1.18$,

$P=37.84$, $H_e=0.111$, $S.I.=0.173$)이 가장 낮았다. 종 수준에서의 유효대립유전자의 수(A_e)는 1.35개, 다형적 유전자좌의 비율(P)은 56.76%, 이형접합도의 기대치(H_e)는 0.202, Shannon의 다양성지수($S.I.$)는 0.302로 조사되었다. 한편, 우성 표지자를 활용하여 유전변이 분석을 수행할 경우 우성 대립유전자를 제외하는 것이 일반적이다(김찬수 등, 2007). 이러한 밴드를 제외하고 다형적 유전자좌(29개)만을 추출하여 종 수준에서의 유전다양성을 추정한 결과 유효대립유전자의 수는 1.44개, 이형접합도의 기대치는 0.258, Shannon의 다양성 지수는 0.385로 나타나 역시 유전변이가 크게 높지 않은 것으로 추정되었다(Table 2).

지금까지 연구된 측백나무과(Cupressaceae)에 속하는 수종들의 유전변이량을 살펴보면 동위효소 수준에서 편백나무속(*Chamaecyparis*)의 평균 이형접합도(H_e)는 0.158(*C. nootkatensis*=0.171: Ritland *et al.*, 2001, *C. thyoides*=0.145: Kuser *et al.*, 1997), 향나무속(*Juniperus*)의 평균 이형접합도는 0.216(*J. coreana*=0.199: Huh and Huh, 2000, *J. rigida*=0.224: Huh and Huh, 2000)으로 비교적 높은 것으로 나타났으며, 측백나무속(*Thuja*)의 경우 평균 이형접합도는 0.067(*T. occidentalis* = 0.094: Perry *et al.*, 1990, *T. plicata* = 0.04: Yeh, 1988)로 다소 낮은 유전변이량을 보유하고 있는 것으로 나타났다. 그리고 측백나무과에 속하는 *Calocedrus macrolepis*의 경우 I-SSR 수준에서 눈측백나무 보다 낮은 유전변이($H_e=0.116$)가 관찰되었다(Wang *et al.* 2004). 한편 I-SSR 표지를 사용하여 분석된 국내의 타 수종인 비자나무($S.I.=0.353$: Hong *et al.*, 2000), 은행나무($S.I.=0.379$: Hong *et al.*, 2001), 땃두릅나무($S.I.=0.269$: Lee *et al.*, 2002), 주목($S.I.=0.478$: Kwon and Kim, 2002), 철쭉나무($S.I.=0.395$: Hong *et al.*, 2003), 소나무($S.I.=0.450$: Hong *et al.*, 2004), 들쭉나무($S.I.=0.470$: 한상돈 등, 2005)와 비교하면 눈측백나무는 중간수준의 유전변이량을 보유하고 있는 것으로 나타났다.

일반적으로 천연집단에서 목본식물의 유전변이는 초본이나 작물에 비해서 매우 낮은 것으로 알려져 있다. 특히, 분포구역이 좁은 지역에 분포하거나 희귀 식물종 같은 경우 근친교배 또는 유전적 부동애에 의해 유전변이가 매우

낮은 것으로 알려져 있다(Hamrick and Godt, 1996). 일례로 국내 자생하는 희귀수종인 모감주나무(*Koelreuteria paniculata*), 땃두릅나무(*Oplopanax elatus*) 그리고 눈잣나무(*Pinus pumila*)의 경우에도 상대적으로 작은 집단크기와 타 집단과의 지리적 격리로 인한 유전적 부동 또는 근친교배의 영향으로 유전적 다양성이 매우 낮은 것으로 추정된 바 있다(이석우 등, 1997; Lee et al., 2002; 홍용표 등, 2004). 그러나 일부 희귀종에서는 이례적으로 유전변이가 매우 다양하게 나타나기도 하는데, 특히 특정 수종(들쭉나무)에서 최근에 갑자기 서식지의 분포구역이 축소되었거나, 넓은 분포구역의 수종으로부터 최근에 분화한 경우, 또는 교배 및 번식 특성에 의해서도 이 같은 결과를 나타낼 수 있다(한상돈 등, 2005). 그리고 식물의 경우 동위효소 수준에서의 유전변이의 양과 분포는 대상 식물종의 생태적 특성 및 생활사와 깊은 연관이 있는 것으로 보고되고 있다(Hamrick et al., 1992). 비록 사용된 표지는 다르나 눈쭉나무 또한 분포지역이 협소하지만 자용동주루타가 수정을 선호하며 무성 번식을 겸하는 특성으로 적절한 유전변이를 보유하고 있어 유리했을 것으로 사료된다.

특이하게도 방태산집단의 경우 다른 집단들에 비하여 매우 낮은 유전변이를 보유하고 있는 것으로 나타났는데, 방태산집단은 조사된 다른 집단들에 비해서 해발고(1,120 m)가 가장 낮은 저지대의 산정 계곡부의 습윤한 불안정한 장소에 위치하고 있어 다양한 유전자를 가진 개체가 적응하는데 불리하였을 것으로 생각된다. 분포범위(0.4 ha)가 매우 협소하며 작은 것으로 볼 때 과거 자연재해와 같은 환경의 급격한 변화 또는 인간 간섭에 의한 영향으로 병목현상(bottleneck) 등을 겪었을 가능성을 배제할 수 없을 것으로 생각된다. 이러한 방태산집단을 제외한 나머지 3개 집단의 평균 유전다양성을 추정해보면 훨씬 높음을 확인할 수 있다($A_e=1.51$, $P=80.46$, $H_e=0.296$, $S.I.=0.440$). 반면, 설악산집단의 경우 다른 집단에 비해 상대적으로 넓은 분포범위(6 ha)에서 자생함에도 불구하고 유전변이가 장산집단이나 태백산집단에 비해 상대적으로 낮게 나타났다. 이는 샘플링 에러(error)의 영향으로 나타나는 결과가 일부 작용했을 것으로 사료된다. 그러나 보다 구체적인 결과 도출을 위해서는 눈쭉나무 집단의 자연 선발과 격리 등과 관련하여 유전적 특성 구명이 이루어져야 할 것으로 생각된다.

한편, 한상돈 등(2005)은 고산수종이면서 좁은 지역에 격리된 수종인 들쭉나무(*Vaccinium uliginosum* L.)의 높은 유전변이의 근거를 빙하기 무렵의 넓은 분포의 가능성에서 설명하였다. 즉, 빙하기 무렵 추운 환경에서 들쭉나무가 현재보다 넓은 지역에 걸쳐 연속적으로 분포하였을 가능성과 후빙기 때 연속 집단의 형태로 존재하고 있던 인근 다수의 소집단들로부터 다양한 유전적 배경을 지닌 개

체들이 뒤섞여서 이주(migration)하였을 경우 복수 창시자 효과(multiple founder effect)가 작용하였을 가능성도 있는 것으로 설명하였다. 우리나라의 경우 빙하의 직접적인 영향을 받지는 않은 것으로 알려져 있으나, 빙하에 의한 기온 저하의 영향으로 여러 수종들의 분포지 변화가 있었음이 화석자료를 통해서 확인되고 있다(Kong and Watts, 1993). 공우석(2003)에 따르면 눈쭉나무는 가문비나무(*Picea jezoensis*), 소나무(*Pinus densiflora*), 전나무(*Abies holophylla*), 이깔나무(*Larix gmelini*), 주목(*Taxus cuspidata*) 등 6속과 함께 제4기 플라이스토세(pleistocene: 약 200만-1만년 전) 후기에 분포역이 확장되었는데, 이는 플라이스토세 빙하기가 찾아오면서 나타난 한랭한 기후에 이들이 잘 적응한 결과라고 해석하였다. 마지막 빙하기가 끝나는 시기인 10,000년 전을 전후하여 기온상승에 따른 서식환경의 악화와 활엽수종과의 경쟁에서 밀린 한대성 침엽수종들의 분포지가 북반구로 이동하거나 고산지대(피난처)로 이동하였을 것으로 추측되고 있다. 비록 현재의 눈쭉나무의 분포지역이 일부 고산이나 계곡에서 한정된 지역에서만 출현되지만 과거의 넓은 분포지역에서 많은 유전변이량을 유지하면서 진화한 식물임을 감안했을 때 분포범위에 비해서 다양한 유전자를 현재까지 보유할 수 있었을 것으로 사료된다.

2. 집단의 유전구조

조사된 4개의 집단을 대상으로 AMOVA 분석을 수행한 결과 전체 유전변이 가운데 약 13%가 집단간 차이로부터 기인하는 것으로 나타났고, 나머지 약 87%는 집단내 개체간 차이로부터 기인한 것으로 나타났다(Table 3). 이 수치는 I-SSR 표지자 분석을 통해 국내 다른 수종에서 확인된 집단간 분화도와 비교하여 볼 때 비슷한 수준이다. 일반적으로 지리적으로 광범위하게 분포하고, 타기수정하며 장수하는 식물이 그렇지 않은 식물에 비해서 집단내 유전변이량은 많고 집단간 유전적 분화의 정도는 적은 것으로 알려져 있다. 이와 같은 경향은 DNA 표지자 수준에서도 유사한 것으로 보고되고 있다(Nybom and Bartish, 2000). 즉, 지리적으로 좁은 지역에 분포하여 격리된 집단들의 경우 유전자의 교류가 이루어지지 않아 높은 유전적 분화가 발생한다고 알려져 있다. 한편, Wright(1962)는 침엽수의 화분은 그 이동거리가 멀지 않다고 보고한 반면, Anderson(1963)은 *Pinus sylvestris*와 *Picea abies*의 화분이 특수한 환경에서는 매우 장거리까지 이동한다고 발표한 바 있다. 본 논문에서 조사된 집단들의 집단간의 평균 지리적 거리는 약 70 km 이상으로 집단간 화분의 이입이 거의 불가능한 거리이다. 그럼에도 불구하고 눈쭉나무의 집단간 분화정도가 크게 높지 않은 이유는 앞서서도 언급했듯이 과거 넓은 분포범위에서는 유전자 이입이 활

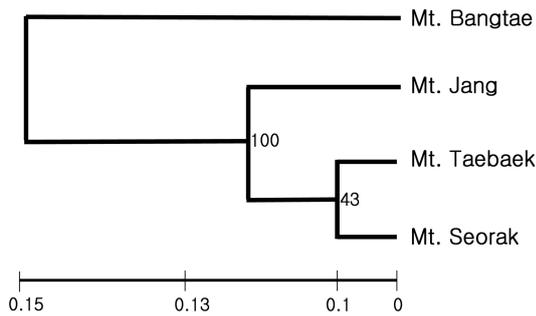


Figure 2. UPGMA dendrogram for four populations of *T. koraiensis*.

발히 이루어졌던 기원집단들에서 현재의 집단들로 진화되었기 때문일 것으로 사료된다. 즉, 현재의 눈쭈백나무의 집단들이 보유하고 있는 유전자들은 과거의 대면적으로 분포하던 공통조상에서 분화하여 형성된 집단일 가능성이 큰 것으로 생각된다. 또한 유무성번식을 겸하면서 진화한다는 점에서 볼 때 현재의 눈쭈백나무 집단들이 과거 기원집단이 보유하고 있던 유전자 조합을 유지하는데 유리했을 것이고 이러한 이유로 인해서 눈쭈백나무 집단간 유전적 분화정도가 크게 높지 않은 것으로 사료된다.

Manhattan의 유전적 거리를 이용하여 UPGMA법에 의한 유집분석을 실시한 결과 지리적 경향은 나타나지 않았다(Figure 2). 각 집단 쌍 간에 Manhattan distance를 구한 결과 설악산과 태백산집단간이 0.10의 최소치를, 방태산과 장산집단간이 0.16으로 최대치를 보였다. 크게 방태산 집단을 제외한 3개의 집단이 가까운 한 그룹으로 유집되었는데, 이는 앞에서 기술하였듯이 방태산집단의 경우 병목현상(bottleneck)과 같은 교란에 의한 결과라고 생각된다. 그러나 이러한 결과에 대한 보다 명확한 답을 얻기 위해서는 자연선택과 격리 등과 관련하여 유전적·생태적 특성에 대한 보다 정밀한 연구가 요구된다.

3. 유전자원 보존전략

눈쭈백나무의 경우 몇몇 고산지대에만 제한적으로 분포하는 수종이기 때문에 유전자원 보전을 위해서는 현지내 보존과 더불어 현지의 보전도 적극적으로 강구되어야 할 것으로 사료된다. 현재 눈쭈백나무의 자생지를 살펴보면, 주로 전석지의 가장자리나 햇빛이 잘 들지 않은 활엽수의 하층 습윤한 곳에서만 자생하고 있다. 설악산집단을 제외한 방태산, 태백산, 장산집단의 경우 주로 전석지대를 중심으로 일부 토양이 나뉘어져 있는 몇몇 부분과 가장자리에서 어렵게 생명을 연장하고 있는 실정이다. 특히 방태산집단의 경우 지구온난화와 산사태 등의 자연재해에 의해 그 서식지의 침식이 심각한 상황에 놓여있으며 몇몇 활엽수종들에게 서식지를 빼앗겨 심각한 위협을 받

Table 3. Analysis of molecular variance with/among populations of *T. koraiensis*.

Source of Variation	D.F.	Sum of squares	Variance components	Percentage of variation (%)
Among populations	3	40.20	0.48	13.02
Within populations	80	258.71	3.23	86.98

고 있는 실정이다.

눈쭈백나무는 고산지대에만 제한적으로 자생하여 분포하며, 목재로서의 가치보다는 조경수 및 희귀 산림 유전자원인 수종으로 지구온난화에 따른 서식지 환경 등을 고려할 때 현지내 보존 방법을 우선적으로 적용하는 것이 바람직한 것으로 사료된다. 현지내 보존을 위해서는 유전변이량과 유전구조를 먼저 파악하게 되는데, 유전변이량이 높다는 것은 유전변이가 낮은 집단이 가지고 있지 않은 유전자를 포함하고 있음을 의미한다. 이는 불확실한 미래 환경에 적응하는데 있어서 보다 유리하다는 것을 의미한다. 그리고 앞에서 언급했듯이 눈쭈백나무 전체 유전변이가 가운데 약 13%가 집단간 차이로부터 기인하는 것으로 나타났다(Table 3). 유전자원보존시 개체수를 늘리는 것도 중요하지만 다수의 집단을 보존하는 것이 타당할 것이다. 방태산 집단의 경우 다른 집단에 비해서 유전적 조성이 다른 집단에 비해서 상대적으로 이질적인 것으로 나타나 보존 가치가 있는 것으로 사료된다(Figure 2). 따라서 유전변이량이 가장 높은 장산집단과 유전적 조성이 다른 집단들과 이질적인 방태산집단이 보존 가치가 큰 것으로 판단된다. 나아가 장기적인 현지내 보존대책으로 유전자원 보존림의 지정을 적극적으로 검토해야 할 것으로 생각한다. 또한 지구온난화와 인간의 간섭 등이 더욱 증대되어 세계적으로 보존가치가 뛰어난 국내 눈쭈백나무의 소멸위기를 초래할 위험성이 높기 때문에 유·무성증식이나 시설저장 등 현지외보존 전략도 병행하여 수립되어야 할 것이다.

인용문헌

- 공우석. 2003. 한반도 식생사. 대우학술총서. 서울. pp. 33.
- 김찬수, 이석우, 고정균. 2007. 한라산의 구상나무. 제주특별자치도 한라산연구소. 제주도. pp. 104.
- 산림청. 1997. 희귀 및 멸종위기 식물도감. 도서출판생명의 나무. 서울. pp. 23.
- 송정호, 이정주, 구영본, 이갑연, 한상돈, 양병훈. 2006. 희귀식물 눈쭈백나무(*Thuja koraiensis* Nak.)의 삼목증식. 한국임학회지 95(4): 393-397.
- 이석우, 김선창, 임경빈, 한상돈, 김원우. 1997. 희귀수종 모감주나무 자생 집단의 잎의 형태적 특성, 식생특성 및

- 유전변이. 한국임학회지 86(2): 167-176.
6. 이창복. 1979. 대한식물도감. 향문사. 서울. pp. 67.
 7. 한상돈, 홍용표, 권해연, 양병훈, 김찬수. 2005. 들쭉나무 격리잔존 2개 집단의 유전변이. 한국임학회지 94(4): 209-213.
 8. 홍용표, 권해연, 양병훈, 이석우, 김찬수, 한상돈. 2004. 설악산 격리 잔존 눈잣나무 집단의 유전적 성상. 한국 임학회지 93(5): 393-400.
 9. Anderson, E. 1963. Seed stands and seed orchards in the breeding of conifers. Word Consult. For. Gen. and For. Tree Imp. Proc. II. FAO/Forgen. 63-8/1: 11-18.
 10. Black, W.C. 1996. RAPDDIST 1.0., RAPDPLOT 2.4. Department of Microbiology, Colorado State University, Fort Collins, CO. USA.
 11. Chung, J.M., Lee, B.C., Kim, J.S., Park, C.W., Chung, M.Y. and Chung, M.G. 2006. Fine-scale genetic structure among genetic individuals of the clone-forming monotypic genus *Echinosophora koreensis* (Fabaceae). Annals of Botany 98(1): 165-173.
 12. Excoffier, L., Smouse, P.E. and Quattro, J.M. 1992. Analysis of molecular variance inferred from metric distance among DNA haplotypes: application to human mitochondrial DNA restriction data. Genetics 131: 479-491.
 13. Hamrick, J.L. and Godt, M.J.W. 1996. Conservation genetics of endemic plant species. In: Avise, J.C., Hamrick, J.L. eds. Conservation genetics. Case histories from nature. Chapman and Hall. New York pp. 281-304.
 14. Hamrick, J.L., Godt, M.J.W. and Sherman-Broyles, S. 1992. Factors influencing levels of genetic diversity in woody plant species. In Population Genetics of Forest Trees. Ed by Adams, W. et al. Kluwer Academic Publishers, Netherlands. pp. 95-124.
 15. Hong, Y.P., Kwon, H.Y., Kim, Y.Y., Kim, C.S. and Han, S.D. 2003. Distribution of I-SSR variants in natural populations of Smile Rosebay (*Rhododendron schlippenbachii* Maxim.) in Korea. Jour. Korean For. Soc. 92(5): 497-503.
 16. Hong, Y.P., Kwon, H.Y., Kim, K.S., Hong, K.N. and Kim, Y.Y. 2004. Discordance between geographical distribution and genetic relationship among populations of Japanese red pine in Korea revealed by analysis of I-SSR markers. Silvae Genetica 53(3): 89-92.
 17. Hong, Y.P., Cho, K.J., Kim, Y.Y., Shin, E.M. and Pyo, S.K. 2000. Diversity of I-SSR variants in the populations of *Torreya nucifera*. Journal of Korean Forest Society 89(2): 167-172.
 18. Hong, Y.P., Cho, K.J., Hong, K.N. and Shin, E.M. 2001. Diversity of I-SSR variants in *Ginkgo biloba* L. plant in 6 regions of Korea. Journal of Korean Forest Society 90(2): 169-175.
 19. Huh, M.K., and Huh, H.W. 2000. Genetic diversity and population structure of *Juniperus rigida* (Cupressaceae) and *Juniperus coreana*. Evol. Ecol. 14: 87-98.
 20. Kong, W.S. and Watts, D. 1993. The plant geography of Korea with an emphasis on the alpine zones. Kowwer Academic Publishers Group. Netherlands. pp. 229.
 21. Kuser, J.E., Meagher, T.R., Sheely, D.L. and White, A. 1997. Allozyme frequencies in New Jersey and North Carolina populations of Atlantic white-cedar, *Chamaecyparis thyoides* (Cupressaceae). Am. J. Bot. 84: 1536-1541.
 22. Kwon, H.Y. and Kim, Z.S. 2002. I-SSR variation within and among Korean populations in *Taxus cuspidata*. Jour. Korean For. Soc. 91: 654-660.
 23. Lee, S.W., Kim, Y.M., Kim, W.W. and Chung, J.M. 2002. Genetic variation of I-SSR markers in the natural populations of rare and endangered tree species, *Oplopanax elatus* in Korea. Jour. Korean For. Soc. 91(5): 565-573.
 24. Milligan, B.G., Leebens-Mack, J. and Strand, A.E. 1994. Conservation genetics beyond the maintenance of marker diversity. Molecular Ecology 3: 423-435.
 25. National Research Council. 1991. Managing global genetic resources. National Academy Press. Washington, D.C. pp. 228.
 26. Nybom, H. and Bartish, I.V. 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.
 27. Page, R.D.M. 1996. TREEVIEW: An application to display phylogenetic trees on personal computers. Computer Applications in the Biosciences 12: 357-358.
 28. Perry, D.J., Knowles, P. and Yeh, F.C. 1990. Allozyme variation of *Thuja occidentalis* L. in northwestern Ontario. Biochem. Syst. Ecol. 18: 111-115.
 29. Rakoczy-Trojanowska, M. and Bolibok, H. 2004. Characteristics and a comparison of three classes of microsatellite based markers and their application in plants. Cellular & Molecular Biology Letters 9(2): 221-238.
 30. Ritland, C., Pape, T. and Ritland, K. 2001. Genetic structure of yellow cedar (*Chamaecyparis nootkatensis*). Can. J. Bot. 79: 822-828.
 31. Schneider, S., Roessli, D. and Excoffier, L. 2000. ARLEQUIN: a software for population genetics data analysis Version 2000. Genetics and Biometry Laboratory, Department of Anthropology. University of Geneva, Geneva, Switzerland.
 32. Shannon, C.E. 1948. A mathematical theory of communication. Bell System Tech. J. 27: 379-656.
 33. Wang, D.L., Li, Z.C., Hao, G., Chiang, T.Y. and Ge, X.J. 2004. Genetic diversity of *Calocedrus macrolepis* (Cupressaceae) in southwestern China. Biochemical Systematics and Ecology 32: 797-807.
 34. Wright, J.W. 1962. Genetic of forest tree improvement. FAO Forestry and Forest Products Studies 16: 1-399.
 35. Wright, S. 1978. Evolution and genetics of population. Vol. 4. Variability within and among natural populations. University of Chicago Press, Chicago, USA.
 36. Yeh, F.C. 1988. Isozyme variation of *Thuja plicata* (Cupres-

saceae) in British Columbia. *Biochem. Syst. Ecol.* 16: 373-377.

37. Yeh, F.C., Yang, R.C. and Boyle, T. 1999. POPGENE. Microsoft Windows-based freeware for population genetic

analysis. Release 1.31. University of Alberta, Edmonton, Canada.

(2008년 8월 27일 접수; 2009년 3월 17일 채택)