

소나무 천연갱신림내 성목과 치수의 유전변이 비교

안지영¹ · 이제완^{1*} · 이석우¹ · 백승훈¹ · 임효인¹ · 김현섭²

¹국립산림과학원 산림유전자원과, ²국립산림과학원 산림생산기술연구소

Comparison of Genetic Variation between Pre-practice Mature Trees and Post-practice One-year Old Seedlings in *Pinus densiflora* Natural Regeneration Stands

Ji Young Ahn¹, Jei Wan Lee^{1*}, Seok Woo Lee¹, Seung Hoon Baek¹,
Hyo In Lim¹ and Hyun Seop Kim²

¹Division of Forest Genetic Resources, National Institute of Forest Science, Suwon 16631, Korea

²Forest Practice Research Center, National Institute of Forest Science, Pocheon 11187, Korea

요 약: 단목모수, 군상모수, 군상개별, 대상개별 등의 천연갱신 방법이 적용된 소나무림의 nSSR 유전변이를 조사하였다. 작업(벌채) 전 성목과 작업 후 임내에서 자연 발생한 1년생 치수들의 유전다양성을 비교한 결과 큰 차이가 없는 것으로 나타났으며(성목: $A=13.4$; $A_e=4.3$; $H_o=0.596$; $H_e=0.598$, 치수: $A=13.6$; $A_e=4.3$; $H_o=0.571$; $H_e=0.597$), 각각의 작업종에서도 통계적으로 유의한 차이를 발견할 수 없었다. 성목과 치수의 유전분화 정도는 매우 낮은 것으로 나타났으며($F_{ST}=0.002$), 각 작업종별 유전분화 정도 역시 낮은 값($F_{ST} \leq 0.01$)을 보여 작업 전, 후 임분의 유전구조 변화는 크지 않은 것으로 추정되었다. 결과적으로 본 연구가 수행된 소나무 임분의 경우 유전다양성과 유전적 조성 변화에 미치는 천연갱신 작업종의 효과가 두드러지지 않은 것으로 나타났다. 그러나, 천연갱신 작업종이 유전변화에 미치는 영향을 보다 정확하게 평가하기 위해서는 작업 후 남겨진 개체(모수)의 교배로부터 발생한 치수들의 시계열적 유전변이와 유전구조 변화를 지속적으로 추정할 필요가 있는 것으로 판단된다.

Abstract: We studied the genetic impact of natural regeneration practices, such as Single seed tree, Group seed tree, Patch clear cutting and Alternate strip clear cutting systems, by comparing the nuclear microsatellite(nSSR) variation of post-practice natural regeneration one-year old seedlings of *Pinus densiflora* to that of pre-practice mature trees. The levels of genetic diversity of seedlings ($A=13.6$, $A_e=4.3$, $H_o=0.571$, $H_e=0.597$) were similar to those of mature trees ($A=13.4$, $A_e=4.3$, $H_o=0.596$, $H_e=0.598$) and the differences in the level of genetic diversity between seedlings and mature trees for each of the practices were not statistically significant. The degree of genetic differentiation between seedlings and mature trees was very low ($F_{ST}=0.002$) and the pairwise F_{ST} values between seedlings and mature trees for all practices were less than 0.01. Overall, the natural regeneration practices appeared to have only minor impacts on the genetic diversity and the genetic composition in the studied *P. densiflora* stands. For a better understanding of the genetic effects of natural regeneration practices, subsequent studies such as temporal genetic variation of seedlings formed by crossing among post-practice mature trees should be considered.

Key words: genetic diversity, genetic differentiation, nSSR marker, pre-practice mature trees, post-practice seedlings

서 론

소나무(*Pinus densiflora* Sieb. et Zucc.)는 국내에 자생하는 침엽수류 가운데 가장 넓게 분포하는 경제수종이다(Lee, 2012). 분포지가 넓은 만큼 입지환경에 따라 임분의

유형, 밀도, 형질이 다양하기 때문에 소나무림을 효율적으로 관리하기 위한 다양한 시업방법들이 개발되어 왔다(Lee et al., 2008). 이 가운데 임분의 안정성과 함께 생산성을 유지시키기 위한 다양한 천연갱신법이 개발·적용되고 있는데(Hong et al., 2006), 종자공급을 위한 모수를 단목 또는 군상으로 남기고 나머지 임목들을 제거하는 모수림 작업, 갱신지역 임분에 있는 개체목을 한 번에 모두 벌채

*Corresponding author
E-mail: leejeiwan@korea.kr

한 후 측방천연하중에 의하여 갱신을 유도하는 개별 작업 등이 있다(Lee et al., 2008).

산림자원 관리를 위해 임분의 밀도를 조절하고 임분의 연령 구조를 개선하는 산림시업들은 임분 내 유전다양성과 유효집단 크기에 영향을 준다(Ledig, 1992). 아울러 작업 강도에 따라 그 정도는 다르지만 자연교란과 유사한 효과를 나타낼 수 있다(Knowles, 1985). 따라서 산림작업에 따른 유전다양성 변화를 추정함으로써 산림 경영계획 수립 시 갱신 대상 임분의 유전다양성과 유전구조를 안정적으로 유지시켜 줄 수 있는 작업종을 선택하는 것이 중요하다. 유전다양성이 감소하면 환경 변화나 병해충에 취약해질 뿐만 아니라 생산성도 감소할 가능성이 높기 때문이다(Namkoong, 1992; Rajora et al., 2000; Ratnam et al., 2014).

그동안 산림시업 방법들이 유전다양성과 유전구조에 미치는 영향을 추정하기 위한 다양한 연구들이 수행되어 왔다(Buchert et al., 1997; Rajora, 1999; Thomas et al., 1999; Rajora et al., 2000; El-Kassaby et al., 2003; Rajora and Pluhar, 2003; Fageria and Rajora, 2014). 국내에서는 안면도 소나무림 천연갱신지의 유전구조를 추정한 연구(Hong et al., 2004)만 있을 뿐 소나무림 천연갱신 임분의 유전변이 영향을 추정한 연구는 거의 이루어지지 않았다.

산림작업이 임분의 유전적 조성에 미치는 효과는 작업의 종류, 임분의 조성 및 구조, 대상종의 생물학적·생태적 특성 등에 따라 달라질 수 있다. 본 연구는 천연갱신 작업이 적용된 강원도 삼척지역의 소나무림을 대상으로 산림시업의 유전적 영향을 평가하기 위한 선행연구로 임분 내 성목과 작업후 발생한 1년생 치수를 대상으로 치수 발생 특성과 유전 변이를 분석하였다.

재료 및 방법

1. 연구 대상지

강원도 삼척시 하장면 갈전리 산 1번지에 소재한 본 시험지는 태백산 동쪽에 위치한 해발고도 800 m 지역으로 지하고가 10 m~17 m인 소나무가 우점하는 지역이다. 천연갱신 작업종 별 갱신 효율성을 비교하기 위해 2013년 5월에 동일한 사면에서 모수림 작업과 개별작업이 이루어졌다. 모수림 작업의 경우 모수를 단목으로 남겨놓는 단목모수작업(0.7 ha)과 세 그루 씩 군상으로 남겨놓는 군상모수작업(0.9 ha)이 수행되었다. 개별작업의 경우 군상개별작업(2.4 ha)과 대상개별작업(1 ha)이 수행되었는데, 군상개별은 각각 20 m, 30 m, 40 m의 지름을 갖는 원형으로 개별을 수행하였고 대상개별은 각각 10 m, 20 m, 40 m의 폭을 갖는 띠형으로 개별을 수행하였다(Figure 1).

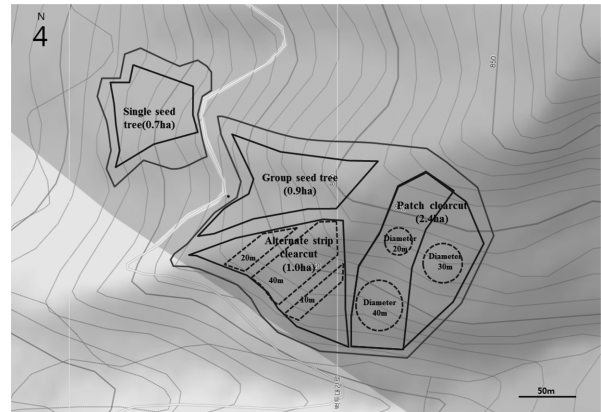


Figure 1. The map of *Pinus densiflora* stands for natural regeneration practices.

2. 시료 채취 및 DNA 추출

산림작업이 적용되기 전에 단목모수 임분에서 43개, 군상모수 임분에서 46개, 군상개별 임분에서 50개, 대상개별 임분에서 50개의 성목으로부터 침엽을 채취하였다. 산림작업 종료 후 1년 뒤인 2014년 9월에 단목모수 임분에서 51개체, 군상모수 임분에서 72개체, 군상개별 임분에서 53개체, 대상개별 임분에서 82개체의 1년생 치수로부터 침엽을 채취하였다. 향후 치수의 생존율과 유전변이의 시계열적 변화를 추정하기 위하여 각 차대묘의 GPS 위치 정보를 확보하였으며 깃발로 그 위치를 표시 하였다. 채취한 침엽은 바로 실험실로 옮겨 DNeasy Plant Mini Kit(QIAGEN, Germany)을 활용하여 genomic DNA를 추출하였다.

3. PCR 분석 및 증폭산물 분획

유전변이 분석을 위해 소나무와 테다소나무에서 개발된 5개의 nSSR 프라이머가 사용되었다[Pdms009, Pdms065, Pdms221(Watanabe et al., 2006), Pde14(Lian et al., 2000), Lop5(Liewlaksaneeyanawin et al., 2004)]. PCR 반응용액은 12 μ L당 20 ng template DNA, 1 \times reaction buffer, 0.2 μ M primer mix, 0.1 mM dNTPs, 0.67~1 mM $MgCl_2$, 1unit *Taq* DNA polymerase(KS-T0120, KisanBio, Korea)로 조성하였다. PCR증폭은 프라이머 별 증폭 조건에 따라 수행되었으며, 증폭산물의 분획을 위해 Applied Biosystems 3130xl Genetic Analyzer(Applied Biosystem, USA)를 이용해서 capillary 전기영동을 수행하였다. PCR 증폭산물은 Applied Biosystems사에서 제공하는 Hi-Di Formamide와 GeneScan™-500 ROX size standard를 섞은 혼합물에 같이 넣고 동시에 분획하였다. 분획된 증폭산물의 유전자형은 GeneMapper v4.0 software를 이용하여 결정하였다.

4. 통계 분석

성목과 치수의 개체별 유전자형 자료를 이용하여 대립

유전자수(A), 유효 대립유전자수(A_e), 이형접합도 관찰치(H_o)와 기대치(H_e), 고정지수(F), Wright의 F 통계량(F_{IS} , F_{IT} , F_{ST})을 추정하였다. 이상의 모든 통계치는 GeneAEx v6.4 프로그램(Peakall and Smouse, 2006)을 이용하여 계산되었다. 갱신지 내 성목과 치수에서 추정된 유전다양성 차이의 유의성을 확인하기 위하여 t -검정을 수행하였으며, 개별작업 처리구 별 유전다양성 값들의 차이를 비교하기 위하여 분산분석(ANOVA)을 수행하였다. FSTAT v2.9.3.2 프로그램(Goudet, 2002)을 이용하여 성목과 치수 간 유전분화 값에 대한 유의성검증(G -검정)을 실시하였다.

결 과

1. 치수 발생

치수의 발생정도를 조사한 결과 작업지에 따라 치수발생 양상이 다르게 나타났다. 모수작업의 경우 단목모수 작업지에서는 51개체가 발견되었고, 군상모수 작업지에서는 총 72개체가 발견되었다. 단목모수 작업지의 경우 모수 주변보다는 주로 임연부에서 치수가 발견되었고, 군상모수 작업지에서는 모수 주변에서 주로 치수가 발견되었다. 대상개별과 군상개별 작업지에서는 개별된 처리구의 경계면(임연부)에서 치수가 주로 발생하였는데, 군상개별보다 대상개별 작업지에서 처리구 내 치수들이 보다 크게 분포하고 있었다. 군상개별 작업지에서는 총 53개의 치수가 발견되었는데, 지름 30 m 군상면 처리지역에서 가장

적은 15개의 치수가 발견되었고 지름 40 m 군상면 처리지역에서 가장 많은 20개의 치수가 발견되었다. 대상개별 작업지에서 총 82개의 치수가 발견되었는데 대상 폭 10 m 처리지역에서 가장 많은 30개의 치수가 발견되었고, 대상 폭 40 m에서 가장 적은 24개의 치수가 발견되었다.

2. 유전다양성과 유전분화

천연갱신지 내 전체 성목에서 관측된 평균 대립유전자 수(A)는 13.4개, 유효 대립유전자 수(A_e)는 4.3개, 이형접합도 관찰치(H_o)는 0.596, 이형접합도 기대치(H_e)는 0.598, 고정지수(F)는 0.010로 나타났다(Table 1). 1년생 치수 전체에서 관측된 평균 대립유전자 수는 13.6개, 유효 대립유전자 수는 4.3개, 이형접합도 관찰치는 0.571, 이형접합도 기대치는 0.597, 고정지수는 0.046 이었다. 성목과 1년생 치수의 유전다양성은 전반적으로 유사한 경향이었으나, 1년생 치수에서 이형접합도 관찰치는 다소 감소하였고 고정지수는 증가하였다. 그러나 이러한 차이의 통계적 유의성은 관측되지 않았다 [$A(t=2.31, P=0.977)$, $A_e(t=2.31, P=0.990)$, $H_o(t=2.31, P=0.890)$, $H_e(t=2.31, P=1.000)$, $F(t=2.31, P=0.306)$].

작업중 별로 유전다양성을 비교한 결과, 단목모수 작업지의 성목에서 관측된 평균 대립유전자 수(A)는 10.2개, 유효 대립유전자 수(A_e)는 4.7개, 이형접합도 관찰치(H_o)는 0.569, 이형접합도 기대치(H_e)는 0.607, 고정지수(F)는 0.105 였다(Table 2). 반면 치수의 평균 대립유전자 수는

Table 1. Genetic diversity in pre-practice mature trees and post-practice one-year old seedlings of *Pinus densiflora* natural regeneration stands.

Category	N	A	A_e	H_o	H_e	F
Mature trees	189	13.4±4.6 ²	4.3±1.5	0.596±0.125	0.598±0.122	0.010±0.020
Seedlings	258	13.6±5.0	4.3±1.6	0.571±0.126	0.597±0.125	0.046±0.027

N= sample size, A = number of observed alleles, A_e = number of effective alleles, H_o = observed heterozygosity, H_e = expected heterozygosity, F = Fixation Index

²All values are expressed as means±standard deviations.

Table 2. Comparison of genetic diversities between pre-practice mature trees and post-practice one-year old seedlings in each practice.

Practices	Category	N	A	A_e	H_o	H_e	F
Single seed tree	Mature trees	43	10.2±3.5 ²	4.7±1.8	0.569±0.143	0.607±0.120	0.105±0.064
	Seedlings	51	11.0±3.8	3.7±1.2	0.626±0.108	0.598±0.105	-0.055±0.031
Group seed tree	Mature trees	46	9.4±2.9	4.0±1.3	0.613±0.115	0.605±0.108	-0.010±0.028
	Seedlings	72	9.6±3.7	4.3±1.5	0.570±0.134	0.605±0.125	0.075±0.038
Patch clear cutting	Mature trees	50	10.6±3.9	4.3±1.5	0.616±0.130	0.595±0.131	-0.046±0.054
	Seedlings	53	9.6±3.2	3.8±1.3	0.551±0.123	0.575±0.124	0.047±0.030
Alternate strip clear cutting	Mature trees	50	9.2±3.3	3.5±1.2	0.580±0.128	0.555±0.125	-0.052±0.032
	Seedlings	82	10.8±3.9	4.2±1.5	0.550±0.138	0.580±0.134	0.057±0.057

N=sample size, A =number of observed alleles, A_e =number of effective alleles, H_o =observed heterozygosity, H_e =expected heterozygosity, F = Fixation Index

²All values are expressed as means±standard deviations.

11.0개, 유효 대립유전자 수는 3.7개, 이형접합도 관찰치는 0.626, 이형접합도 기대치는 0.598, 고정지수는 -0.055 였다. 성목에 비해 치수에서 대립유전자 수와 이형접합도 관찰치는 증가한 반면, 유효대립유전자수, 이형접합도 기대치 및 고정지수는 감소하였으나, 통계적 유의성은 관측되지 않았다 [$A(t=2.31, P=0.882)$, $A_e(t=2.31, P=0.650)$, $H_o(t=2.31, P=0.837)$, $H_e(t=2.31, P=0.905)$, $F(t=2.31, P=0.055)$].

군상모수 작업지의 경우 성목에서 관측된 평균 대립유전자 수는 9.4개, 유효 대립유전자 수는 4.0개, 이형접합도 관찰치는 0.613, 이형접합도 기대치는 0.605, 고정지수는 -0.010 이었다 (Table 2). 치수의 평균 대립유전자 수는 9.6개, 유효 대립유전자 수는 4.3개, 이형접합도 관찰치는 0.570, 이형접합도 기대치는 0.605, 고정지수는 0.075로 나타났다. 성목에 비해 치수에서 평균 대립유전자 수, 유효 대립유전자 수 및 고정지수가 증가하였고, 이형접합도 관찰치는 감소하였으나, 통계적 유의성은 관측되지 않았다 [$A(t=2.31, P=0.967)$, $A_e(t=2.31, P=0.875)$, $H_o(t=2.31, P=0.844)$, $H_e(t=2.31, P=0.976)$, $F(t=2.12, P=0.112)$].

군상개별 작업지의 경우 성목에서 관측된 평균 대립유전자 수는 10.6개, 유효 대립유전자 수는 4.3개, 이형접합도 관찰치는 0.616, 이형접합도 기대치는 0.595, 고정지수는 -0.046 이었다 (Table 2). 치수의 평균 대립유전자 수는 9.6개, 유효 대립유전자 수는 3.8개, 이형접합도 관찰치는 0.551, 이형접합도 기대치는 0.575, 고정지수는 0.047이었다. 성목에 비해 치수에서 대립유전자 수, 유효 대립유전자 수, 이형접합도 관찰치 및 이형접합도 기대치는 감소하였으나, 고정지수는 증가하였다. 그러나 통계적 유의성은 관측되지 않았다 [$A(t=2.31, P=0.847)$, $A_e(t=2.31, P=0.794)$, $H_o(t=2.31, P=0.711)$, $H_e(t=2.31, P=0.898)$, $F(t=2.31, P=0.173)$].

대상개별 작업지의 경우 성목에서 관측된 평균 대립유전자 수는 9.2개, 유효 대립유전자 수는 3.5개, 이형접합도 관찰치는 0.580, 이형접합도 기대치는 0.555, 고정지수는 -0.052 이었다 (Table 2). 치수의 평균 대립유전자 수는 10.8개, 유효 대립유전자 수는 4.2개, 이형접합도 관찰치는 0.550, 이형접합도 기대치가 0.580, 고정지수는 0.057이었다. 성목과 비교하여 치수에서 대립유전자 수, 유효대립유전자 수, 이형접합도 기대치 및 고정지수 값이 증가하였고, 이형접합도 관찰치는 감소하였으나, 통계적 유의성은 관측되지 않았다 [$A(t=2.31, P=0.762)$, $A_e(t=2.31, P=0.706)$, $H_o(t=2.31, P=0.908)$, $H_e(t=2.31, P=0.867)$, $F(t=2.31, P=0.133)$].

군상개별 작업지에서는 30 m 처리구 ($A=6.4, A_e=3.8, H_o=0.581, H_e=0.591$) 내 치수들이 다른 두 처리구의 치수들에 비해 다양한 유전변이를 보유하고 있는 것으로 나타났다. 대상개별 작업지에서는 대상폭 20 m 처리구 ($A=7.8, A_e=3.8, H_o=0.572, H_e=0.577$) 내 치수들이 다른 두 처리구의 치수들에 비해 다양한 유전변이를 보유하고 있었다 (Table 3). 그러나 군상개별과 대상개별 작업지 모두 각 처리 간에 통계적으로 유의한 유전다양성 차이는 발견할 수 없었다 [군상개별 ($A: F_{(2,12)}=0.071, P=0.932; A_e: F_{(2,12)}=0.215, P=0.810; H_o: F_{(2,12)}=0.213, P=0.811; H_e: F_{(2,12)}=0.060, P=0.942$), 대상개별 ($A: F_{(2,12)}=0.023, P=0.977; A_e: F_{(2,12)}=0.036, P=0.965; H_o: F_{(2,12)}=0.046, P=0.955; H_e: F_{(2,12)}=0.001, P=0.999$)].

작업종의 구분 없이 작업 전 성목과 작업 후 발생한 치수 간의 유전분화 정도 (F_{ST})는 분석된 5개 유전자좌에서 평균 0.002로 나타났다 (Table 4). 작업종 별 성목과 치수간의 유전분화는 단목모수 작업지에서 0.007, 군상모수 작업지에서 0.006, 군상개별 작업지에서 0.010, 대상개별 작업지에서 0.004로 나타났다 (Table 5). 군상모수 작업지에

Table 3. Comparison of genetic diversities among different cutting treatments for Patch clear cutting and Alternate strip clear cutting in post-practice one-year old seedlings.

Practices	Cutting treatment	N	A	A_e	H_o	H_e	F
Patch clear cutting	Seedlings (40 m in diameter)	20	7.4±2.6 ^z	3.5±1.2	0.494±0.125	0.536±0.146	0.027±0.077
	Seedlings (30 m in diameter)	15	6.4±1.7	3.8±1.3	0.581±0.154	0.591±0.121	0.078±0.082
	Seedlings (20 m in diameter)	18	6.4±2.1	2.8±0.7	0.593±0.112	0.546±0.102	-0.092±0.029
Alternate strip clear cutting	Seedlings (20 m in width)	28	7.8±2.6	3.8±1.3	0.572±0.132	0.577±0.127	0.011±0.053
	Seedlings (40 m in width)	24	7.6±2.5	4.0±1.5	0.559±0.148	0.572±0.131	0.028±0.074
	Seedlings (10 m in width)	30	8.4±3.0	4.4±1.6	0.521±0.139	0.574±0.140	0.106±0.078

N= sample size, A= number of observed alleles, A_e = number of effective alleles, H_o = observed heterozygosity, H_e = expected heterozygosity, F= Fixation Index

^zAll values are expressed as means±standard deviations.

Table 4. Estimates of Wright's F statistics for pre-practice mature trees and post-practice one-year old seedlings of *Pinus densiflora* natural regeneration stands.

Locus	F_{IS}	F_{IT}	F_{ST}
pdms009	-0.019	-0.017	0.001
pdms065	0.027	0.031	0.004
pdms221	0.051	0.051	0.000
pde14	0.034	0.035	0.001
Lop5	0.053	0.058	0.005
Mean	0.029	0.031	0.002

F_{IS} =Inbreeding coefficient of subpopulation, F_{IT} =Inbreeding coefficient of total population, F_{ST} =Genetic differentiation among subpopulation

Table 5. Estimates of Wright's F statistics for pre-practice mature trees and post-practice one-year old seedlings of each different regeneration practice.

Practices	F_{IS}	F_{IT}	F_{ST}
Single seed tree	0.024	0.031	0.007 ^{ns}
Group seed tree	0.032	0.037	0.006*
Patch clearcutting	-0.004	0.007	0.010 ^{ns}
Alternate strip clearcutting	0.005	0.010	0.004 ^{ns}

F_{IS} =Inbreeding coefficient of subpopulation, F_{IT} =Inbreeding coefficient of total population, F_{ST} =Genetic differentiation among subpopulation

ns: not significant, *: $P < 0.05$

서만 유전분화 값의 통계적 유의성이 나타났으나($P < 0.05$), 결과적으로 작업 전 성목과 작업 후 치수간의 유전분화는 미미한 것으로 나타났다.

고 찰

천연갱신지 내 치수의 발생 정도는 천연갱신지의 상태와 발달을 보여주는 일반적 지표로 활용될 수 있다. 본 천연갱신지의 경우, 신갈나무 맹아나 하층식생 발달이 우세한 구역에서는 소나무 치수가 발견되지 않았다. 이는 신갈나무의 맹아 번식이나 하층식생 생장이 왕성한 지역에서는 광량의 감소로 인해 소나무의 치수 발생이 어려운 환경이 조성되기 때문인 것으로 사료된다(Fujihara et al., 2002). 기존 소나무림 천연갱신지 임분의 식생 연구에서도 하층 식생과 신갈나무 맹아의 빠른 생장이 치수의 발생을 억제하고 있는 것으로 보고되고 있다. 즉, Bae(1994)와 Chung(2005)은 소나무의 치수 발생을 원활히 유도하기 위해서 지속적으로 하층 식생을 제거해 줄 필요가 있다고 보고한 바 있다. 따라서 본 연구 대상지에서도 소나무 치수 발생을 양호하게 유도하기 위하여 지속적인 하층 식생 제거 등의 관리가 이루어져야 할 것으로 판단된다.

본 연구에서 천연갱신 작업지의 성목과 치수의 유전다양성 지표간의 통계적인 유의성이 나타나지 않아 유전다

양성 변화는 크지 않은 것으로 나타났다. 성목과 치수 간 분석된 유전자좌의 평균 유전분화 정도(F_{ST})는 0.002로 나타나 유전구조의 변화도 미미한 것으로 나타났다. 이러한 결과는 Ratnam et al.(2014)의 결과와 유사한 것으로 나타났다. 북남미, 유럽, 호주 및 동남아 지역에서 수행된 산림작업이 미치는 유전적 효과에 관한 46개의 연구들을 검토한 결과, 8개 연구에서만 통계적으로 유의한 유전다양성 감소가 보고되었다. 반면에 38개 연구에서는 산림작업이 유전적 조성이나 구조 변화에 미치는 영향이 크지 않은 것으로 나타났다.

본 연구에서 단목모수 작업종을 제외한 모든 작업종에서 차대의 고정지수 값(F)이 작업 전 성목에 비해서 증가하였다. 주로 타가수정을 하는 소나무류의 경우 biparental inbreeding의 효과로 치수림에서는 F 값이 증가하나 성숙림으로 발달하면서 F 값이 감소한다. 왜냐하면 생존에 불리한 유전자를 갖는 동형접합체가 자연선택에 의해 도태되면서 그 빈도가 줄어들기 때문이다(Farris and Mitton, 1984; Lee et al., 2003; Nowakowska et al., 2014). 본 연구 역시 치수림에서 F 값이 증가하였는데, 보다 정확한 해석을 위해서는 향후 치수림의 발달단계에 따른 F 값의 변화를 추정할 필요가 있을 것으로 판단된다.

본 연구에서 적용된 단목모수, 군상모수, 대상개별, 군상개별 작업종 모두 작업전 성목과 작업후 발생한 치수간 유전적 다양성이나 유전구조 변화에 미치는 영향은 크지 않은 것으로 나타났다. 즉, 산림작업 후 발생한 1년생 치수들의 유전다양성과 유전구조는 작업(벌채) 전 성목들과 비교하여 통계적으로 유의한 차이를 나타내지 않았다. 그러나 천연갱신 작업종별 유전적 효과를 보다 정확하게 추정하기 위해서는 작업 후 2년 뒤 발생한 치수들의 유전변이를 조사할 필요가 있다. 왜냐하면 소나무의 경우 수분에서 결실까지 2년이 소요되기 때문에 본 연구에서 조사된 1년생 치수들은 천연갱신 작업 후 남겨진 모수들에 의하여 생산된 차대라기보다는 작업 전 임지 내 성목들이 교배에 기여하여 생산된 차대(매토종자를 포함하여)들이기 때문이다. 따라서 천연갱신 작업종이 차대의 유전변이에 미치는 중장기 영향을 보다 정확하게 추정하기 위해서는 산림작업 후 2년 뒤(2015년)부터 발생하는 치수들의 시계열적 유전변이를 조사할 필요가 있으며, 본 연구는 이러한 후속연구를 추진하는데 있어서 유용한 기초정보를 제공해 줄 수 있을 것이다.

References

- Bae, S.W. 1994. Structure and tending method for naturally regenerated young *Pinus densiflora* Sieb. et Zucc. stands. Journal of Korean Forest Society 83(1): 50-62 (in Korean).
- Buchert, G.P., Rajora, O.P. and Hood, J.V. 1997. Effects of

- harvesting on genetic diversity in old-growth eastern white pine in Ontario, Canada. *Conserved Biology* 11: 747-758.
- Chung, S.H., Kang, S.G. and Kim J.H. 2005. The natural regeneration patterns of hardwood sprouts and pine seedlings by thinning intensities in a *Pinus densiflora* stand. Proceedings of the 2005 summer meeting of the Korean Forest Society. pp. 91-93 (in Korean).
- El-Kassaby, Y.A., Dunsworth, B.G. and Krakowski, J. 2003. Genetic evaluation of alternative silvicultural systems in coastal montane forests: western hemlock and amabilis fir. *Theoretical and Applied Genetics* 107: 598-610.
- Fageria, M.S. and Rajora, O.P. 2014. Effects of silvicultural practices on genetic diversity and population structure of white spruce in Saskatchewan. *Tree genetics & Genomes* 10: 287-296.
- Farris, M.A. and Mitton, J.B. 1984. Population density, outcrossing rate and heterozygote superiority in ponderosa pine. *Evolution* 38: 1151-1154.
- Fujihara, M., Hada, Y. and Toyohara, G. 2002. Changes in the stand structure of a pine forest after rapid growth of *Quercus serrata* Thunb. *Forest Ecology and Management* 170: 55-65.
- Hong, K.N., Lee, S.W., Jeong, J.M., Jang, G.H., and Kang, B.L. 2004. Spatial distribution of genetic variation at a small stand of *Pinus densiflora* regenerated after clearcut in Anmyon Island, Korea. *Journal of Korean Forest Society* 93(1): 35-42 (in Korean).
- Hong, S.C., Joo, S.H., Cho, H.J., Bae, K.H., Moon, H.S., Lee, Y.G., Park, M.S., Hur, T.C. Oh, S.H., Lee, J.H., and Cho, G.H., 2006. Development of effective natural regeneration system in *Pinus densiflora* forest. Ministry of Agriculture and Forestry. Sejong. pp. 163-185 (in Korean).
- Kang, H.K., Park, J.Y., Ahn, S.K., Cho, Y.H., Park, B.J., Kim, W.T., Shin, K.J., Eo, Y.J., and Song, H.S. 2014. Germination of buried seeds in secondary forest of Basla Zone. – Coniferous and Broadleaved Forest of low slope, Yesan-gun, Korea – *Korean Journal of Environmental Ecology* 28(6): 705-714 (in Korean).
- Knowles, P. 1985. Comparison of isozyme variation among natural stands and plantations: Jack pine and black spruce. *Canadian Journal of Forest Research* 15(5): 902-908.
- Ledig, F.T. 1992. Human impacts on genetic diversity in forest ecosystems. *Oikos* 63(1): 87-108.
- Lee, D.G. 2012. Statistical yearbook of Forestry. Korea Forest Service. Daejeon, Korea. pp. 491 (in Korean).
- Lee, D.G., Kwon, K.C., Lim, S.J., Park, P.S., Shin, J.H., Shin, M.Y., Han, W.S., Chung, S.Y., Jeon, E.J., Hwang, J.H., Kim, G.T., Um, T.W., Kim, N.H., Ahn, H.H., Kim, H.J., Kwon, K.W., and Kim, J.H. 2008. Regeneration system for Korean forest. East Korea Forest Service. Gangneung. pp. 47 (in Korean).
- Lee, K.J., Bae, S.W., Hwang, J.H., Lee, K.S., Kim, Y.S., Kim, S.K., Kang, Y.J. Baek, U.S., and Kim, H.S. 2008. Silvicultural practices of *Pinus densiflora* forest. Korea forest research institute. Seoul. pp. 69 (in Korean).
- Lee, S.W., Jang, S.S., Jang, K.H., and Kim, C.S. 2003. Estimation of mating system parameters in the Natural population of *Pinus densiflora* of Anmyun Island, Korea using allozyme markers. *Journal of Korean Forestry Society* 92(2): 121-128.
- Lian, C., Miwa, M. and Hogetsu, T. 2000. Isolation and characterization of microsatellite loci from the Japanese red pine, *Pinus densiflora*. *Molecular Ecology* 9: 1186-1188.
- Liewlaksaneeyanawin, C., Ritland, C. E., El-Kassaby, Y.A. and Ritland, K. 2004. Single-copy, species-transferable microsatellite markers developed from loblolly pine ESTs. *Theoretical applied and Genetics* 109: 361-369.
- Namkoong, G. 1992. Biodiversity - issues in genetics, forestry and ethics. *Forestry Chronicle* 68(4): 438-443.
- Nowakowska, J.A., Zachara, T. and Konecka, A. 2014. Genetic variability of Scots pine (*Pinus sylvestris* L.) and Norway spruce (*Picea abies* L. Karst.) natural regeneration compared with their maternal stands. *Lesne Prace Badawcze (Forest Research Papers)* 75(1): 47-54.
- Peakall, R. and Smouse, P.E. 2006. GENEALOX 6: genetic analysis in Excel. population genetic software for teaching and research. *Molecular Ecology Notes* 6: 288-295.
- Rajora, O.P. 1999. Genetic biodiversity impacts of silvicultural practices and phenotypic selection in white spruce. *Theoretical and Applied Genetics* 99: 954-961.
- Rajora, O.P., Rahman, M.H., Buchert, G.P., and Dancik, B.P. 2000. Microsatellite DNA analysis of genetic effects of harvesting in old-growth eastern white pine (*Pinus strobus*) in Ontario, Canada. *Molecular Ecology* 9: 339-348.
- Rajora, O.P. and Pluhar, S.A. 2003. Genetic diversity impacts of forest fires, forest harvesting, and alternative reforestation practices in black spruce (*Picea mariana*). *Theoretical and applied Genetics* 106: 1203-1212.
- Ratnam, W., Rajora, O.P., Finkeldey, R., Aravanopoulos, F., Bouvet, J.M., Vaillancourt, R.E., Kanashiro, M., Fady, B., Tomita, M., and Vinson, C. 2014. Genetic effects of forest management practices: Global synthesis and perspectives. *Forest Ecology and Management* 333: 52-65.
- Thomas, B.R., Macdonald, S.E., Hicks, M., Adams, D.L., and Hodgetts, R.B. 1999. Effects of reforestation methods on genetic diversity of lodgepole pine: an assessment using microsatellite and randomly amplified polymorphic DNA markers. *Theoretical and Applied Genetics* 98: 793-801.
- Watanabe, A., Iwaizumi, M.G., Ubukata, M., Kondo, T., Lian, C., and Hogetsu, T. 2006. Isolation of microsatellite markers from *Pinus densiflora* Sieb. et Zucc. using a dual PCR technique. *Molecular Ecology Notes* 6: 80-82.