

고창갯벌의 염생식물 뿌리로부터 분리된 내생진균의 다양성

유영현 · 윤혁준 · 우주리 · 서영교 · 김미애 · 이경민 · 김종국*

경북대학교 생명과학부

Diversity of Endophytic Fungi from the Roots of Halophytes Growing in Go-chang Salt Marsh

Young-Hyun You, Hyeokjun Yoon, Ju-Ri Woo, Yeonggyo Seo, Miae Kim, Gyeongmin Lee and Jong-Guk Kim*

School of Life Sciences, Kyungpook National University, Daegu 702-701, Korea

(Received May 31, 2012. Revised June 14, 2012. Accepted June 20, 2012)

ABSTRACT : Halophyte samples, such as *Suaeda japonica*, *Phragmites australis*, *Limonium tetragonum*, *Suaeda maritima* were collected from Go-chang salt marsh. Thirty-nine endophytic fungal strains were isolated from the roots of halophytes naturally growing in salt marsh. All endophytic fungal strains isolated were analyzed by internal transcribed spacer (ITS) containing ITS1, 5.8 s and ITS2 region. Endophytic fungal strains belong to eight orders, i.e., Eurotiales (36%), Pleosporales (26%), Hypocreales (18%), Incertae sedis (8%), Glomerellales (5%), Sordariales (2%), Xylariales (2%), and Capnodiales (3%). On genus level, they were composed of *Alternaria*, *Aspergillus*, *Chaetomium*, *Cladosporium*, *Colletotrichum*, *Coniothyrium*, *Dothideomycete*, *Fusarium*, *Gibberella*, *Macrophoma*, *Penicillium*, *Pestalotiopsis*, *Phaeosphaeria*, *Phoma*, *Pleosporales*, *Pseudozyma*, *Talaromyces*, and *Termitomyces*. Of them, *Penicillium* (26%), *Fusarium* (13%) of Eurotiales and Hypocreales were predominant.

KEYWORDS : Endophytic fungi, Fungal diversity, Halophyte, Salt marsh

서 론

습지(Marsh)는 물에 의해 환경이 결정되는 지역으로서 일정기간 이상 물에 잠겨있는 지역을 말하고, 생물종의 서식이 풍부한 것으로 알려져 있다(Park and Lee, 2006). 습지는 람사르(Ramsar)조약의 조항 1.1에서 “습지는 자연적이든/인공적이든, 영구적이든/임시적이든, 물이 정체되어 있든/흐르고 있든, 담수이든/기수이든/염수이든 관계없이 소택지, 습원, 이탄지 또는 물로 된 지역”이라고 규정하고 있다. 그리고 습지는 크게 내륙습지, 인공습지, 염습지로 분류된다.

염 습지는 해상생태계와 육상생태계의 전이대로서, 강과 바다로부터 유기물이 침전되어 해변과 하구에 주로 형성되고, 해수에 의해 발달한 지역으로 관속식물의 분포가 크다(Chapman, 1974). 그리고 서남해안에는 조석간만의 차가 크고 수심이 얕으며 경사가 완만하기 때문에 이런 해안 염습지가 잘 발달해 있다. 우리나라의 해안 염습지에 포함되는 고창갯벌은 2010년에 람사르 습지로 지정등록되었고, 다양한 염생식물(Halophyte)이 자생하는 지역

으로 알려져 있으며, 미생물의 다양성 또한 높다(Kim *et al.*, 2004). 염 습지의 미생물에 대한 연구는 염 습지의 토양에 대한 연구가 주를 이루고 있으며(Gomes *et al.*, 2010; Mohamed and Martiny, 2011), 최근에는 염생식물을 이용한 내생진균류의 다양성과(Khan *et al.*, 2009), 해양성 곰팡이(Marine fungi) 연구가 점차적으로 알려지고 있다(Ding *et al.*, 2011; Zhang *et al.*, 2012).

내생진균은 식물의 생장에 중요한 기능을 한다고 알려져 있고, 식물호르몬인 GA, IAA, ABA와 같은 이차대사산물(Secondary metabolite)을 생산하여 식물생장에 영향을 주는 것으로 알려져 있다(Hamayun *et al.*, 2009; Khan *et al.*, 2011; Khan *et al.*, 2012; Khan *et al.*, 2009). 염 습지의 환경조건인 고온, 건조, 염분은 염생식물의 생장에 대하여 저항성을 가지도록 기여하고, 항균효과 및 면역 활성을 가진다고 알려져 있다(Arnold *et al.*, 2003; Redman *et al.*, 2002; Rodriguez *et al.*, 2004; Rodriguez *et al.*, 2008; Waller *et al.*, 2005). 그리고 염생식물과 공생관계에 있으며, 내염성을 가질 수 있도록 영향을 주는 것이 알려져 있다(Rodriguez *et al.*, 2004; Rodriguez *et al.*, 2008).

본 연구는 우리나라 서해안의 고창갯벌에서 자생하고 있는 염생식물의 뿌리로부터 다양한 내생진균들을 분리동

*Corresponding author <E-mail : kimjg@knu.ac.kr>

정하였다. 그리고 고창갯벌의 다양한 지역에 따른 염생식물의 내생진균의 분포와 다양성지수를 확인하여 내생진균의 계통관계를 확인하였다.

재료 및 방법

식물시료 및 내생진균의 준비

본 연구에서 전라북도 고창군의 고창갯벌에 자생하고 있는 염생식물을 채취하여 실험재료로 사용하였다. 식물시료는 염생식물인 칠면초(*Suaeda japonica*), 갈대(*Phragmites australis*), 갯질경(*Limonium tetragonum*), 해홍나물(*Suaeda maritima*)을 다양한 지역에서 채취하였으며, 채취한 지역은 Table 1에 표기하였다. 그리고 채취한 염생식물은 지역에 따라 식물코드(plant code)로 분류하여 표기하였다.

내생진균의 분리와 배양조건

염 습지에서 채취한 염생식물의 뿌리에 토양을 수세하여 제거하고, 계면활성제(Tween 80)를 10분간 처리 후, 멸균 증류수(sterile distilled water)로 세척하였으며, 과염소산(Perchloric acid) 1%에 10분간 2회 처리 후, 멸균증류수로 세척하였다. 그리고 염생식물 뿌리는 전처리과정 후, 수술용가위(operating scissors)로 3~4 cm 길이로 절단하여 수분을 제거하였다(Seo *et al.*, 2009). 내생진균의 순수분리와 배양을 위하여 스트렙토마이신(Streptomycin) 80 ppm이 함유된 최소배지(Hagem minimal medium)를 사용하여 전처리된 염생식물의 뿌리를 25 °C 배양기에서 배양하였다(Vazquez *et al.*, 2000; Yamada *et al.*, 2001). 그리고 배양된 염생식물 뿌리의 끝 단면에서 내생진균을 potato dextrose agar (PDA)에 계대배양하여 순수 분리하였다(Khan *et al.*, 2008; Kil *et al.*, 2009; You *et al.*, 2011). 염생식물의 뿌리에서 순수 분리한 내생진균들을 배양하기 위하여 potato dextrose broth (PDB)에서 7~14일 동안 100 rpm으로 25 °C조건하에서 진탕배양(Shake culture) 하였으며, 내생진균의 균체(Mycobiont)를 여과하여 균주의 동정을 위하여 5일 동안 동결건조하여 샘플로 사용하였다.

Genomic DNA의 추출과 PCR 반응조건

동결건조 수행된 내생진균의 균체는 DNeasy Plant mini kit(QIAGEN)를 사용하여 genomic DNA를 추출하였다(Hamayun *et al.*, 2009; Khan *et al.*, 2009). 그리고 template 조건은 10 mM Tris-HCl(pH 8.5), 1.5 mM MgCl₂, 200 nM dNTPs, 40 mM KCl, 10 spmol의 primer와 0.1 unit의 Ex-Taq DNA polymerase(Takara, Japan)를 사용하였다. PCR 반응조건은 (95 °C, 2 min) predenaturation, (95 °C, 30 sec) denaturation, (54.5 °C, 1 min) annealing, (72 °C, 1 min) extension, (35 cycles) total cycles, (72 °C, 7 min) final extension 으로 수행하였다. 추출된 genomic DNA는 universal primer ITS1 (5'-TCC GTA GGT GAA

CCT GCG G-3')과 ITS4 (5'-GGA AGT AAA AGT CGT AAC AAG G-3')를 사용하여 rDNA-ITS 영역을 증폭하여 polymerase chain reaction (PCR)을 수행하였다(You *et al.*, 2011). 그리고 증폭된 PCR 산물은 1.5% agarose gel에서 전기영동 후, ethidium bromide (EtBr)을 사용하여 10분 염색 후, UV transilluminator로 전기영동 밴드를 확인 하였다(You *et al.*, 2011). 전기영동 단편들은 QIAquick PCR purification kit (Qiagen Inc., Germany)를 사용하여 정제하였고, ABI PRISM BigDye Terminator Cycle Sequencing Kit (PE Biosystems, Foster City, CA, USA)를 사용하였으며, DNA 단편들은 ABI 310 DNA sequencer (Perkin Elmer, Foster City, CA, USA)를 사용하여 염기서열들을 결정하였다.

내생진균의 계통분석 및 다양성지수 분석

내생진균의 염기서열을 ClustalX program을 사용하여 다중정렬을 수행하였고, Lasergene 7 program과 BioEdit program을 사용하여 염기서열을 확인하였다. 내생진균의 계통분석은 MEGA 4.1 program neighbor-joining(NJ) 방법을 이용하여 분석하였다(Tamura *et al.*, 2007). 그리고 내생진균의 동정을 위하여 rDNA-ITS 영역의 염기서열을 blastn(NCBI)으로 확인하여 분석하였다. 그리고 내생진균의 다양성 분석을 확인하기 위하여 동정된 균주들의 목(Order)과 속(Genus)을 확인하였고, 다양성지수를 확인하기 위하여 Shannon's diversity index (*H'*)를 적용하였으며(Pielou, 1975), 각 식물에 대한 내생진균의 다양성을 분석하였다.

결 과

내생진균의 동정 및 계통학적 유연관계

고창갯벌에 자생하고 있는 6개체의 염생식물로부터 형태적으로 다른 내생진균 39점을 분리 및 선별하였다. 분리된 내생진균은 염생식물 SJ로부터 6점, PA로부터 9점, LT로부터 12점, SM으로부터 3점, SJ1으로부터 5점, PA1로부터 4점으로 39점을 동정하였으며, NCBI의 GenBANK로부터 모든 균주에 대하여 accession number [JX041061-JX041099]를 제공받았다(Table 2).

내생진균의 계통분석은 SJ에서 자낭균문(Ascomycota)인 Pleosporales목에 속하는 *Pleosporales*속, *Coniothyrium*속, *Phoma*속과 Capnodiales목에 속하는 *Cladosporium*속, Eurotiales목의 *Talaromyces*속이 확인 되었으며, 담자균문(Basidiomycota)에서는 목의 분류체계가 명확하지 않은 *Pseudozyma*속이 확인 되었다. 그리고 염생식물 PA에서는 자낭균문에 속하는 Hypocreales목의 *Fusarium*속이 확인 되었고, Pleosporales목 *Phoma*속, *Phaeosphaeria*속, Eurotiales목인 *Aspergillus*속, Glomerellales목에 속하는 *Colletotrichum*속, 목의 분류체계가 명확하지 않은

Table 1. Geographic coordinates of the native plants in salt marsh

Scientific name	Plant code	Site of collection	Habitat
<i>Suaeda japonica</i>	SJ	N 35°33'10.24"/E 126°40'05.37"	Halophytic
<i>Phragmites australis</i>	PA	N 35°33'10.04"/E 126°40'05.15"	Halophytic
<i>Limonium tetragonum</i>	LT	N 35°33'58.97"/E 126°40'09.38"	Halophytic
<i>Suaeda maritima</i>	SM	N 35°33'58.97"/E 126°40'09.27"	Halophytic
<i>Suaeda japonica</i>	SJ1	N 35°33'59.02"/E 126°40'09.27"	Halophytic
<i>Phragmites australis</i>	PA1	N 35°33'59.49"/E 126°40'09.52"	Halophytic

Table 2. The identification of endophytic fungi isolated in this study

Plant code	Fungal Isolates	Closest relative based on sequence homology	Similarity (%)	Accession No.
SJ	11-G-1-5-1	<i>Pleosporales</i> sp. REF141 (JN859361)	92	JX041061
	11-G-1-9-1	<i>Coniothyrium sporulosum</i> 58/2.4 (DQ865113)	95	JX041062
	11-G-1-10-1	<i>Phoma betae</i> 17 (EU594572)	99	JX041063
	11-G-2-8-1	<i>Pseudozyma</i> sp. CBS 10103 (AJ876488)	99	JX041064
	11-G-2-9-1	<i>Cladosporium sphaerospermum</i> (DQ780351)	100	JX041065
	11-G-3-1-1	<i>Talaromyces assiutensis</i> CBS 118440 (JN899320)	99	JX041066
PA	12-G-1-2-1	<i>Aspergillus terreus</i> ATCC 12238 (JQ070071)	100	JX041067
	12-G-1-2-3	<i>Macrophoma</i> sp. TXc4-6 (HQ262514)	99	JX041068
	12-G-1-8-1	<i>Colletotrichum gloeosporioides</i> (JQ218143)	100	JX041069
	12-G-2-5-1	<i>Phoma betae</i> 17 (EU594572)	99	JX041070
	12-G-3-2-1	<i>Fusarium</i> sp. NRRL 52784 (JF740932)	99	JX041071
	12-G-3-2-2	<i>Fusarium</i> sp. NRRL 52776 (JF740929)	100	JX041072
	12-G-3-4-1	<i>Fusarium</i> sp. NRRL 52796 (JF740934)	99	JX041073
	12-G-3-4-2	<i>Phaeosphaeria avenaria</i> (U77359)	94	JX041074
	12-G-3-4-3	<i>Phaeosphaeria avenaria</i> QLF50 (FJ623271)	96	JX041075
LT	13-G-1-2-2	<i>Dothideomycete</i> sp. 7425 (EU680553)	99	JX041076
	13-G-1-6-1	<i>Pestalotiopsis neglecta</i> EY6D (EF055208)	99	JX041077
	13-G-1-7-2	<i>Alternaria tenuissima</i> (JQ417902)	100	JX041078
	13-G-1-8-2	<i>Penicillium</i> sp. F35 (JF439501)	99	JX041079
	13-G-1-8-4	<i>Penicillium</i> sp. SF142 (GU985213)	98	JX041080
	13-G-1-9-1	<i>Fusarium</i> sp. NRRL 52796 (JF740934)	99	JX041081
	13-G-1-10-1	<i>Chaetomium globosum</i> (JN198497)	100	JX041082
	13-G-2-5-1	<i>Colletotrichum gloeosporioides</i> 22 (JQ417212)	100	JX041083
	13-G-2-6-1	<i>Penicillium marneffeii</i> AN5 (JN974772)	99	JX041084
	13-G-2-6-2	<i>Penicillium verruculosum</i> AT010 (HQ607791)	99	JX041085
	13-G-2-7-1	<i>Penicillium citrinum</i> CR-2 (GU377267)	100	JX041086
	13-G-3-5-2	<i>Penicillium oxalicum</i> SCSAAF0017 (JQ647900)	100	JX041087
SM	14-G-2-1-1	<i>Alternaria tenuissima</i> (JQ417902)	100	JX041088
	14-G-2-9-1	<i>Penicillium simplicissimum</i> CY160 (HQ607998)	98	JX041089
	14-G-3-1-2	<i>Pleosporales</i> sp. REF141 (JN859361)	92	JX041090
SJ1	15-G-1-5-1	<i>Cladosporium cladosporioides</i> UM99 (JQ619815)	100	JX041091
	15-G-2-5-1	<i>Gibberella moniliformis</i> FJAT-3752 (JQ277274)	99	JX041092
	15-G-2-7-1	<i>Penicillium simplicissimum</i> LP42 (HQ392489)	99	JX041093
	15-G-2-10-1	<i>Fusarium oxysporum</i> BWH-Z (JQ301898)	100	JX041094
	15-G-3-3-1	<i>Penicillium pinophilum</i> CB42 (JQ228239)	100	JX041095
PA1	16-G-1-8-3	<i>Gibberella intermedia</i> E2 (JQ363737)	100	JX041096
	16-G-2-1-2	<i>Penicillium marneffeii</i> (JN974772)	100	JX041097
	16-G-2-2-4	<i>Termitomyces aurantiacus</i> TA (GU594649)	99	JX041098
	16-G-2-7-2	<i>Phoma betae</i> 17 (EU594572)	98	JX041099

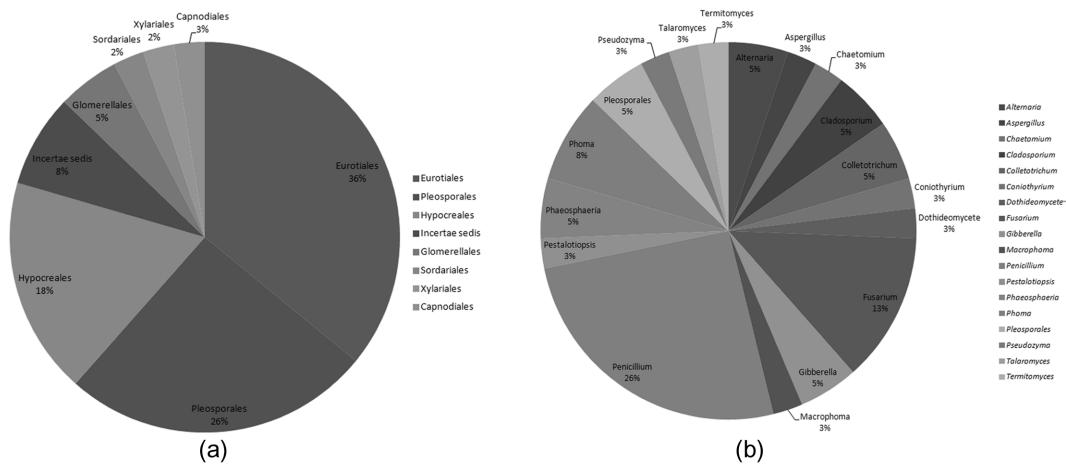


Fig. 1. Composition of all endophytic fungi. The graph expressed that all isolated fungal strains belong to the genus (%). A) Fungal taxonomic (Order), B) Fungal taxonomic (Genus).

Table 3. Diversity index and distribution of endophytic fungi isolated from native plants in salt marsh

Fungal genera	Plant code	SJ	PA	LT	SM	SJ1	PA1	Total
<i>Alternaria</i>				1	1			2
<i>Aspergillus</i>			1					1
<i>Chaetomium</i>				1				1
<i>Cladosporium</i>		1				1		2
<i>Colletotrichum</i>			1	1				2
<i>Coniothyrium</i>		1						1
<i>Dothideomycete</i>				1				1
<i>Fusarium</i>			3	1		1		5
<i>Gibberella</i>						1	1	2
<i>Macrophoma</i>			1					1
<i>Penicillium</i>				6	1	2	1	10
<i>Pestalotiopsis</i>				1				1
<i>Phaeosphaeria</i>			2					2
<i>Phoma</i>		1	1				1	3
<i>Pleosporales</i>		1			1			2
<i>Pseudozyma</i>		1						1
<i>Talaromyces</i>		1						1
<i>Termitomyces</i>							1	1
Total		6	9	12	3	5	4	39
Shannon's diversity index		1.7918	1.6770	1.5890	1.0986	1.3322	1.3863	

Macrophoma 속이 확인 되었다. 염생식물 LT는 Eurotiales 목에 속하는 *Penicillium*속이 확인 되었고, Hypocreales목에 속하는 *Fusarium*속, Pleosporales목의 *Alternaria*속, Sordariales목에 속하는 *Chaetomium*속, Glomerellales목에 속하는 *Colletotrichum*속, Xylariales목에 속하는 *Pestalotiopsis* 속, 그리고 목의 분류체계가 명확하지 않은 *Dothideomycete*속이 확인 되었다. 염생식물 SM에서는 자낭균문 Pleosporales목에 속하는 *Alternaria*속, *Pleosporales*속이 확인 되었고, Eurotiales목의 *Penicillium*속이 확인 되었다. 염생식물 SJ1에서는 Hypocreales목에 속하는

*Gibberella*속, *Fusarium*속이 확인 되었고, Eurotiales목의 *Penicillium*속이 확인 되었으며, Capnodiales목에 속하는 *Cladosporium*속이 확인되었다. 그리고 염생식물 PA1에서는 자낭균문 Eurotiales목의 *Penicillium*속, *Termitomyces*속이 확인되었고, Hypocreales목의 *Gibberella*속과 Pleosporales목의 *Phoma*속이 확인 되었다.

염생식물에 대한 내생진균류의 다양성지수 분석

고창갯벌에서 자생하는 식물의 뿌리로부터 분리된 내생진균의 유전학적 다양성을 확인하기 위하여 Shannon's

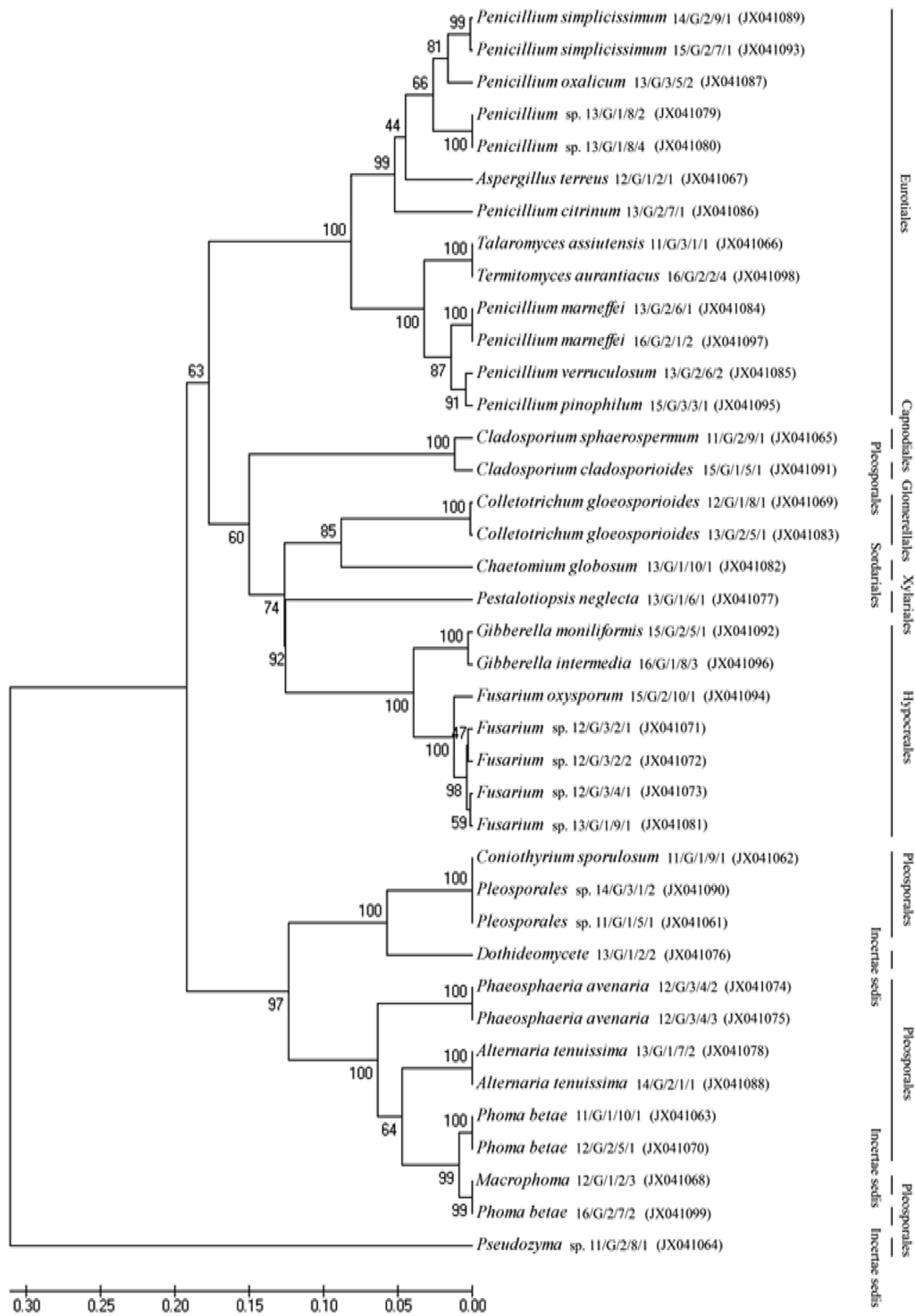


Fig. 2. Dendrogram analysis of endophytic fungi using rDNA-ITS sequences. A phylogenetic tree was constructed using 39 taxa with neighbor joining (1000 bootstrap replications). Phylogenetic tree expressed that all isolated endophytic fungi belong to the Genus.

diversity index를 확인 하였다. 모든 내생진균은 SJ에서 6 속, PA에서 6속, LT에서는 7속, SM에서는 3속, SJ1에서는 4속, PA1에서는 4속의 내생진균류가 확인 되었으며, 분리된 내생진균을 목과 속으로 분류하여 각 구성비(%)를 나타내었다(Fig. 1). 그리고 본 연구에서 분리 동정된

내생진균의 계통학적 유의성을 확인하기 위하여 계통수를 작성 하였다(Fig. 2). 그리고 염생식물에 따른 내생진균의 다양성 지수는 SJ(1.7918), PA(1.6770), LT(1.5890), SM(1.0986), SJ1(1.3322), 그리고 PA1(1.3863)으로 확인 되었다(Table 3).

고찰

본 연구는 고창갯벌에 자생하고 있는 다양한 염생식물과 공생관계에 있을 것으로 생각되는 내생진균을 분리동정하여 균류들 간의 계통분석을 수행하였고, 염생식물 6개체에 따른 내생진균의 다양성 및 다양성지수를 확인하였다. 내생진균은 자낭균문에 속하는 Capnodiales, Eurotiales, Glomerellales, Hypocreales, Pleosporales, Sordariales, Xylariales에 속하는 다양한 목의 내생진균류들이 분포하는 것을 확인 할 수 있었고, 담자균문에 속하는 목의 분류체계가 명확하지 않은 *Pseudozyma*속의 균주가 확인되었다.

Shannon's 다양성 지수는 염생식물 중에서 SJ로부터 분리된 내생진균의 다양성이 1.7918으로 가장 높은 지수로 확인 되었고, SM으로부터 분리된 내생진균의 다양성 지수가 1.0986으로 가장 낮은 지수로 확인되었다. 본 연구에서는 우리나라의 다양한 염 습지 중에서 고창갯벌에 자생하는 염생식물의 뿌리로부터 내생진균류의 분포 및 다양성을 확인하였고, 본 연구를 기반으로 다른 응용 연구 및 분류체계가 명확하지 않은 균류의 연구가 필요할 것이며, 염 농도 및 특수한 조건을 가지는 환경에서 균류 자원연구에 기초자료가 될 것이라 생각된다.

적요

염생식물인 칠면초, 갈대, 갯질경, 해홍나물을 고창갯벌로부터 채집하였으며, 39점의 내생진균을 염 습지에 자생하고 있는 염생식물의 뿌리로부터 분리하였다. 내생진균들은 ITS1, 5.8s와 ITS2를 포함하는 ITS-rDNA 영역에 의해 분석되었다. 다양한 내생진균은 Eurotiales (36%), Pleosporales (26%), Hypocreales (18%), Incertae sedis (8%), Glomerellales (5%), Sordariales (2%), Xylariales (2%), Capnodiales (3%)등 8종류 목에 속하는 것으로 확인되었다. 39점의 내생진균은 속(genus)단계에서 *Alternaria*, *Aspergillus*, *Chaetomium*, *Cladosporium*, *Colletotrichum*, *Coniothyrium*, *Dothideomycete*, *Fusarium*, *Gibberella*, *Macrophoma*, *Penicillium*, *Pestalotiopsis*, *Phaeosphaeria*, *Phoma*, *Pleosporales*, *Pseudozyma*, *Talaromyces*, 그리고 *Termitomyces*에 포함되는 것으로 분석되었다. 그리고 내생진균은 Eurotiales목의 *Penicillium*속이 가장 많이 분포하고 있는 것으로 분석되었다.

감사의 글

본 연구는 환경부 “차세대 에코이노베이션기술개발사업”으로 지원 받은 연구이며, 연구비 지원에 감사를 드립니다.

참고문헌

- Arnold, E. A., Mejia, L. C., Kylo, D., Rojas, E., Maynard, Z., Robbins, N. and Herre, E. A. 2003. Fungal endophytes limit pathogen damage in a tropical tree. *PNAS* 100:15649-15654.
- Chapman, V. J. 1974. Salt marshes and salt deserts of the world. In ecology of halophytes. Academic Press, pp.3-22. New York, USA.
- Ding, B., Yin, Y., Zhang, F. and Li, Z. 2011. Recovery and phylogenetic diversity of culturable fungi associated with marine sponges *Clathrina luteoculcitella* and *Holoxea* sp. in the South China Sea. *Mar. Biotechnol.* 13:713-21.
- Gomes, N. C. M., Cleary, D. F. R., Pinto, F. N., Egas, C., Almeida, A., Cunha, A., Mendona-Hagler, L. C. S. and Smalla, K. 2010. Taking root: enduring effect of rhizosphere bacterial colonization in mangroves. *PLoS ONE* 5, e14065.
- Hamayun, M., Khan, S. A., Khan, M. A., Khan, A. L., Kang, S. M., Kim, S. K., Joo, G. J. and Lee, I. J. 2009. Gibberellin production by pure cultures of a new strain of *Aspergillus fumigatus*. *World J. Microbiol. Biotechnol.* 25:1785-1792.
- Khan, A. L., Hamayun, M., Ahmad, N., Hussain, J., Kang, S. M., Kim, Y. H., Adnan, M., Tang, D. S., Waqas, M., Radhakrishnan, R., Hwang, Y. H. and Lee, I. J. 2011. Salinity stress resistance offered by endophytic fungal interaction between *Penicillium minioluteum* LHL09 and *Glycine max.* L. *J. Microbiol. Biotechnol.* 21:893-902.
- Khan, A. L., Hamayun, M., Kang, S. M., Kim, Y. H., Jung, H. Y., Lee, J. H. and Lee, I. J. 2012. Endophytic fungal association via gibberellins and indole acetic acid can improve plant growth under abiotic stress: an example of *Paecilomyces formosus* LHL10. *BMC Microbiol.* 12:3.
- Kim, B. S., Oh, H. M., Kang, H., Park, S. and Chun, J. 2004. Remarkable bacterial diversity in the tidal flat sediment as revealed by 16S rDNA analysis. *J. Microbiol. Biotechnol.* 14:205-211.
- Khan, S. A., Hamayun, M., Rim, S. O., Lee, I. J., Seu, J. C., Choo, Y. S., Jin, I. N., Kim, S. D., Lee, I. K. and Kim, J. G. 2008. Isolation of endophytic fungi capable of plant growth promotion from monocots inhibited in the coastal sand dunes of Korea. *Korean J. Life Sci.* 18:1355-1359.
- Khan, S. A., Hamayun, M., Kim, H. Y., Yoon, H. J., Lee, I. J. and Kim, J. G. 2009. Gibberellin production and plant growth promotion by a newly isolated strain of *Gliomastix murorum*. *World J. Microbiol. Biotechnol.* 25:829-833.
- Kil, Y. J., Eo, J. K. and Eom, A. H. 2009. Molecular identification and diversity of endophytic fungi isolated from *Pinus densiflora* in Boeun, Korea. *Korean J. Mycol.* 37:130-133.
- Mohamed, D. J. and Martiny, J. B. 2011. Patterns of fungal diversity and composition along a salinity gradient. *ISME J.* 5:379-388.
- Park, K. H. and Lee, H. K. 2006. Establishment of the wetland ecosystem information system based on Web-GIS in Gyeongnam region. *J. Environ. Res.* 6:99-103.
- Pielou, E. C. 1975. Ecological diversity. John Wiley, p 165. New York, USA.
- Redman, R. S., Sheehan, K. B., Stout, R. G., Rodriguez, R. J. and Henson, J. M. 2002. Thermotolerance conferred to plant host and fungal endophyte during mutualistic symbiosis. *Science* 298:1581.
- Rodriguez, R. J., Redman, R. S. and Henson, J. M. 2004. The role of fungal symbioses in the adaptation of plants to high

- stress environments. *Mitigation and Adaptation Strategies for Global Change*. 9:261-272.
- Rodriguez, R. J., Henson, J., Van, V. E., Hoy, M., Wright, L., Beckwith, F., Kim, Y. and Redman, R. S. 2008. Stress tolerance in plants via habitat-adapted symbiosis. *ISME J*. 2:404-416.
- Seo, S. T., Kim, K. H., Kim, M. J., Hong, J. S., Park, J. H. and Shin, S. C. 2009. Diversity of fungal endophytes from *Pinus koraiensis* leaves in Korea. *Korean J. Mycol.* 37:108-110.
- Tamura, K., Dudley, J., Nei, M. and Kumar, S. 2007. Molecular evolutionary genetics analysis (MEGA) software version 4.0. *Mol. Bio. Evol.* 24:1596-1599.
- Vazquez M. M., Cesar, S. Azcon, R. and Barea, J. M. 2000. Interaction between arbuscular mycorrhizal fungi and other microbial inoculants (*Azospirillum*, *Pseudomonas*, *Trichoderma*) and their effects on microbial population and enzyme activities in the rhizosphere of maize plants. *Appl. Soil Ecol.* 15:261-272.
- Waller, F., Achatz, B., Baltruscha, T. H., Fodor, J., Becker, K., Fischer, M., Heier, T., Hckelhoven, R., Neumann, C., Wetstein, D. V., Franken, P. and Kogel, K. H. 2005. The endophytic fungus *Piriformospora indica* reprograms barley to saltstress tolerance, disease resistance, and higher yield. *PNAS*. 102:13386-13391.
- Yamada, A., Takeo, O., Yosuke, D. and Masatake, O. 2001. Isolation of *Tricholoma matsutake* and *T. bakamatsutake* cultures from field-collected ectomycorrhizas. *Mycoscience*. 42:43-50.
- You, Y. H., Yoon, H., Lee, G. S., Woo, J. R., Shin, J. H., Lee, I. J., Rim, S. O., Choo, Y. S. and Kim, J. G. 2011. Diversity and plant growth-promotion of endophytic fungi isolated from the roots of plants in Dokdo islands. *Korean J. Life Sci.* 21:992-996.
- Zhang, X. Y., Bao, J., Wang, G. H., He, F., Xu, X. Y. and Qi, S. H. 2012. Diversity and antimicrobial activity of culturable fungi isolated from six species of the South China sea gorgonians. *Microb. Ecol.* In press. DOI 10.1007/s00248-012-0050-x.