

## 오대산 물황철나무(*Populus koreana*) 집단의 유전다양성 및 공간적 유전구조 분석

신수경<sup>1</sup> · 송정호<sup>2</sup> · 임효인<sup>1</sup> · 장경환<sup>1</sup> · 홍경낙<sup>1</sup> · 이제완<sup>1\*</sup>  
<sup>1</sup>국립산림과학원 산림유전자원과, <sup>2</sup>국립산림과학원 특용자원연구과

### Genetic Diversity and Spatial Genetic Structure of *Populus koreana* Population in Mt. Odae, Korea

Sookyung Shin<sup>1</sup>, Jeong-Ho Song<sup>2</sup>, Hyo-In Lim<sup>1</sup>, Kyung-Hwan Jang<sup>1</sup>,  
Kyung-Nak Hong<sup>1</sup> and Jei-Wan Lee<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>Division of Forest Genetic Resources, Korea Forest Research Institute, Suwon 441-350, Korea

<sup>2</sup>Division of Special-purpose Trees, Korea Forest Research Institute, Suwon 441-350, Korea

**요 약:** 본 연구에서는 물황철나무(*Populus koreana* Rehder) 집단을 대상으로 I-SSR 표지자를 이용해 유전다양성과 유전적 공간구조를 분석하였다. 물황철나무는 중국, 러시아 극동지역과 북한의 고산 계곡부 등에 서식하는 낙엽활엽 교목이다. 물황철나무는 남한에서 강원도 일대에 제한적으로 분포한다. 특히 오대산 집단은 물황철나무의 남방한계 지로서 유전자원보존의 중요성이 강조된다. 8개의 I-SSR primer로 유전다양성을 추정된 결과, Shannon의 다양성 지수( $I$ )는 0.230, 이형접합도의 기대치( $H_e$ )는 0.151로 유사한 생활사를 갖는 타 수종에 비해 유전다양성이 매우 낮게 나타났다. 유전적 군락을 확인하기 위해 공간적 자기상관성 분석을 수행한 결과, 조사 지역 내의 물황철나무 집단은 400 m 이내에서 유전적으로 유사한 군락구조를 갖고 있는 것으로 나타났다. 물황철나무 집단의 현지의 유전자 보전을 위한 표본추출 시, 개체 간 거리를 400 m 이상으로 두는 것이 효율적일 것으로 판단된다.

**Abstract:** This study describes analysis of genetic diversity and spatial genetic structure of Korean poplar (*Populus koreana* Rehder) in Mt. Odae using I-SSR markers. *P. koreana* is a deciduous broad-leaved tree species that primarily grows in the alpine valleys of China, Russia and North Korea. In South Korea, *P. koreana* is found limitedly in Gangwon province. Especially, the population in Mt. Odae is located on the southern limit line, its importance is emphasized from the genetic resource conservation perspective. The Shannon's diversity ( $I=0.230$ ) and the expected heterozygosity ( $H_e=0.151$ ) were relatively low as compared with those of other plant species. Spatial autocorrelation analysis using Tanimoto's distance showed that the genetic patch was founded within 400 m. It is suggested that individual trees for *ex situ* conservation should be sampled with a minimum distance of 400 m between trees.

**Key words :** *Populus koreana*, genetic diversity, spatial genetic structure, I-SSR, genetic resource conservation, sampling strategy

## 서 론

최근 산림 파괴와 환경오염 및 지구 온난화 등의 요인으로 인한 생물종 감소에 대한 우려가 높다. 이에 대응하여 개체군의 적응력을 높은 수준으로 유지하고, 환경변화에 적응할 수 있는 충분한 변이를 유지해 생물다양성(biological diversity)을 보존하는 것은 각 국가의 관심사가 되었다. 더욱이 국제 생물다양성협약(CBD)에 의해 생물

자원이 하나의 주권으로 인식되면서 생물자원을 효율적으로 보존하고 관리할 필요성이 증대되었다(CBD-COP10, 2010).

물황철나무(*Populus koreana* Rehder, Korean poplar)는 버드나무과(Salicaceae) *Populus*에 속하는 낙엽활엽교목으로서 중국, 러시아 극동지역과 북한의 고산 계곡부 등에 서식한다. 높이가 25 m, 지름이 1 m에 달하고, 개화기는 5월로 꼬리모양 꽃차례의 암꽃과 수꽃이 서로 다른 개체에 달리는 자웅이주(dioecy) 번식체계를 갖는다. 식과의 열매는 6월에 익으며 바람 및 물을 통해 분산된다(Lee,

\*Corresponding author  
E-mail: jwyan@forest.go.kr

2006). 물황철나무는 근연종인 황철나무(*P. maximowiczii*, Japanese poplar)와 외부 형질이 유사하지만 동아에 점질이 많고 향이 진한 특징이 있다(Rehder, 1922; Fang et al., 1999). 물황철나무의 국내 분포지로는 설악산과 오대산 일대가 기록되어 있으나(Chung, 1943) 그동안 개체에 대한 생육정보는 부재했고, 최근 들어 오대산 해발 850 m 일대에서 물황철나무 집단이 확인되었다. 이에 따라 오대산은 물황철나무 집단의 서식지이자 남방한계지로서 학술적 가치가 높게 평가되고 있다. 물황철나무 자생집단의 보존을 위한 연구가 시급한 실정이지만, 탄소 흡수원, 바이오 에너지원 등으로 활용하기 위해 세포 및 조직배양 연구(Kim et al., 1986; Kang et al., 2004)만 일부 이루어졌을 뿐 유전·생태학적 연구는 수행된 바 없다.

분자마커를 이용한 집단유전학 연구는 변화하는 환경에서 종의 탄력성(resilience)에 대한 이해를 가능하게 함으로써 위기종 보존전략을 수립하는데 기초자료를 제공한다(Miao et al., 2008). 유전다양성은 종의 생존 및 적응에 있어 매우 중요한 요소로 유전통계량 산출을 통해 집단의 유전 변이를 추정하고 환경변화에 대한 집단의 회복력을 예측할 수 있다(Lande and Shannon, 1996; Reed and Frankham, 2003). 식물은 종에 따라 또는 종 내 지리적 위치에 따라 독특한 공간적 유전구조를 형성한다. 공간구조는 종자비산(Berg and Hamrick, 1995), 번식체계(Vekemans and Hardy, 2004), 경쟁(Jones et al., 2006), 이질적인 미세서식환경(Chung et al., 2003) 등에 의해 영향을 받는데 이에 따라 공간적으로 유전변이량의 차이가 나타난다. 그러므로 전체 유전변이량 뿐만 아니라 공간적 유전구조에 대한 연구는 집단이 겪어 온 유전적 과정(genetic process)에 대한 이해를 높여준다(Williams and Hamrick, 1996; Nettel et al., 2009). 일반적으로 개체수가 적거나 제한된 분포를 보이는 소집단의 경우 병목현상(bottleneck effect), 유전적 부동(genetic drift), 창시자 효과(founder effect) 등에 의해 유전다양성이 낮다고 알려져 있다(Lammi et al., 1999; Petit et al., 2003; Hong et al., 2004). 유전다양성의 감소는 동형접합성(homozygosity), 근교약세 등의 유전적 효과를 나타내는데 교란, 기후변화 등 환경변화에 대한 집단의 적응력을 감소시켜 성장 및 번식, 생존에 큰 위협을 준다(Lande and Shannon, 1996). 그러므로 국내 제한된 분포역을 보이는 물황철나무 집단이 앞으로의 환경변화에 대해 적응력이 감소할 가능성을 고려하면 유전자원 보존을 위한 대책마련이 시급한 실정이다. 따라서 본 연구는 물황철나무의 오대산 자생집단을 대상으로 I-SSR 표지자를 이용해 유전다양성 및 공간구조를 분석하고자 하였다. 이에 따른 결과는 물황철나무 현지내·외 보존대책 수립과 체계적 관리방안을 마련하는데 있어 중요한 기초정보를 제공할 수 있을 것으로 사료된다.

## 재료 및 방법

공시재료는 강원도 평창군 진부면 오대산 상원사 지역(북위 37°47' 동경 128°33')에 분포하는 물황철나무 집단을 대상으로 하였다. 물황철나무는 분석 대상 지역에서 울폐된 숲의 안쪽이나 건조한 사면부에는 거의 분포하지 않았으며, 주로 광조건이 양호한 계곡을 중심으로 분포하고 있었다. 따라서 본 연구에서는 계곡 주변의 임도를 중심으로 최소 15 m 이상의 거리를 유지하며 51개체의 공시목을 선정하여 잎 시료를 채취하였다(Figure 1).

잎 시료로부터 QIAGEN DNeasy Tissue kit(Qiagen, USA)를 이용해 total DNA를 추출하였다. I-SSR 분석을 위해 UBC(University of British Columbia)에서 제작된 primer 중 재현성이 우수하고, 개체 간 다형성(polymorphism)을 보이며, 증폭된 band가 선명하고 구분이 용이한 8개의 primer를 본 실험에 사용하였다(Table 1).

PCR 조건은 먼저 94°C에서 2분 동안 pre-denaturation 한 후 94°C에서 30초, 50-54°C에서 30초, 72°C에서 1분을 하나의 cycle로 하여 35회 반복하였고, 72°C에서 10분간 더 유지시켰다. 증폭산물은 2.0% agarose gel에 180 V의

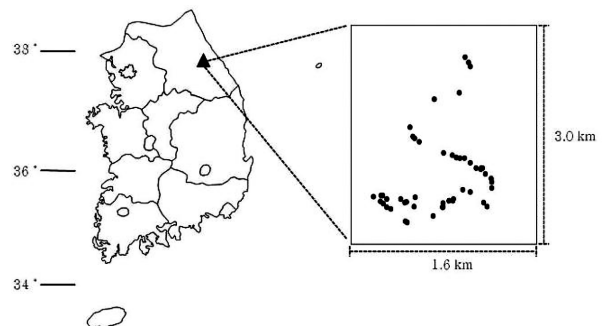


Figure 1. Location of the *Populus koreana* population sampled for the study. The locations of individuals sampled in this study are shown as black dots.

Table 1. Information of the eight selected primers.

Primer	Sequences (5'-3')	Annealing Tem.	TB	PB	PR
UBC #818	(CA) <sub>8</sub> G	50	6	2	33.3
UBC #834	(AG) <sub>8</sub> YT	52	12	6	50.0
UBC #835	(AG) <sub>8</sub> YC	54	13	8	61.5
UBC #843	(CT) <sub>8</sub> RA	52	11	2	18.2
UBC #845	(CT) <sub>8</sub> RG	52	8	3	37.5
UBC #852	(TC) <sub>8</sub> RA	50	7	3	42.9
UBC #853	(TC) <sub>8</sub> RT	52	10	7	70.0
UBC #857	(AC) <sub>8</sub> YG	52	10	5	50.0
Total	-	-	77	36	46.8

TB: No. of total bands, PB: No. of polymorphic bands, and PR: polymorphism rate (%)

전압으로 60분 동안 전기영동한 후, UV trans-illuminator 상에서 촬영하여 밴드의 존재 유무를 판정하였으며 이를 각각 '1'과 '0'으로 표시해 data matrix를 작성하였다.

I-SSR은 우성표지로서 표현형적으로 우성인 대립유전자를 갖는 동형접합체와 이형접합체의 구분이 불가능하다. 따라서 본 연구에서는 Hardy-Weinberg의 평형 가정 하에서 열성동형접합체의 빈도를 이용하여 대립유전자의 빈도를 추정하였다. 집단의 유전다양성을 추정하기 위해 POPGENE version 1.31 program(Yeh et al., 1999)을 이용하여 다형성 유전자좌의 비율(percentage of polymorphic loci;  $P$ ), 이형접합도 기대치(expected heterozygosity;  $H_e$ ), Shannon의 다양성지수( $I$ )등을 계산하였다. 유전적 공간구조를 구명하기 위해 개체 간 Tanimoto distance를 이용해 공간적 자기상관분석(spatial autocorrelation)을 수행하였다. 200 m 거리간격으로 Distogram을 작성하였으며, SGS version 1.0d program(Degen et al., 2001)을 사용하였다.

### 결과 및 고찰

물황철나무 유전변이 분석에 사용된 8개의 I-SSR primer에서 총 77개의 증폭산물이 관찰됐으며, primer 당 평균 4.5개의 다형적 증폭산물을 얻을 수 있었다(Table 1). 유전다양성을 추정한 결과, 다형적 유전자좌 비율( $P$ )은 46.75%, 이형접합도 기대치( $H_e$ )는 0.151, Shannon의 다양성 지수는 0.230으로 나타났다(Table 2). 오대산 물황철나무 집단은 유사한 생태적, 생활사적 특성을 보이는 다른 종들에 비해서 유전변이가 낮음을 알 수 있었다. 즉, 다년생 종( $H_e = 0.250$ ), 제한된 분포역을 갖는 종(0.280), 타가수정에 의해 번식하는 종(0.270), 바람 또는 물에 의해 종자비산이 이루어지는 종(0.270)들의 평균값(Nybom, 2004)과 비교했을 때 모두 낮은 값을 보였다. 또한 물황철나무와 동일 절(section)에 속하는 *P. cathayana* 집단에서 연구된 ISSR 수준에서의 0.190-0.325( $I$ ; Lu et al., 2006), SSR 수준에서의 0.511-0.891( $H_e$ ; Peng et al., 2005)과 비교해 볼 때에도 유전변이량이 적음을 알 수 있었다.

유전다양성은 지리적 분포범위와 교배 및 번식 등의 생태학적 특성들에 의해 영향을 받는다(Ueno et al., 2000; Fuchs and Hamrick, 2010). 물황철나무의 경우 타가수정

을 높이는 방향으로의 자웅이주 번식양상, 바람에 의한 장거리 화분이동 등 유전다양성을 높은 수준으로 유지할 수 있는 생태특성을 지니고 있다. 하지만 유사한 습성(Habit)을 갖는 타 분류군과 비교했을 때, 낮은 유전다양성을 보였는데 이는 오대산 집단이 남방한계지에 속하는 지리적 분포 특성 때문인 것으로 사료된다. 일반적으로 분포중심지에서 한계지로 갈수록 개체군의 크기가 작아지고 고립되며, 집단의 유전다양성이 낮다고 알려져 있다(Lawton, 1993; Vucetich and Waite, 2003). 또한 유전다양성 수준은 화분 및 종자 비산에 의한 유전자 교류(gene flow)를 통해 유지 또는 증가된다(Epperson, 1992). 이에 반해 오대산 물황철나무 집단은 분포 특성 상 외부로부터 유전자 이입이 제한되기 때문에 한정된 공간 내에서 수 세대가 반복되었을 것으로 추정된다. 유전자 교류가 제한되면 유전적으로 근연 개체 간에 patch가 만들어 지고, 그 결과 다음 세대에 배우자를 생산할 수 있는 유효개체군 크기(effective population size)가 감소한다(Fuchs and Hamrick, 2010). 유효개체군의 크기가 작은 집단은 근친교배 및 유전적 부동 등의 영향을 크게 받게 되는데(Hamrick et al., 1992), 물황철나무 집단 역시 이 결과 매우 낮은 유전다양성을 보인 것으로 사료된다. 더욱이 물황철나무는 암꽃과 수꽃이 서로 다른 개체에 달리는 자웅이주 번식체계를 갖기 때문에 집단 내 불균형한 성비(sex ratio)가 유효개체군 크기를 더욱 큰 폭으로 감소시켰을 우려가 높다. 유전변이량은 종의 생태적 반응과 높은 상관성을 갖는데(Hughes et al., 2008), 일반적으로 유전변이량이 적은 집단은 생장율, 번식력, 면역기능 등 생태특성이 취약해 환경변화에 대한 적응력이 낮다. 본 연구를 통해 평가된 물황철나무의 유전다양성은 매우 낮은 값으로 주로 서늘한 서식지를 선호하는 종의 특성을 고려해 볼 때, 기후변화 등 앞으로의 환경변화에 매우 취약할 것으로 판단된다.

공간적 자기상관성 분석 결과, Tanimoto의 유전거리는 평균 0.170로 계산되었다. 500회의 permutation 분석에 의해 형성된 신뢰구간에 대해 유의성을 판별한 결과, 95%의 유의수준에서 400 m 이내에 분포하는 개체 간 유전적 동질성이 나타나 자기상관성이 인정되었으며, 그 이상 떨어진 개체들 간에는 임의분포하는 것으로 나타났다(Figure 2).

기존의 연구 결과에서 나타난 타 수종들의 공간적 유전구조를 살펴보면, 눈잣나무(*Pinus pumila*)의 경우 12 m (Song et al., 2012), 복분자딸기(*Rubus coreanus*) 20 m (Kang et al., 2003), 시로미(*Empetrum nigrum* var. *japonium*) 10 m(Choi et al., 2004), 우묵사스레피(*Eurya emarginata*) 24 m(Chung and Epperson, 2000), 줄댕강나무(*Abelia tyaihyoni*)는 12-18 m(Jeong et al., 2007) 이내에서 공간구조가 형성되었다. 물황철나무는 상기 언급된 기타 수종이 수고 2 m 이하의 관목인 것과 달리 25 m(Lee, 2006)

**Table 2. Genetic variability parameters of *P. koreana* in South Korea based on I-SSR markers.**

Population	N	$P$ (%)	$H_e$	$I$
Mt. Odae	51	46.75	0.151 ± 0.019	0.230 ± 0.027

$N$ : The number of individuals,  $P$ : Percentage of polymorphic loci,  $H_e$ : Expected heterozygosity, and  $I$ : Shannon's information index

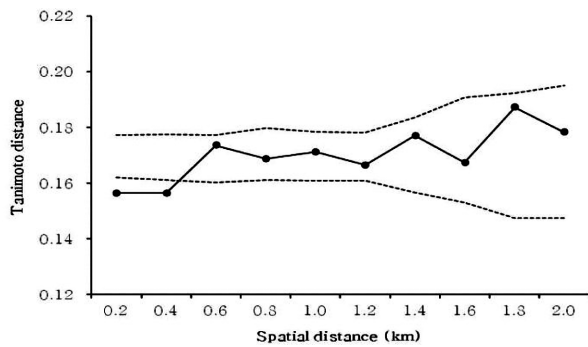


Figure 2. Distogram for *P. koreana* using Tanimoto genetic distance with 36 I-SSR marker.

까지 자라는 교목성 수종으로 본 연구에서도 공시목의 평균 수고는 10.3 m, 평균 흉고직경이 25.5 cm로 나타났다. 물황철나무와 기존 연구 결과에서의 유전구조 차이는 종의 생물학적 특성이 반영된 결과로 사료된다. 교목성 수종이면서 물황철나무와 같이 바람에 의한 화분 비산이 이루어지는 수종인 참나무류(*Quercus petraea*, *Q. robur*)는 50 m (Streiff et al., 1998), 잣나무(*Pinus koraiensis*)는 36.8 m (Hong et al., 2001)에서 유전적 군락이 형성되었다. 이와 비교해도 물황철나무가 여전히 큰 유전적 군락을 형성하는 것으로 나타났다. 이는 참나무류와 잣나무가 중력에 의해 종자가 산포되는 대립종자를 갖는 수종으로 종자산포가 제한되는 반면 물황철나무는 바람에 의해 종자가 먼 거리까지 산포되는 특성이 유전구조에 반영된 것으로 보인다 (Berg and Hamrick, 1995). 또한, 물황철나무의 서식지가 지형적, 환경적으로 복잡하고 변동성이 높은 수변생태계를 고려할 때 공간구조 형성에 있어 생태적 요인의 영향이 작용하는 것으로 사료된다 (Chung et al., 2003). 따라서 물황철나무 보존을 위한 표본추출 전략 수립 시 물황철나무의 종자산포 및 생태적 특성과 함께 유전구조를 고려하여 최소 400 m 이상의 거리를 두는 것이 바람직할 것으로 판단된다.

## 결론

본 연구는 오대산 물황철나무 집단의 유전다양성과 공간적 유전구조를 분석하여 유전변이량을 산출하고 그 원인을 추정하며, 현지의 유전자원 보존을 위한 표본추출 전략을 제시하기 위해 수행되었다. 오대산 물황철나무 집단을 대상으로 유전다양성을 평가한 결과, 유사한 생활사를 갖는 타 수종들에 비해 유전다양성이 매우 낮게 나타났다. 주원인으로는 물황철나무의 지리적 분포특성이 작용한 것으로 판단되며, 이로 인한 유전자 교류 제한 등 유전변이량이 감소하는 방향으로의 진화적 사건들을 겪은 것으로 보인다. 유전다양성이 종의 생존 및 적응에 있어 매우 중

요한 요소인 만큼 물황철나무 집단이 미래 환경변화에 적응하여 안정적인 개체군을 유지할 수 있을지에 대한 우려가 높다. 특히 주로 서늘한 서식지에 자생한다는 점, 국내 분포지가 남방한계지라는 사실은 지구온난화의 가속화에 따른 환경변화로 인해 개체군 쇠퇴의 가능성이 높다. 그러므로 물황철나무 유전자원의 소실위험에 대비한 지속 가능한 보존대책 수립이 시급한 실정이다.

유전자원의 효율적인 보존을 위해서는 현지내 (*in situ*), 현지외 (*ex situ*) 보존 방법이 상호보완적으로 병행된다. 물황철나무의 경우 토양 및 공중 습도가 높은 계곡주변에 분포하는 서식환경을 고려해 유전자원보호구역으로의 지정을 통한 현지내 서식지 보존이 우선적으로 이루어져야 할 것이다. 이와 더불어 환경변화에 따른 개체군 축소에 대비하여 집단을 대표할 만한 유전변이를 보유한 개체를 선발함으로써 집단이 보유하는 유전다양성을 유지할 수 있도록 현지의 보존대책이 강구되어야 한다. 본 연구에서 물황철나무 집단의 공간적 유전구조를 분석한 결과, 약 400 m 이내에서 유전적으로 유사한 군락구조가 형성되었다. 그러므로 현지의 보존을 위한 표본 추출 시, 이를 개체 간 최소거리로 설정한다면 유전다양성을 보존하는데 유리할 것으로 사료된다.

집단이 보유한 유전다양성 및 공간적 유전구조에는 위에서 언급한 지리적 특성과 더불어 다양한 생물적, 비생물적 요인들이 영향을 미친다. 본 연구는 오대산 물황철나무 집단의 보존을 위해 수행된 첫 유전학적 결과이며, 아직까지 생태적 요인들에 관한 연구는 부재하다. 보다 장기적이고 효율적인 보존전략 제시를 위해서는 물황철나무의 성간 생태특성에 대한 번식연구와 종자생리, 집단내 연령구조 및 후계림 가능성 등에 대한 인구통계학적 연구가 반드시 병행되어야 할 것이다.

## 인용문헌

- Berg, E.E. and Hamrick, J.L. 1995. Fine-scale genetic structure of a turkey oak forest. *Evolution* 49(1): 110-120.
- CBD-COP10. 2010. Strategic Plan for Biodiversity, 2011-2020. Tenth meeting of the Conference of the Parties to the Convention on Biological Diversity (COP 10). < <http://www.cbd.int/doc/?meeting=cop-10>.
- Choi, H.S., Hong, K.N., Chung, J.M., Kang, B.Y., and Kim, W.W. 2004. Genetic Diversity and Spatial Genetic Structure of *Empetrum nigrum* var. *japonicum* in Mt. Halla, South Korea. *Journal of Korean Forest Society* 93(3): 175-180.
- Chung, M.G. and Epperson, B.K. 2000. Clonal and spatial genetic structure in *Eurya emarginata* (Theaceae). *Heredity* 84(2): 170-177.
- Chung, M.Y., Nason, J.D., Epperson, B.K., and Chung, M.G.

2003. Temporal aspects of the fine-scale genetic structure in a population of *Cinnamomum insularimontanum* (Lauraceae). *Heredity* 90(1): 98-106.
- Chung, T.H. 1943. Illustrated manual of Korean trees and shrubs. Choseon Natural History Museum Society, Seoul, Korea. pp. 683.
- Degen, B., Petit, R., and Kremer, A. 2001. SGS-Spatial Genetic Software: A computer program for analysis of spatial genetic and phenotypic structures of individuals and populations. *Journal of Heredity* 92(5): 447-448.
- Epperson, B. 1992. Spatial structure of genetic variation within populations of forest tree. *New Forests* 6(1-4): 257-278.
- Fang, Z.F., Zhao, S.D., and Skvortsov, A.K. 1999. Salicaceae. In Wu, Z.Y., P.H. Raven, and D.Y. Hong. (eds.). *Flora of China*, Vol. 4. Science Press, Beijing, and Missouri Botanical Garden Press, St. Louis. pp. 139-274.
- Fuchs, E.J. and Hamrick, J.L. 2010. Genetic Diversity in the endangered tropical tree, *Guaiaecum sanctum* (Zygophyllaceae). *Journal of Heredity* 101(3): 284-291.
- Hamrick, J.L., Godt, M.J.W., and Sherman-Broyles, S.L. 1992. Factor influencing levels of genetic diversity in woody plant species. *New Forests* 6(1-4): 95-124.
- Hong, K.N., Kwon, Y.J., Chung, J.M., Shin, C.H., Hong, Y.P., and Kang, B.Y. 2001. Spatial Genetic Structure at a Korean Pine (*Pinus koraiensis*) Stand on Mt. Jumbong in Korea Based on Isozyme Studies. *Journal of Korean Forest Society* 90(1): 43-54.
- Hughes, A.R., Inouye, B.D., Johnson, M.T.J., Underwood, N., and Vellend, M. 2008. Ecological consequences of genetic diversity. *Ecology Letters* 11(6): 609-623.
- Jeong, J.H., Kim, K.S., Lee, C.H., and Kim, Z.S. 2007. Genetic Diversity and Spatial Structure in Populations of *Abelia tyaihyoni*. *Journal of Korean Forest Society* 96(6): 667-675.
- Jones, F.A., Hamrick, J.L., Peterson, C.J., and Squires, E.R. 2006. Inferring colonization history from analyses of spatial genetic structure within populations *Pinus strobus* and *Quercus rubra*. *Molecular Ecology* 15(3): 851-861.
- Kang, B.Y., Hong, K.N., Chung, J.M., and Hong, Y.P. 2003. Spatial Genetic Structure of Korean Black Raspberry (*Rubus coreanus*) at Mt. Chiak Using I-SSR Markers. *Journal of Korean Forest Society* 92(6): 558-566.
- Kang, H.D., Mun H.G., Park, I.S., and Lee, M.S. 2004. Effect of TDZ(Thidiazuron) on Shoot Proliferation of Peace Poplar. *Korean Journal of Plant Biotechnology* 31(1): 49-53.
- Kim, J.H., Park, J.I., Lee, S.K., and Mun, H.G. 1986. Callus Culture of Korean poplar (*P. koreana*). *Proceedings of Korean Journal of Breeding Science*. pp.17-18.
- Lammi, A., Siikamaki, P., and Mustajarvi, K. 1999. Genetic diversity, population size, and fitness in central and peripheral populations of a rare plant *Lychnis viscaria*. *Conservation Biology* 13(5): 1069-1078.
- Lande, R. and Shannon, S. 1996. The role of genetic variation in adaptation and population persistence in a changing environment. *Evolution* 50(11): 434-437.
- Lawton, J.H. 1993. Range, population abundance and conservation. *Trends in Ecology & Evolution* 8(11): 409-413.
- Lee, T.B. 2006. Coloured flora of Korea. Hyangmunsa. Seoul, Korea. pp. 1928.
- Lu, Z., Wang, Y., Peng, Y., and Korpelainen, H. 2006. Genetic diversity of *Populus cathayana* Rehd populations in southwestern china revealed by ISSR markers. *Plant Science* 170(2): 407-412.
- Miao, Y.C., Su, J.R., Zang, Z.J., Li, H., Luo, J., and Zhang, Y.P. 2008. Isolation and characterization of microsatellite markers for the endangered *Taxus yunnanensis*. *Conservation Genetics* 9(6): 1683-1685.
- Nettel, A., Dodd, R.S., and Afzal-Rafii, Z. 2009. Genetic diversity, structure, and demographic change in tanoak, *Lithocarpus densiflorus* (Fagaceae), the most susceptible species to sudden oak death in California. *American Journal of Botany* 96(12): 2224-2233.
- Nybom, H. 2004. Comparison of different nuclear DNA markers for estimating intraspecific genetic diversity in plants. *Molecular Ecology* 13(5): 1143-1155.
- Peng, Y.H., Lu, Z.X., Chen, K., Luukkanen, O., Korpelainen, H., and Li, C.Y. 2005. Population genetic survey of *Populus cathayana* originating from southeastern Qinghai-Tibetan Plateau of China based on SSR markers. *Silvae Genetica* 54(3): 116-122.
- Petit, R.J., Aguinalalde, I., de Beaulieu, J.L., Bittkau, C., Brewer, S., Cheddadi, R., Ennos, R., Fineschi, S., Grivet, D., Lascoux, M., Mohanty, A., Muller-Starck, G.M., Demesure-Musch, B., Palme, A., Martin, J.P., Rendell, S., and Vendramin, G.G. 2003. Glacial refugia: hotspots but not melting pots of genetic diversity. *Science* 300(5625): 1563-1565.
- Reed, D.H. and Frankham, R. 2003. Correlation between fitness and genetic diversity. *Conservation Biology* 17(1): 230-237.
- Rehder, A. 1922. Two new Asiatic poplars. *Journal of the Arnold Arboretum* 3(4): 226-227.
- Song, J.H., Lim, H.I., Hong, K.N., Jang, K.H., and Hong, Y.P. 2012. Genetic Diversity and Spatial Genetic Structure of Dwarf Stone Pine in Daecheongbong Area, Mt. Seorak. *Korean Journal of Plant Resources* 25(4): 407-415.
- Streiff, R., Labbe, T., Bacilieri, R., Steinkellner, H., Glossl, J., and Kremer, A. 1998. Within-population genetic structure in *Quercus robur* L. and *Quercus petraea* (Matt.) Liebl. assessed with isozymes and microsatellites. *Molecular Ecology* 7(3): 317-328.
- Ueno, S., Tomaru, N., Yoshimaru, H., Manabe, T., and Yamamoto, S. 2000. Genetic structure of *Camellia japonica* L. in an old-growth evergreen forest, Tsushima, Japan. *Molecular Ecology* 9(6): 647-656.

- Vekemans, X. and Hardy, O.J. 2004. New insights from fine-scale spatial genetic structure analyses in plant populations. *Molecular Ecology* 13(4): 921-935.
- Vucetich, J.A. and Waite, T.A. 2003. Spatial patterns of demography and genetic processes across the species range: null hypothesis for landscape conservation genetics. *Conservation Genetics* 4(5): 639-645.
- Williams, C.G. and Hamrick, J.L. 1996. Elite populations for conifer breeding and gene conservation. *Canadian Journal of Forest Research* 26(3): 453-461.
- Yeh, F.C., Yang, R., and Boyle, T. 1999. POPGENE VERSION 1.31: Microsoft Window-based Freeware for Population Genetic Analysis. Dept. of Renewable Resources. Univ. of Alberta. Edmonton, Alberta. Canada.

---

2013년 10월 8일 접수; 2014년 3월 14일 채택