

한국 희귀 특산식물 꼬리말발도리 집단의 유전적 다양성 및 구조

손성원, 최경수¹, 박규태¹, 김은혜, 박선주^{1*}

국립수목원 산림자원보존과, ¹영남대학교 생명과학과

Genetic Diversity and Structure of the Korean Rare and Endemic Species, *Deutzia paniculata* Nakai, as Revealed by ISSR Markers

Sung-Won Son, Kyoung Su Choi¹, Kyu Tae Park¹, Eun-Hye Kim and Seon Joo Park^{1*}

Plant Conservation Division, Korea National Arboretum, Pocheon 487-821, Korea

¹Department of Life Science, Yeungnam University, Gyeongsan 712-749, Korea

Abstract - *Deutzia paniculata* Nakai is a Korean endemic species that has a very restricted distribution in Gyeongsang-do, South Korea. The genetic diversity and structure of five populations of *D. paniculata* were investigated using 31 ISSR loci from six primers. The Shannon's index (0.429) and genetic diversity (0.271) were relatively higher than those of other rare plant species in Korea. The Miryang (MY) and Yangsan (YS) populations, which have higher flowering rates than the other populations, showed greater genetic diversity than the other populations. An analysis of the molecular variance (AMOVA) showed that 16% of the total variation could be attributed to differences among the populations, and 84% to the differences within populations, indicating moderate gene flow among adjacent populations. The high genetic diversity and low genetic differentiation in the *Deutzia paniculata* populations, which have a restricted distribution, is considered to be affected by outcrossing of the mating system and abundant individuals in the populations. These results suggest that *ex situ* conservation strategies are needed to sustain the current genetic diversity of *D. paniculata*.

Key words - *Deutzia paniculata* Nakai, Endemic species, Genetic diversity and structure, ISSR, *Ex situ* conservation

서 언

한국 특산식물은 한반도의 자연환경에 적응 진화 해온 세계적으로 한국에만 분포하는 식물로, 우리나라만이 가지고 있는 귀중한 유전자원이다(Kim, 2004). 특히 이러한 특산식물 중에서 일부 지역에 제한적으로 분포하는 분류군의 경우 자연적 및 인위적 요인으로 멸종위험에 크게 노출되어 있으며, 우리나라의 고유한 생물 유전자원이라는 측면에서도 매우 중요한 가치를 지니고 있어 국가 수준에서 적절한 보전대책 수립이 시급하다.

꼬리말발도리(*Deutzia paniculata* Nakai)는 수국과(Hydrangeaceae Dumort.)의 말발도리속(*Deutzia* Thunb.) 식물 중에서 원추화서를 가지는 애기말발도리열(*ser. Gragilis*)에 속하는 한국 특산식물이다(Zaikonnikova, 1996; Kim 2003, Oh *et al.*, 2005; Chang *et al.*, 2007). 꼬리말발도리는 낙엽성

관목으로 주로 4-5월에 가지 끝에 발달하는 원추화서에 20-40개의 흰색의 양성화가 모여 달리며, 열매는 9-10월에 삭과로 익는다(Lee, 1980; Kim, 2003). 화분 매개충으로는 벌목(Hymenoptera) 꿀벌과(Apidae)의 *Lasioglossum exiliceps* (Vachal)과 파리목(Diptera) 꽃등애과(Syrphidae)의 호리꽃등애(*Allograpta balteata* (de Geer))로 알려져 있으며, 교배양식(mating system)은 완전한 타가수정(outcrossing)을 하는 식물인 것으로 조사 되었다(Kim, 2003). 또한 꼬리말발도리는 주로 산림 내 계곡의 가장자리 사면이나 바위틈, 또는 전석지에 생육하고 있으나, 간혹 산지의 능선에서도 생육하기도 한다(S.W. Son, pers. obs.).

꼬리말발도리는 북한의 원산 지역에서 최초로 채집되어 기재되었으나, 현재 우리나라에서는 주로 경상남북도 일부지역에서만 드물게 분포가 확인되고 있어, 특산식물 중에서도 매우 좁은 분포 범위를 가지는 식물이다(Chung and Shin, 1986; Kim, 2003). 이에 따라 IUCN 적색목록의 범주(category) 및 기준(criteria)에 의한 보전지위 평가 결과 'Critically Endangered'

*교신저자(E-mail) : sjpark01@ynu.ac.kr

(Chang *et al.*, 2001), ‘Endangered’(Korea National Arboretum, 2008), 그리고 ‘Vulnerable’(National Institute of Biological Resources, 2012)으로 각각 평가되기도 하였다.

멸종위기식물에 대한 효과적인 보전대책을 수립하기 위해서는 우선적으로 대상 식물의 분류, 생태, 유전 등의 생물학적 특성에 관한 기초 정보 축적이 요구된다. 이 중 식물 종에 대한 집단 유전학적 연구는 보전 생물학 연구에서 필수적인 분야라 할 수 있는데, 이러한 연구 결과들은 해당 식물 집단의 유전자 흐름이나 적응 능력 및 진화 역사에 대한 정보를 제공해 주기 때문이다(Avise, 1994; Hartl and Clark, 1997). 특히 분포가 제한적이거나 집단이 파편화 되어 있는 희귀 특산식물에 대한 유전적 부동(genetic drift), 병목현상(bottleneck effects), 근친교배(inbreeding) 등의 현상과 원인들을 구명함으로써 해당식물에 대한 이해와 더불어 향후 적절한 보전대책 수립에 중요한 정보를 제공해 줄 수도 있다. 따라서 본 연구에서는 전 세계적으로 매우 제한된 분포범위를 갖는 희귀 특산식물인 꼬리말발도리 집단들의 유전적 다양성 및 집단 간 유전적 분화를 조사하여, 본 식물 집단에 대한 보전생물학적 이해를 넓히고, 향후 자생 집단의 적절한 보전 대책 수립을 위한 정보를 제공하고자 수행되었다.

재료 및 방법

자생지 분포현황 조사

꼬리말발도리의 국내 분포 현황을 구체적으로 파악하기 위해 문헌 자료 및 표본정보를 수집하였으며, 또한 일부 자생 집단에 대한 현장조사를 통해 자생지 정보를 기록하였다. 표본 정보는 국립수목원 표본관(KH)에 소장된 표본과 국가생물종지식정보시스템(<http://www.nature.go.kr>)에서 제공된 자료를 이용하였으며, 문헌자료는 꼬리말발도리의 분포 정보가 제공되어 있는 논문과 일부 도감을 이용하였다(Appendix 1). 수집된 자생지 정보는 GPS 좌표로 변환하여 중복된 지점을 최소화 하였으며, ArcView GIS v3.3 프로그램을 이용하여 분포지도를 작성하였다(Fig. 1).

자생지 특성조사 및 재료수집

꼬리말발도리 집단의 유전적 다양성 및 구조를 파악하기 위해 분포 중심지 및 변두리 지역에 해당하는 5개 집단(대구, 밀양, 양산, 울산, 부산)으로부터 총 155개체의 시료를 채취하였다. 조사된 각 집단은 지리적으로 약 18–90 km 정도 떨어져 있으며, 해발 150–700 m 범위의 주로 낙엽 활엽수림의 계곡부를

따라 인접한 사면이나 바위틈에 붙연속적인 개체군을 형성하고 있었다. 조사된 대부분의 집단은 울창한 낙엽활엽수림 아래의 관목층을 형성하였으며, 특히 5개 집단 중에서 양산(YS)과 밀양(MY) 집단의 경우 교목층의 밀도가 다소 낮아 상층수관이 다른 집단에 비해 상대적으로 열려 있었으며, 개화 개체수 또한 다소 높은 비율로 관찰되었다(Table 1). 또한, 대구(DG) 집단은 현재 까지 자생지가 밝혀진 꼬리말발도리 분포의 가장 북쪽에 해당하며 부산(BS) 집단은 비교적 분포 중심에서 다소 남쪽에 해당한다(Fig. 1). 이러한 각 집단의 생태적 특성 및 지리적 분포 범위를 고려하여 각 집단을 대표 할 수 있도록 개체간의 거리를 최소 5 m 이상 유지하면서 유전 분석을 위한 소량의 잎을 채취하였다. 각 집단의 크기 및 특성은 Table 1과 같다.

DNA 추출 및 ISSR PCR

DNA 추출은 Doyle and Doyle(1987)의 CTAB 방법을 수정한 Saghai-Marooof *et al.*(1984)의 방법에 따라 추출하였으며, 50 개의 UBC ISSR primer(Biotechnology Laboratory, University of British Columbia) 중에서 재현성이 높고 변이가 풍부한 6개를 선정하였다. Polymerase chain reaction (PCR)은 주형 DNA 5–10 ng, 1X PCR reaction buffer, 0.1 mM dNTPs, 0.0025%

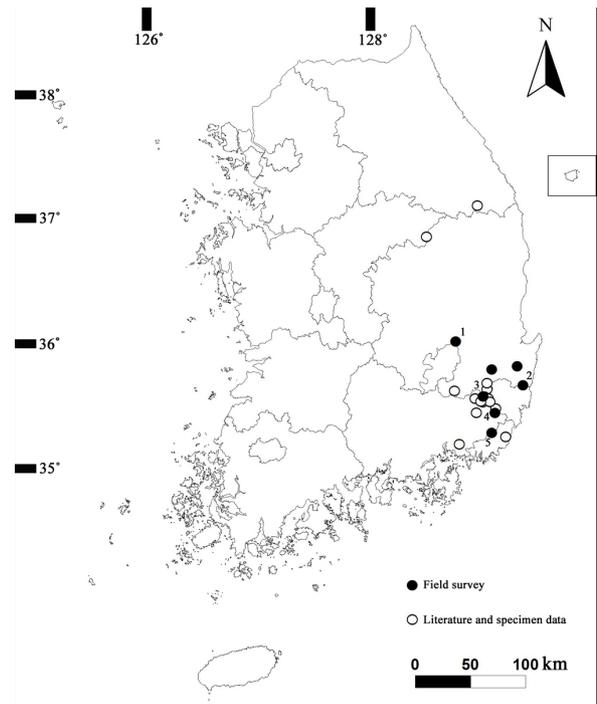


Fig. 1. Distribution map and sampling sites (1-5) of *D. paniculata* (1. DG; 2. US; 3. MY; 4. YS; 5. BS).

Table 1. Population sizes and ecological characteristics on sampling sites of *D. paniculata*

Population	Pop. size	Alt (m)	TOP	NF (%)	Cov (%)
US(울산)	~500	300-400	V, MS	20	80
DG(대구)	>2,000	500-700	V, MS	40	85
BS(부산)	>2,500	400-550	V, MS	30	75
MY(밀양)	>1,500	450-600	V, MS	70	60
YS(양산)	>3,000	150-300	V, LS	65	55

Pop. size, estimated number of individuals; Alt, altitude; TOP, topography (V, valley; LS, low slope; MS, middle slope); NF, number of flowering individuals (%); Cov, coverage of the canopy layer (%).

BSA, 0.6 unit Taq DNA polymerase, 0.375 μM의 primer에 total volume이 총 15μl 되도록 증류수를 조절하여 첨가하였다. 이러한 반응액을 94°C에서 5분 동안 initial denaturation 한 후 denaturation 94°C 30초, annealing 50-54°C 30초, extension 72°C 1분으로 구성된 반응을 45회 반복한 후 최종적으로 72°C에서 10분간 extension하여 수행하였다. 증폭산물은 1X TBE buffer를 사용하여 1.6% agarose gel에서 3시간 동안 전기영동한 후, EtBr(Ethidium Bromide)로 정색 후 UV 조명 아래서 밴드의 유무를 판정하여 data matrix를 작성하였다.

자료 분석

UV 조명하에 촬영된 사진 자료로부터 재현성이 높고 다형성을 보이는 band만을 유전분석에 이용하였다. 각 size별로 관찰된 band를 유전자좌의 산물로 간주하였으며, band의 존재 유무에 따라 “1(출현)”과 “0(비출현)”으로 코딩하여 단일유전자좌의 두 가지 표현형(dominant, null)의 빈도를 근거로 data matrix를 작성하였다. 하지만 다른 연구 결과와의 비교를 위해서 열성 표현형의 관찰 빈도를 이용하여 Hardy-Weinberg 평형 가정 하에 기대되는 대립유전자의 빈도를 추정하여 Nei’s(1973) 유전자 다양도(*h*)를 추정하였다. POPGENE 프로그램(Yeh *et al.*, 1999)을 이용하여 다형적 유전자좌의 비율(*P*)과 유전자좌당 대립유전자수(*A*), 유전자좌당 유효대립유전자 수(*A_e*), Shannon’s information index (*S_i*) (Shannon and Weaver, 1949)를 각각 계산하였다. 유전다양성의 집단 내 또는 집단 간의 계층적 분포 양상을 알아보기 위해 Arlequin 3.1(Excoffier and Schneider, 2005)을 이용하여 AMOVA (analysis of molecular variance) 분석을 수행하였다. 집단 간 유연관계를 알아보기 위해 유전적 거리를 근거로 PHYLIP v3.5c(Felsenstein, 1993)의 NEIGHBOR 프로그램에서 UPGMA(Sneath and Sokal, 1973)방법으로 유 집한 후 최종적으로 FigTree v.1.3. 프로그램을 이용해서

dendrogram을 산출하였다.

결 과

꼬리말발도리의 분포

우리나라 특산식물인 꼬리말발도리에 대한 연구문헌 및 표본정보와 현지조사를 통해 분포도를 작성하였다(Fig. 1). 본 연구를 통해 작성된 분포도에 의하면 꼬리말발도리는 경상남북도 지역에 주로 분포하고 있었으며, 특히 청도, 밀양, 양산 등의 지역이 꼬리말발도리의 분포 중심지로 생각된다. 현지 조사에 의하면 대구 팔공산 지역이 꼬리말발도리 분포의 가장 북쪽에 위치하는 것으로 조사 되었으나, 표본자료 검토 결과 2010년 강원도 태백산에서 채집된 기록과, 1969년 소백산에서도 채집된 기록이 나타나고 있어(Appendix 1.) 향후 이들 지역에 대한 정밀한 분포조사가 필요할 것으로 보인다. 남쪽으로는 창원시 진해구 불모산에서 채집된 기록이 있으나 이후 이 지역에서 더 이상 분포가 확인되지 않고 있으며(Kim, 2003), 현지 조사 결과 부산 금정산에서 최초로 분포를 확인하였다(Fig. 1).

꼬리말발도리 집단의 유전적 다양성 및 구조

꼬리말발도리 집단의 유전다양성 분석에 사용된 6개의 ISSR primer로부터 얻어진 증폭산물의 31개 유전자좌를 분석한 결과, 1개의 유전자좌를 제외한 30개는 5집단 모두에서 변이가 관찰되어 높은 다형성을 나타내었다. 30개 유전자좌 중 7개가 모든 집단에서 공통으로 나타난 주대립유전자였고, 나머지 23개는 집단에 따라 다르게 나타났다. 꼬리말발도리의 종수준에서의 다형적 유전자좌의 비율(*P*)의 평균은 87.1%로 나타났으며, 각 집단에서 계산된 평균은 76.1%로 나타났다. 유전자좌당 평균 대립유전자수(*A*)는 밀양(MY) 집단이 1.87로 가장 높았으며, 울산(US) 집단이 1.74로 가장 낮게 나타났고, 유효대립유전자

Table 2. Genetic variability at 31 ISSR loci in five populations of *D. paniculata*

Population	<i>N</i>	<i>P</i>	<i>A</i>	<i>A_e</i>	<i>SI</i>	<i>h</i>
US(울산)	32	64.5	1.74	1.45	0.387	0.274
DG(대구)	32	80.6	1.81	1.48	0.417	0.261
BS(부산)	30	74.2	1.81	1.46	0.415	0.232
MY(밀양)	30	80.6	1.87	1.53	0.461	0.280
YS(양산)	31	80.6	1.81	1.56	0.466	0.309
Mean	31	76.1	1.81	1.50	0.429	0.271
Overall	155	87.1	1.97	1.60	0.508	0.343

N number of individuals analyzed, *P* percentage of polymorphic loci, *A* number of alleles per locus, *A_e* effective number of alleles per locus, *SI* Shannon and Weaver (1949) index, *h* Nei's (1973) genetic diversity.

Table 3. Analysis of molecular variance (AMOVA) at the ISSR in five populations of *D. paniculata*

Source of variation	d.f.	Sum of squares	Variance components	Percentage of variation (%)
Among populations	4	92.690	0.864	15.59
Within populations	151	482.051	4.680	84.41
Total	155	574.741	5.544	

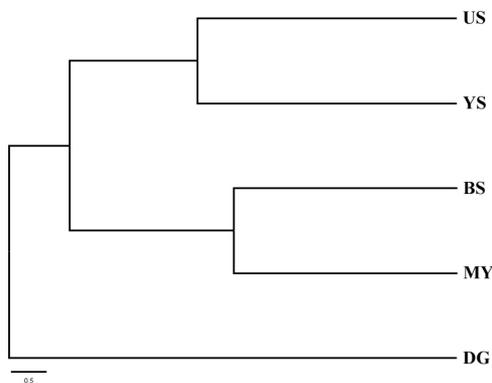


Fig. 2. Dendrogram using the UPGMA method based on Nei's (1978) genetic distance for eight populations of *D. paniculata*.

수(*A_e*)는 양산(YS) 집단이 1.56으로 가장 높게 나타났고, 부산(BS) 집단이 1.46으로 가장 낮은 값을 보여주었다. 종 수준에서의 꼬리말발도리의 유전다양성을 나타내는 Shannon index(*SI*)와 Nei's genetic diversity(*h*)는 각각 0.508, 0.343으로 나타났으며, 집단 수준에서의 평균은 각각 0.429, 0.271로 나타났다. 집단별로는 양산(*SI*=0.466, *h*=0.309)과 밀양(*SI*=0.461, *h*=0.280) 집단이 다른 집단에 비해 비교적 높은 유전다양성을 나타내었다(Table 2).

Table 4. Nei's genetic identity (above diagonal; km) and Nei's genetic distance (below diagonal)

Pop.	US	DG	BS	MY	YS
US	-	0.8917	0.8684	0.9168	0.9309
DG	0.1146	-	0.8558	0.9013	0.8863
BS	0.1411	0.1557	-	0.9402	0.8871
MY	0.0869	0.1039	0.0616	-	0.9230
YS	0.0716	0.1207	0.1198	0.0802	-

꼬리말발도리 집단의 유전적 분화 및 유연관계

조사된 5개 집단에 대한 AMOVA 분석 결과 전체 유전 변이의 약 16%가 집단 간 차이에 기인하는 것으로 설명되었으며, 나머지 84%는 집단 내 개체 간에 존재하는 것으로 나타났다(Table 3). 한편, 지리적으로 가장 먼 거리를 보이는 대구(DG)와 부산(BS) 집단이 유전적 거리 또한 0.1557로 가장 높은 값을 보여 주었으며, 밀양(MY)과 부산(BS) 집단의 유전적 거리는 0.0616으로 가장 가까운 것으로 나타났다(Table 4). 집단 간 유전적 거리를 기초로 UPGMA (Sneath and Sokal, 1973)법에 의한 유집분석을 실시한 결과 꼬리말발도리의 분포 중심지에 해당하는 부산과 밀양, 울산과 양산 집단이 각각 유집된 후 분포의 가장자리에 해당하는 대구 집단과 최종적으로 유집되는 경향을 보여주었다(Fig. 2).

고찰

꼬리말발도리 5 집단에서 조사된 다형적 유전자좌의 비율(P)는 76.1%로 나타났으며, 유전적 다양성을 나타내는 Shannon index(S)와 Nei's genetic diversity(h)는 각각 0.429, 0.271로 조사되었다(Table 4). 이러한 꼬리말발도리의 유전다양성의 평균은 ISSR 마커로 조사된 국내 자생하는 관목류 중 들쭉나무($SI=0.470$), 시로미($SI=0.531$) 보다 다소 낮게 나타났으나, 제한된 분포면적을 보이는 국내 희귀식물인 줄댕강나무($SI=0.336$, $h=0.219$), 만리화($SI=0.243$, $h=0.158$)의 평균보다는 다소 높게 나타났다(Han *et al.*, 2005; Choi *et al.*, 2004; Jeong *et al.*, 2007; Kim *et al.*, 2009). 한편, 다양한 우성마커(ISSR, RAPD, AFLP)를 통해 분석된 동일 식물 집단의 유전적 변이는 비슷한 수준으로 나타나고 있으며, 따라서 비록 마커의 종류는 다르지만 동일한 우성마커의 경우 직접적인 비교도 가능한 것으로 알려져 있다(Nyblom, 2004; Kim *et al.*, 2010; Jeong *et al.*, 2010). 꼬리말발도리 집단에서 나타나는 유전다양성은($h = 0.271$)은 RAPD 마커에서 조사된 타가수분 하는 종($h=0.26$)과 비슷한 수준이었으며, 분포 영역이 제한된 특산 종($h=0.19-0.23$)의 평균 보다는 더 높은 수준이었다(Nyblom and Bartish, 2000). 이처럼 기존의 연구 결과들과 비교해 볼 때 꼬리말발도리의 집단 수준에서 나타나는 유전다양성은 다소 높은 수준을 유지하고 있는 것으로 유추할 수 있다. 식물 집단의 유전 다양성 및 구조는 각 식물의 생활형이나 분포 및 집단 발달 역사 등의 원인들에 의해 결정 되어 지며(Helenurm *et al.*, 2005; Jeong *et al.*, 2010), 일반적으로 집단이 파편화 되어 있고 분포 범위가 제한적인 식물들의 경우 유전적 부동이나 병목현상 등의 원인으로 매우 낮은 유전적 다양성을 나타내는 경우가 많다(Waller *et al.*, 1987; Barrett and Kohn, 1991; Soltis *et al.*, 1992; Hamrick and Godt, 1996; Hilfiker *et al.*, 2004). 하지만 식물의 분포범위 이외에도 교배양식이나 생물학적 특성으로 인해 다양한 수준의 유전다양성을 보이기도 하며, 특히 매우 좁은 분포역을 가지는 일부 식물들의 경우에도 교배양식이나 집단의 진화 역사에 따라 매우 높은 유전적 변이를 보여주는 경우도 많이 보고 되고 있다(Lewis and Crawford, 1995; Ranker, 1994; Maki and Asada, 1998; Xue *et al.*, 2004; Luan *et al.*, 2006). 비록 꼬리말발도리가 좁은 분포범위를 가지는 식물이지만 비교적 높은 유전다양성을 유지할 수 있는 것은 아마도 이들 식물이 가지는 교배양식(mating system) 및 분포 특성에 기인하는 것으로 판단된다. Kim(2003)은 꼬리말발도리의 교배양식에 관한

연구를 통해 완전한 타가수정(outcrossing)을 하는 식물인 것으로 확인하였는데, 일반적으로 타가수정하는 식물의 경우는 유전자 이동에 의한 재조합의 영향으로 자가수정 및 무성번식에 의존하는 식물보다 높은 유전다양성을 유지한다(Nyblom and Bartish, 2000). RAPD 마커를 이용한 교배 양식에 따른 식물 집단의 평균 유전다양성 비교에서도 타가수정하는($h=0.26$) 식물들이 자가수정($h=0.12$)이나 자가수정과 타가수정을 함께 하는 식물 집단($h=0.18$)의 유전 다양성 평균보다 월등히 높은 것으로 보고되고 있다(Nyblom, 2004).

각 집단별로 유전 다양성을 비교해 보면 집단 간 큰 차이는 없었지만 주로 밀양($SI=0.461$, $h=0.280$)과 양산($SI=0.466$, $h=0.309$) 집단이 다른 집단보다 다소 높은 유전다양성을 유지하는 것으로 나타났다. 이러한 결과들은 각 집단의 생태적 특성에 따른 차이로 생각되며, 밀양과 양산 집단은 다른 집단들에 비해 비교적 높은 개화율을 보이고 있어(Table 1) 무성번식보다 유성번식에 의한 새로운 개체의 도입의 영향으로 판단된다.

조사된 꼬리말발도리 5 집단에 대한 AMOVA 분석 결과 전체 유전변이의 약 16%가 집단 간 차이에 기인하는 것으로 설명되었고, 나머지 84%는 집단 내 개체 간에 존재하는 것으로 나타났다(Table 3). RAPD 마커를 이용한 식물 집단 간 유전적 분화정도(Φ_{ST})는 타가수분과 자가수분을 하는 식물이 각각 0.27, 0.65, 그리고 특산식물이나 제한된 분포를 보이는 식물들이 0.26-0.34 정도인 것으로 보고되고 있으며(Nyblom, 2004), 같은 관목류이면서 우리나라 특산식물인 만리화는 0.36으로 보고되고 있다(Kim *et al.*, 2009). 따라서 이들과 비교해보면 꼬리말발도리 집단 사이에서 관찰되는 유전적 분화정도는 크지 않은 것으로 판단된다. 본 연구에서 작성된 꼬리말발도리의 분포도에 의하면 최근에 분포 중심지에서 지리적으로 다소 떨어진 강원도 태백 지역에서 채집된 기록을 확인하였으며, 또한 꼬리말발도리가 최초로 채집되어 기재된 지역이 북한의 원산 지역이었던 점을 미루어 보아 과거의 꼬리말발도리의 분포 범위는 현재와는 다소 차이가 있는 것으로 생각된다. 또한 현재의 고립된 꼬리말발도리 집단의 형성과정에 대해 Kim(2003)은 과거 각 집단들이 연속적으로 넓게 분포하다가 지사적 변천에 의해 현재의 분포 범위를 가진 것으로 추정하였다. 이처럼 과거에 연속적으로 넓게 분포하던 식물 집단이 비록 분포 범위는 줄었지만 현재 집단 내에서 유효 개체수를 충분히 유지하고 있어 극단적인 유전적 부동현상을 겪지 않고 과거의 꼬리말발도리 집단이 가지고 있는 유전다양성을 유지하는 것으로 생각된다. 또한 현장 조사 결과 현재의 분포범위에서 꼬리말발도리 집단은 비교적 많은 개

체수를 보유하고 있으며 분포 중심지에 해당하는 밀양, 양산, 청도 지역에서는 연속적인 분포 패턴을 보여 집단 간 비교적 원활한 유전자 교류(gene flow)가 이루어지는 것으로 생각된다. 실제로 Nm (estimate of gene flow from Gst) 값이 1.0 이하이면 집단 간 낮은 유전자 교류의 영향으로 유전적 부동 효과가 전반적으로 크게 작용하는 것으로 알려져 있으나(Wright, 1951; Slatkin, 1987; Kim *et al.*, 2009), 꼬리말발도리의 경우 Nm 이 2.516 (표에 제시되지 않음)로 나타남으로써 이를 뒷받침 해주고 있다.

한편 Kim(2003)은 동위효소를 이용한 유전다양성 연구에서 꼬리말발도리 집단은 비교적 낮은 수준의 유전다양성($P=23.85$, $A=1.33$, $Hd=0.11$)을 유지하는 것으로 판단하였다. 식물 집단의 유전다양성 분석에는 다양한 마커들이 사용되고 있으며 각 마커들은 유전변이의 패턴이나 양 등에서 다소 차이를 보여주고 있다. 특히 유전다양성 분석에서 사용되는 동위효소는 비교적 관찰되는 변이가 낮으며 재현성에 대한 문제점을 가지고 있지만 공우성마커로서 집단 유전학적으로 다양한 분석이 가능하며, 이에 비해 ISSR 마커의 경우 높은 재현성과 실험방법 및 자료 분석이 용이한 장점은 있지만 우성 마커로 집단 유전학적 분석에 다소 제한이 따른다(Tanksley and Orton, 1983; Tanksley *et al.*, 1989; Camacho and Liston, 2001; Barth *et al.*, 2002; Xiao *et al.*, 2004). 따라서 식물 집단의 유전다양성을 좀 더 객관적으로 파악하기 위해서는 다양한 마커들을 이용한 종합적인 연구가 필요하다. 최근에는 공우성 마커이면서 실험적 재현성이 뛰어나고 비교적 간단한 PCR 기술을 사용하는 microsatellite를 이용한 방법들이 집단 유전학에서 많이 이용되고 있다(Sunnucks, 2000; Yun *et al.*, 2011). 따라서 꼬리말발도리 집단에 대한 좀 더 객관적이고 종합적인 집단 유전학적 연구를 위해서는 동위효소와 ISSR 마커 외에 다양한 마커를 추가로 선정하여 조사할 필요가 있다.

꼬리말발도리는 전 세계적으로 우리나라에만 자생하는 특산 식물로 식물유전자원으로서의 보전 가치가 매우 높다고 할 수 있다. 본 연구 결과 비록 아직까지는 비교적 풍부한 개체수와 높은 유전적 다양성을 유지하고 있는 것으로 판단되지만, 이들 식물의 분포 범위가 매우 제한적이고 서식지의 생태환경 변화에 따른 주변식생의 피압과 난개발 등의 인위적 교란으로 인해 지속적인 개체수 감소가 이루어지고 있는 것으로 생각된다. 특히 수관층의 밀도 증가에 따른 수광량의 부족으로 일부 자생지에서 관찰되는 낮은 개화율은 향후 유성 번식의 감소로 현재의 비교적 높은 유전 다양성 유지에 좋지 않는 영향을 줄 수 있다. 따

라서 꼬리말발도리의 효과적인 현지 내 보전을 위해서는 현재의 개체수와 유전다양성을 유지할 수 있도록 적절한 상층수관의 밀도 유지 등의 적절한 서식지 환경 개선을 통해 개화 개체수를 지속적으로 증가 시킬 필요가 있다.

적 요

꼬리말발도리(*Deutzia paniculata* Nakai)는 전 세계적으로 우리나라 경상남북도 일부지역에만 자생하는 매우 제한된 분포 범위를 가지는 특산식물이다. 이러한 꼬리말발도리 집단의 유전적 다양성 및 구조를 조사하기 위해 5집단 155개체에 대한 ISSR(Inter Simple Sequence Repeat) 분석이 수행되었다. 총 6개의 ISSR 프라이머를 이용하여 31개의 증폭산물을 관찰하였으며, 집단 수준에서의 유전적 다양성의 평균은 S' (Shannon's information index)=0.429, h (Nei's genetic diversity)=0.271로, 매우 높은 수준으로 나타났다. 집단별로는 큰 차이는 없었지만 비교적 높은 개화율을 보이는 밀양, 양산 집단이 다른 집단에 비해 다소 높은 유전 다양성을 유지하고 있는 것으로 나타났다. AMOVA 분석 결과 전체 유전변이의 약 16%가 집단 간 차이에 기인하는 것으로 설명되었으며, 나머지 84%는 집단 내 개체 간에 존재하는 것으로 나타났다. 이처럼 제한된 분포범위를 가지는 꼬리말발도리 집단에서 나타나는 높은 유전다양성과 집단 간 낮은 유전적 분화율은 완전 타가수정하는 교배양식과 집단 내 비교적 풍부한 개체수의 영향인 것으로 판단된다. 따라서 현재의 유전다양성을 유지할 수 있는 적절한 현지 내 보전대책 수립이 요구된다.

사 사

이 논문은 국립수목원 '희귀·특산식물 보존 및 복원 인프라 구축(KNA1-2-10, 10-1)' 연구개발사업의 지원으로 수행되었습니다.

인용문헌

- Avise, J.C. 1994. Molecular Markers, Natural History and Evolution. Chapman and Hall, New York (USA).
 Barrett, S.C.H and J.R. Kohn. 1991. Genetic and evolution consequences of small population size in plants: Implication for conservation. In Falk, D.A. and K.E. Holsinger (eds.), Genetics and Conservation of Rare Plants, Oxford University

- Press, Oxford, U.K. pp. 3-30.
- Barth, S., A.E. Melchinger and T.H. Lubberstedt. 2002. Genetic diversity in *Arabidopsis thaliana* L. Heynh. investigated by cleaved amplified polymorphic sequence (CAPS) and inter-simple sequence repeat (ISSR) markers. *Mol. Ecol.* 11:495-505.
- Chang, C.S., W.B. Lee, S.C. Ko and H. Kim. 2007. Hydrangeaceae Dumort.: In Park, C.W. (ed), The Genera of Vascular Plant of Korea, Academy Publishing Co., Seoul, Korea. pp. 501-508.
- Camacho, F.J. and A. Liston. 2001. Population structure and genetic diversity of *Botrychium pumicola* (Ophioglossaceae) based on inter-simple sequence repeats (ISSR). *Amer. J. Bot.* 88:1065-1070.
- Chang, C.S., H. Kim, and Y.S. Kim. 2001. Reconsideration of rare and endangered plant species in Korea based on the IUCN Red List Categories. *Korean J. Pl. Taxon.* 31:107-142 (in Korean).
- Choi, H.S., K.N. Hong, J.M. Chung and B.Y. Kang. 2004. Genetic diversity and spatial genetic structure of *Empetrum nigrum* var. *japonocum* in Mt. Halla, South Korea. *Jour. Korean For. Soc.* 93:175-180 (in Korean).
- Chung, Y.H. and H. Shin. 1986. Monographic study of the endemic plants in Korea. VI. taxonomy and interspecific relationships of the Genus *Deutzia*. *Korean J. Bot.* 29:207-231.
- Doyle, J.J. and J.A. Doyle. 1987. A rapid DNA isolation procedure of small quantities of fresh leaf tissue. *Phytochem. Bull. Bot. Soc. Amer.* 19:11-15.
- Excoffier, L.G.L. and S. Schneider. 2005. Arlequin ver. 3.0.: An integrated software package for population genetics data analysis. *Evol. Bioinform. Online* 1:47-50.
- Felsenstein, J. 1993. PHYLIP v3.5c. Department of Genetics, University of Washington, Seattle.
- Hamrick, J.L. and M.J.W. Godt. 1996. Conservation genetics of endemic plant species: In Avise, J.C. and J.L. Hamrick (eds.), *Conservation Genetics*, Chapman and Hall, New York (USA), pp. 281-304.
- Han, S.D., Y.P. Hong, H.Y. Kwon, B.H. Yang and C.S. Kim. 2005. Genetic variation of two isolated relict population of *Vaccinium uliginosum* L. in Korea. *Jour. Korean For. Soc.* 94:209-213 (in Korean).
- Hartl, D.L. and A.G. Clark. 1997. *Principle of Population Genetics*. Sinauer Association Inc., Sunderland, Massachusetts, p. 524.
- Helenuum, K., R. West and S.J. Burckhalter. 2005. Allozyme variation in the endangered insular endemic *Castilleja grisea*. *Ann. Bot. London* 95:1221-1227.
- Hilfiker, K., F. Gugerli, J. P. Schütz, P. Rotach and R. Holderegger. 2004. Low RAPD variation and female-biased sex ratio indicate genetic drift in small populations of the dioecious conifer *Taxus baccata* in Switzerland. *Conserv. Genet.* 5: 357-365.
- Jeong, J.H., K.S. Kim, C.H. Lee and Z.S. Kim. 2007. Genetic diversity and spatial structure in populations of *Abelia tyaiyoni*. *Jour. Korean For. Soc.* 96:667-675 (in Korean).
- _____, E.H. Kim, W. Guo, K.O. Yoo, D.G. Jo and Z.S. Kim. 2010. Genetic diversity and structure of the endangered species *Megaleranthis saniculifolia* in Korea as revealed by allozyme and ISSR markers. *Plant Syst. Evol.* 289:67-76.
- Kim, H. 2003. The reconsideration of Genus *Deutzia* in Korea based on morphological characters and genetic diversity. Ph.D. Thesis, Seoul National Univ. (in Korean).
- Kim, M.Y. 2004. *Korean Endemic Plants*. Solkwahak, Seoul, Korea. pp. 6-7 (in Korean).
- Kim, S.Y., Y.D. Kim, J.S. Kim, B.H. Yang, S.H. Kim and B.C. Lee. 2009. Genetic diversity of *Forsythia ovata* Nakai (Oleaceae) based on inter-simple sequence repeats (ISSR). *Korean J. Pl. Taxon* 39:48-54 (in Korean).
- Kim, Z.S., D.G. Jo, J.H. Jeong, Y.H. Kim, K.O. Yoo and K.S. Cheon. 2010. Genetic diversity and structure of *Pulsatilla tongkangensis* as inferred from ISSR markers. *J. Korean Plant Res.* 23(4):360-367 (in Korean).
- Korean National Arboretum. 2008. *Rare Plants Data Book in Korea*. Korean National Arboretum, Pocheon, Korea. p. 132 (in Korean).
- Lee, T.B. 1980. *Illustrated Flora of Korea*. Hyangmunsa, Seoul, Korea (in Korean).
- Lewis, P.O. and D.J. Crawford. 1995. Pleistocene refugium endemic exhibit greater allozyme diversity than widespread congeners in the genus *Polygonella* (Polygonaceae). *Am. J. Bot.* 82:141-149.
- Luan, S., T.-Y. Chiang and X. Gong. 2006. High genetic diversity vs. low genetic differentiation in *Nouelia insignis* (Asteraceae), a narrowly distributed and endemic species in China, revealed by ISSR fingerprinting. *Ann. Bot.* 98:583-589.
- Maki and Asada. 1998. High genetic variability revealed by allozymic loci in the narrow endemic fern *Polystichum otomasui* (Dryopteridaceae). *Heredity* 80:604-610.
- National Institute of Biological Resources. 2012. *Red Data*

- Book of Endangered Vascular Plants in Korea. National Institute of Biological Resources, Incheon, Korea. p. 167 (in Korean).
- Nei, M. 1973. Analysis of gene diversity in subdivided population. Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 70:3321-3323.
- Nybom, H. and IV. Bartish. 2000. Effect of life history traits and sampling strategies on genetic diversity estimates obtained with RAPD markers on plant. Perspect. Plant Ecol. Evol. Syst. 3:93-114.
- _____. 2004. Comparison of different nuclear DNA makers for estimating intraspecific genetical diversity on plant. Mol. Ecol. 13:1143-1155.
- Oh, B.U., D.G. Jo, K.S. Kim and C.G. Jang. 2005. Endemic Vascular Plant in The Korean Peninsula. Korea National Arboretum, Pocheon, Korea (in Korean).
- Ranker, T.A. 1994. Evolution of high genetic variability in the rare Hawaiian fern *Adenophorus periens* and implications for conservation management. Biol. Conserv. 70:19-24.
- Saghai-marooof, M.A., K.M. Soliman, R.A. Jorgensen and R.W. Allard. 1984. Ribosomal DNA spacer-length polymorphisms in barley: mendelian inheritance, chromosomal location, and population dynamic. Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 81:8014-8018.
- Shannon, C.E. and W. Weaver. 1949. The Mathematical Theory of Communication. University of Illinois Press, Urbana, Illinois (USA).
- Slatkin, M. 1987. Gene flow and the geographic structure of natural populations. Science 236:787-792.
- Sneath, P.H.A. and R.R. Sokal. 1973. Numerical Taxonomy, Freeman San Francisco, CA (USA). p. 573.
- Soltis, P.S., D.E. Soltis, T.L. Tucker and F.A. Lang. 1992. Allozyme variability is absent in the narrow endemic *Bensoniella oregona* (Saxifragaceae). Conserv. Biol. 6:131-134.
- Son, S.W., J.M. Chung, E.H. Kim, K.S. Choi and S.J. Park. 2013. Genetic diversity and structure of the Korean endemic species, *Coreanomecon hylomeconoides* Nakai, as revealed by ISSR markers. J. Korean Plant Res. 26:310-319 (in Korean).
- Sunnucks, P. 2000. Efficient genetic markers for population biology. Trends Ecol. Evol. 15:199-203.
- Tanksley, S.D. and T.J. Orton. 1983. Isozyme in Plant Genetics and Breeding. Elsevier, Amsterdam. p. 44.
- _____, N.D. Young, A.H. Paterson and M.W. Bonierhale. 1989. RFLP mapping in plant breeding: New tools for an old science. Biotechnology 7:527-264.
- Waller, D.M., D.M. O'Malley and S.C. Gawler. 1987. Genetic variation in the extreme endemic *Pedicularis furbishiae* (Scrophulariaceae). Conserv. Biol. 1:335-340.
- Wright, S. 1951. The genetic structure of population. Ann. Eugen. 15:313-354.
- Xiao, L.Q., X.J. Ge, X. Gong, G. Hao and S.X. Zheng. 2004. ISSR variation in the endemic and endangered plant *Cycas suizhouensis* (Cycadaceae). Ann. Bot. 94:133.
- Xue, D.W., X.J. Ge, G. Hao and C.Q. Zhang. 2004. High genetic diversity in a rare, narrowly endemic Primrose species: *Primula interjacens* by ISSR analysis. Acta Botanica Sinica 46:1163-1169.
- Yeh, F.C., R.C. Yang and T. Boyle. 1999. POPGENE. Microsoft Windows Based Freeware for Population Genetic Analysis. Release 1.31. University of Alberta, Edmonton.
- Yun, Y.E., J.N. Yu, B.Y. Lee and M. Kwak. 2011. An introduction to microsatellite development and analysis. Korean J. Pl. Taxon 41:299-314 (in Korean)
- Zaikonnikova, I.T. 1996. *Deutzia*-ornamental shrubs. A Monograph of The Genus *Deutzia* Thunb. Nauka. Moscow.

(Received 15 September 2013 ; Revised 21 October 2013 ; Accepted 28 October 2013)

Appendix 1. Specimens examined for *Deutzia paniculata* Nakai

- Gangwon-do:** Taebaek-si, Sodo-dong, Mt. Taebaek, 29 May 2010, *H.T. Shin et al. KHB1271943, 1271944* (KH).
- Gyeongsangbuk-do:** Yeongju-si, Bonghyeon-myeon, Okyebong, 12 Aug. 1969, *Y.N. Lee 500564, 500565* (EWH); Cheongdo-gun, Unmun-myeon, Mt. Unmun, 3 Aug. 2006, *C.Y. Yoon et al. KHB1316551, 1316555* (KH); Haksoda, 21 Jun. 2011, *W. Lee et al. 50136* (KNU); Shinwon-ri, 9 Jun. 2007, *W. Lee et al. 9533, 9564* (KNU); Mt. Munbok, 31 May 2007, *W. Lee et al. 33055* (KNU).
- Daegu:** Dong-gu, Dohak-dong, Mt. Palgong, ?, *J.H. Park KHB1312694* (KH); 21 Jun. 2011, *H.T. Shin et al. KHB1325048, 1325049, 1325050* (KH); 27 May 2006, *C.G. Jang KHB1230342* (KH); 30 Jul. 1974, *T.B. Lee 21079* (SNUA); 30 Jun. 2003, *W. Lee et al. 45402* (KNU);
- Gyeongsangnam-do:** Milyang-si, Danjang-myeon, Mt. Jaeyak, 25 May 2012, *S.D. Lee et al. KHB1368452* (KH); Sannae-myeon, Mt. Jeonggak, 18 Aug. 2009, *S.C. Ko KHB13322086* (KH); Mt. Cheonhwang, 25 May 2009, *S.C. Ko KHB1287624, 1287625, 1287626* (KH); Mt. Gaji, 3 Jul. 2006, *S.H. Park and G.H. Nam KHB118538, 1119964* (KH); Nammyeong-ri, 23 Jul. 2005, *J.S. Kim KHB1095329, 1095330, 1095331* (KH); Samrangjin-myeon, Hanggok-ri, Mt. Geumo, 26 May 2009, *S.C. Ko KHB1287627, 1287628* (KH); Yangsan-si, Habuk-myeon, Mt. Cheonseong, 27 Jul. 2006, *J.O. Hyun KHB1137004, 1137005, 1137006, 1137007, 1137008* (KH); Yongyeon-ri, 26 May 2010, *H.T. Shin et al. KHB1271757, 1271758, 1271759* (KH); 3 May 2009, *S.M. Yun KHB1234604, 1234605* (KH); Changwon-si, Jinhae-gu, Mt. Bulmo, 8 Aug. 1977, *W.T. Lee 50136* (KWNNU).
- Ulsan:** Ulju-gun, Sangbuk-myeon, Mt. Sinbul, 26 Jun. 2003, *J.H. Park et al. 15722* (KNU); Deungeok-ri, Mt. Ganwol, 31 May 2007, *H.J. Choi et al. KHB1164402, 1164403* (KH).
- Busan:** Gijang-gun, Ilkwang-myeon, Mt. Dalum, 5 Jul. 1981, *Y.H. Chung 54085, 54086* (SNUH)
-