

댕댕이나무(*Lonicera caerulea* var. *edulis*) 국내 잔존 집단의 유전적 다양성

최고은, 남재익, 김영미, 박재인*
충북대학교 산림학과

Genetic Diversity of *Lonicera caerulea* var. *edulis* in South Korea

Go Eun Choi, Jae Ik Nam, Yeong-Me Kim and Jae-In Park*

Department of Forest Science, Chungbuk National University, Cheongju 362-763, Korea

Abstract - *Lonicera caerulea* var. *edulis* is a rare species found in some alpine region of Korea. Genetic variation in *L. caerulea* var. *edulis* has been investigated by examining 161 individuals from six natural populations: Mt. Seorak 1, Mt. Seorak 2, Mt. Jeombong, Mt. Bangtae, Mt. Gyebang, Mt. Halla. The mean genetic diversity for all the six populations was 0.25 (S.I.). The highest genetic diversity was found in Mt. Seorak (S.I.=0.3158) and the lowest was in Mt. Gyebang (S.I.=0.1047). Comparatively low level of genetic diversity was observed ($A_e=1.25$, $P=64.6\%$, S.I.=0.25), which is a typical pattern for rare tree species. AMOVA showed exceptionally large proportion of genetic variations both for among populations (34.69%) and within populations (65.31%). Excluding Mt. Gyebang, the genetic variation among and within population was 18.71% and 81.29% respectively. The UPGMA dendrogram based on genetic distance is not suitable for geographic relationship. Genetic distance of Mt. Gyebang was most distant from the other populations. Excluding Mt. Gyebang, the genetic identities among the five populations were 0.95 to 0.97, which is very high similarity level of genetic identity. This low level of genetic variations and the lack of site in nature indicates that *L. caerulea* var. *edulis* demanded a serious conservation.

Key words - Native plants, Rare species, ISSR, AMOVA, *Lonicera caerulea* var. *edulis*

서 언

식물 군집은 급격한 환경변화에 저항이 어려우며 도태 및 고립으로 유전적 특성이 단순화될 경우, 멸종되거나 희소한 종이 된다(Kim *et al.*, 2000). 최근 생물다양성을 위협하는 요인인 지구 온난화에 따른 자연생태계의 교란과 파괴문제는 국제적 현안이다(Lyu and Lee, 2002). 기후의 변화는 지구상의 생물에게도 큰 영향을 미친다. 급격한 기후변화의 상황에서 식물 종은 개화시기가 빨라지거나 연 2회의 개화를 하는 등 생리적 부작용이 나타난다. 또한 한대성 식생이 활기를 잃고 쇠퇴하는 등 생태적 변화가 일어난다(Kong, 2005).

한반도에 분포하는 식물상과 식생은 종 다양성이 풍부하고

고유종의 비율이 높은 편이나 고산식물의 경우 높은 산의 정상에서 관찰되는 관계로 이에 대한 관심은 적은 편이다. 고산식물은 한랭한 기후조건에 적응할 수 있는 생리 생태적 조건을 지니도록 적응하였거나, 한대성 식물이 이동하여 있는 경우가 많다. 한반도에서 고산식물은 북한의 북부, 남한의 설악산, 한라산 등의 정상주변에 분포한다(Kong, 2005). 한반도에 분포하는 목본류 고산식물은 180여종으로 보고되었으며, 대표적인 과는 철쭉과, 버드나무과, 자작나무과, 인동과 등이다(Kong, 2002). 이와 같이 이동이나 적응을 통해 정착한 현재 한반도의 한대성 고산식물은 온도범위가 좁고, 여름철 고온에 민감하여 지구온난화가 계속되면 이동통로나 피난처를 찾지 못해 피해를 입을 위기에 있다(Kong, 2005).

인동과의 식물은 대부분 낙엽관목으로 알려져 있으며 인동속의 경우 대부분 종의 열매가 식용이 불가능하거나 독성을 지닌다. 그러나 댕댕이나무 열매는 향이 좋고 약리성분이 다양하

*교신저자: jipark@chungbuk.ac.kr
Tel. +82-43-261-2535

게 발견되어 육종 및 기능성 추출물 연구가 활발히 진행되고 있다(kim, 1998; Ochmian *et al.*, 2008; Skupień *et al.*, 2009; Malodobry *et al.*, 2010). 또한 땀덩이나무는 내한성이 매우 강하여 -45℃까지 견딜 수 있으며, -8℃에도 개화하며 개화기의 혹한에도 피해 받지 않을 수 있는 식물이다(Piekhanova, 1999; Malodobry, 2010). 그러나 온대의 특성을 지닌 한반도에서는 자생지가 한정적인 취약종(VU; Vulnerable)으로, 시로미, 들쪽나무 등과 함께 한라산과 한반도 일부 산지의 고산성 희귀식물로 보고된 바 있다(고, 2007; Lee, 2009). 고산에 고립된 국내 땀덩이나무와 같은 경우에는 매우 적은 개체군 크기를 지녀 위험성이 심각하며, 자생지의 자연 환경상의 요인이 스트레스로 작용하여 생육이 저해되거나 지구온난화 등에 따른 생태적 환경변화 등으로 개체수가 감소될 위험성이 있다(고, 2007).

유전자원 보존전략의 올바른 선택을 위해서는 양적요소, 즉 개체, 유전자의 수와 크기뿐만 아니라, 대립유전자의 조성과 분포 및 이들의 집단 내·집단 간 변이를 의미하는 질적 요소를 함께 고려하여야 한다. 생물의 개체군에는 유전적 변이가 존재하기 때문에 환경이 변하더라도 종이 적응할 수 있으나 변이가 낮은 종은 새로운 질병, 환경의 변화 등을 만나면 멸종의 위험이 크다(Kim *et al.*, 2000; Kim *et al.*, 2005).

따라서 야생종의 표본추출 및 보존단위 설정 전략에 있어 대상종의 유전변이에 관한 특성이 우선적으로 고려되어야 한다. 최근 생물공학의 발달에 따라 유전본체인 DNA를 직접 분석에 이용하는 분자 유전학적 평가가 이용되고 있다(Avise, 1994; Milligan *et al.*, 1994). DNA를 이용하는 분자 marker 중 ISSR (Inter simple sequence repeat) 분석은 극소부수체(SSRs)를 대상으로 약 20 Base pair의 primer를 PCR에 의해 증폭하는 방법으로 1개의 primer를 사용하고, PAGE (Poly acrylamide gel electrophoresis) 전기영동을 수행할 필요가 없어 실험이 간단하다는 장점이 있다(Zietkiewicz *et al.*, 1994). 또한 genome 상의 DNA를 무작위로 증폭한다는 점에서 RAPD (Random amplification of polymorphic DNA)와 유사하지만 PCR 수행 시 primer와의 결합 조건을 어렵게 만들어 줌으로써 PCR error가 적어 비교적 재현성이 높다(Kim *et al.*, 2005; Yun, 2008). 또한 SSRs는 그 분포가 전체 genome에 고루 퍼져 있으며 확인될 수 있는 대립유전자의 수도 많기 때문에 DNA marker로서 가치 있게 평가되고 있다(Jeffreys *et al.*, 1988). 이에 ISSR 분석은 최근 국내·외 식물 집단의 유전적 다양성 연구에 널리 이용되고 있다(Zietkiewicz *et al.*, 1994; Xiao *et al.*, 2004; Han *et al.*, 2005; Yang *et al.*, 2009).

본 연구에서는 한대성식물로 고산지역에 고립되어 소멸 위기에 있는 땀덩이나무의 ISSR 표지자 분석을 수행하여 1) 유전 다양성을 산출하고, 2) 변이량의 집단 내·집단 간 기인 정도를 파악하여, 3) 집단 간의 유전거리를 확인함으로써 국내 땀덩이나무 보전에 활용될 자료를 제공하고자 한다.

재료 및 방법

식물 재료 및 DNA 분리

본 연구의 식물재료 채집은 확인된 국내 땀덩이나무 전 자생지 6곳을 대상으로 하였다(설악산 대청봉, 설악산 귀뚜기청봉, 점봉산, 방태산, 계방산, 한라산). 자생 집단 내 생육 규모에 따라 간격을 두고 집단 당 21~30개체에서 유엽을 채취하였다(Table 1, 또는 Fig. 1). Total genomic DNA는 각 개체로부터 채취한 잎을 액체질소를 이용하여 막자사발에서 세포벽을 마쇄한 후, 생중량 0.1 g을 정량하여 GENE ALL plant DNA purification kit (Gene all, Korea)을 이용하여 추출 하였다. 추출한 DNA는 분광 분석기를 이용하여 260 nm에서 비색 정량하고 최종 농도가 5 ng/μl가 되도록 희석하였다.

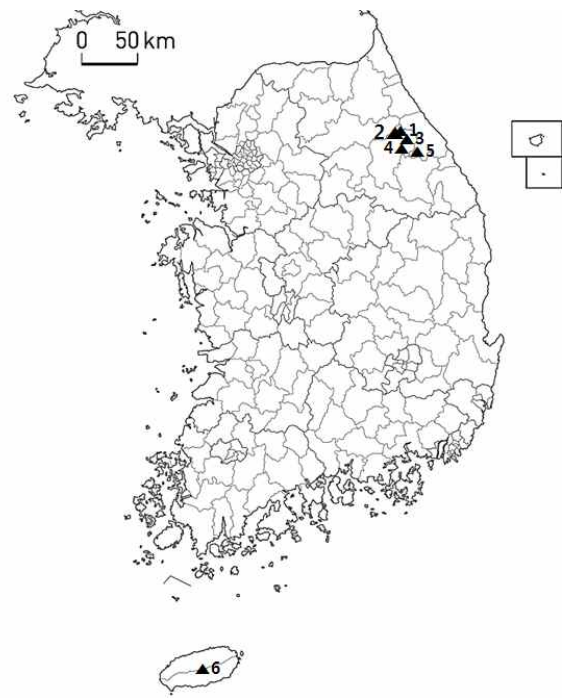


Fig. 1. Geographical distribution of *L. caerulea* var. *edulis*. population. (1. Mt. Seorak1, 2. Mt. Seorak2, 3. Mt. Jeombong, 4. Mt. Bangtae, 5. Mt. Gyeongang, 6. Mt. Halla).

Table 1. The number of sample trees and informations of wild populations

No	Sample site	Latitude (°.'")	Longitude (°.'")	Altitude (m)	Ns ^z	N ^y
1	Mt. Seorak (Daecheongbong)	38.07.09	128.27.49	1,708	21	≃ 200
2	Mt. Seorak (Gwuiddaekicheongbong)	38.09.04	128.20.07	1,578	30	≥ 1000
3	Mt. Jeombong	38.02.57	128.24.27	1,424	27	≃ 200
4	Mt. Bangtae	37.17.43	129.06.10	1,435	27	≃ 500
5	Mt. Gyebang	37.44.05	128.25.28	1,577	29	≤ 100
6	Mt. Halla	33.22.15	126.34.15	1,750	27	≃ 200
Sum.					161	≥ 1650

^zsample size.

^ypopulation size.

ISSR-PCR

ISSR PCR 반응액 20 µl 당 10 ng template DNA, 0.6 µM ISSR primer, 1.5 mM MgCl₂, 250 µM dNTP Mix, 10 mM Tris-HCl (pH 9.0), 1 U Tag DNA Polymerase, 30 mM KCl 이 포함되도록 조성하였다. 분석에 사용될 primer 는 UBC (University of British Columbia) primer set #9 중 primer screening 을 통하여 재현성이 우수하고, 다형성을 보이며 증폭산물이 선명하게 구분되는 primer 7 개를 선정하여 사용하였다 (Table 2).

PCR 증폭 반응은 94°C 에서 5 분의 전처리 후 94°C 에서 30 초, 55°C (#881, #860) 또는 57°C (#817, #825, #842, #891, #888) 에서 30 초, 72°C 에서 60 초의 과정을 50 회 반복한 후 72°C 에서 10 분간 최종 증폭시켰다. PCR 증폭 산물의 분석은 0.5 µM 의 etidium bromide 가 포함된 1.5% agarose gel 에서 2 시간 전기영동시켜 (1×TAE, pH 8.0) UV trans-illuminator 상에서 촬영한 사진을 이용하였다. 촬영된 사진의 증폭산물을 100 bp DNA Ladder (Solgent, Korea) 를 기준으로 특정 bp 에서 증폭산물의

유무에 따라 '1' 과 '0' 으로 데이터를 입력하여 분석에 이용하였다.

자료의 분석

땃땃이나무 집단의 유전적 특성 확인을 위해 POPGENE ver. 3.2 program (Yeh *et al.*, 1999) 을 이용하여 Shannon's information index, Number of polymorphic loci, Nei's genetic distance 를 산출하였다. 산출된 Nei's genetic distance 를 이용하여 UPGMA (Unweight pair-group method using arithmetic average) 로 dendrogram 을 확인하였다.

또한 Arelequin 2.0 program (Schneider *et al.*, 2005) 을 이용, Euclidean distance 에 의해 계산된 유전적 거리를 기초로 AMOVA (Analysis of molecular variation) 분석을 실시하여 유전적 다양성의 집단 분화정도를 계산하였다 (Excoffier *et al.*, 1992).

결과 및 고찰

Table 2. List of ISSR primers and the sequences

No of primers	Sequence (5' to 3')
UBC 817	(CA) 8A
UBC 825	(AC) 8T
UBC 842	(GA) 8YG
UBC 860	(TG) 8RA
UBC 881	(GGGTG) 3
UBC 888	BDB (CA) 7
UBC 891	HVA (TG) 7

유전적 다양성

땃땃이나무 유전변이 분석에 사용된 7 개의 primer 에서 primer 당 평균 18.1 개, 총 127 개의 증폭산물을 관찰할 수 있었다. 분석된 6 개 집단의 유전 변이량을 산출한 결과 Shannon Index 로 추정할 때 설악산 2 (귀뚜기청봉) 집단의 유전변이가 가장 높았으며 (S.I.=0.32), 방태산 집단 (S.I.=0.30), 점봉산 집단 (S.I.=0.28), 설악산 1 (대청봉) 집단 (S.I.=0.27), 한라산 집단 (S.I.=0.25) 순으로 확인되었다. 계방산 집단 (h=0.06 S.I.=0.11,

P=28%)의 경우 밴드패턴도 매우 단순하였으며, 증폭산물의 수도 매우 적고 유전변이가 특이적으로 매우 낮게 확인되었다 (Table 3).

6개 집단 전체에 대한 유효 대립유전자의 수(A_e)가 1.25개, Shannon의 유전적 다양성지수는 0.2521, 다형성 유전자좌의 비율은 64.56%로 확인되었다. 계방산 집단의 유전 변이량이 다른 집단에 비교하여 특이적으로 낮은 수치를 나타내므로 국내 땃대이나나무 집단의 일반적인 유전 변이량 파악을 위해 계방산 집단을 제외한 평균 유전 변이량을 확인하였다. 유전 변이량이 비슷하였던 5개 집단의 평균값을 확인한 결과 전체적으로 수치가 다소 높아지는 경향을 보였다($A_e=1.28$, S.I.=0.2816, P=73.07).

국내 땃대이나나무 6개 집단으로부터 산출된 Shannon의 유전 다양성 지수(S.I.=0.252)를 국내 연구결과와 비교한 결과, 고산에 분포하며 한라산과 한반도의 일부지역 고산식물로 보고된 시로미(S.I.=0.531, Choi *et al.*, 2004)나 들쭉나무(S.I.=0.470, Han *et al.*, 2005)보다 매우 낮은 수준이었다. 또한 고산에 주로 분포하는 침엽관목인 눈썻나무(S.I.=0.302, Yang *et al.*, 2009), 눈향나무(S.I.=0.463, Choi *et al.*, 2004), 눈잣나무(S.I.=0.567, Im *et al.*, 2012)보다 낮은 값을 보이는 것으로 확인되었다. 그 밖에 국내 유전다양성이 보고된 수종중 만리화(S.I.=0.243, Kim *et al.*, 2009), 땃두릅나무(S.I.=0.269, Lee *et al.*, 2002)와 유사한 수준으로 국내에서 연구된 고산수종, 희귀수종과 비교할 때 유전다양성이 매우 낮은 수준인 것으로 판단된다.

어떠한 종의 서식지역이 환경변화에 의하여 악화되면 일부

개체군은 멸종하거나 지리적 범위가 축소하게 된다. 환경의 변화가 개체군의 감소의 원인이 될 때 각 개체들의 생존은 그들이 적응할 수 있는 변이량의 폭에 의존한다(Agnew, 1961; Kim *et al.*, 2000). 유전적 변이량은 개체군의 크기에 의존하는 돌연변이율에 크게 좌우되는데 이에 개체군의 크기가 작을수록 돌연변이의 발생확률은 낮게 나타난다. 따라서 개체군의 크기를 감소시키는 변화는 개체군이 유전적으로 적응할 수 있는 변화도 감소시킨다(Chu *et al.*, 1998).

이에 Lee *et al.* (2002)은 땃두릅나무의 유전적 다양성이 낮은 이유를 작은 집단크기로 인한 유전적 부동의 가속화가 원인일 것으로 고찰하였다. Kim *et al.* (2009) 역시 만리화가 암석지대, 가파른 절벽 등 제한된 지역에 소규모로 분포한다는 특성을 제시하며 개체수가 가장 적었던 집단이 다른 집단들의 평균 유전 변이량에 비교하여 현저히 낮은 수준으로 확인되어 유전적 다양성이 낮은 이유를 집단크기에 기인하는 것으로 설명하였다.

전체 분포하는 개체수로 볼 때 계방산집단이 매우 적은 개체수로 인해 가장 낮은 유전 다양성을 나타내며, 설악산 대청봉 집단, 한라산집단, 점봉산집단이 개체수가 적고 분포역이 좁아 그 다음으로 낮은 유전다양성을 나타낸 결과로 보아 집단의 개체군 크기와 유전적 다양성의 상관관계가 매우 높은 것으로 사료된다(Table 1). 결과적으로 적은 개체수로 제한된 고산지역에 분포하며, 난대성 식생대의 확장으로 생육 범위가 좁아지고 있는 점, 개체수가 가장 적었던 집단의 유전 변이량이 현저하게 낮았던 점을 보아 적은 개체수가 현재 땃대이나나무의 낮은 유전다양성에 영향을 미치는 것으로 판단된다.

Table 3. Estimates of ISSR amplicon diversity within *L. caerulea* var. *edulis*

Population	A_e^z	h^z	S.I. ^z	P (%) ^z
Mt. Seorak1	1.2766	0.1718	0.2712	85 (66.93)
Mt. Seorak2	1.2933	0.1934	0.3158	111 (87.40)
Mt. Jeombong	1.3006	0.1796	0.2760	79 (62.20)
Mt. Bangtae	1.2857	0.1846	0.3000	108 (85.04)
Mt. Gyeong	1.1054	0.0678	0.1047	28 (22.05)
Mt. Halla	1.2428	0.1535	0.2449	81 (63.78)
Mean ^{1y}	1.2523	0.1594	0.2113	82 (64.56)
Mean ^{2y}	1.2798	0.1766	0.2816	92.8 (73.07)

^z A_e = Effective number of alleles; h = Nei's (1973) gene diversity; S.I. = Shannon's information index; P (%) = Number of polymorphic loci (percentage of polymorphic loci).

^{1y}1 = mean of all populations.

^{2y}2 = mean of five populations (excluding Mt. Gyeong).

집단간 유전분화

땃땃이나무 국내집단의 유전적 다양성 및 집단간 유전적 구조에 기초한 유전다양성의 집단 간·집단 내 기인 정도를 파악하고자 AMOVA 분석을 수행한 결과 6집단이 공유하고 있는 유전 변이는 65.31%로, 34.69%($\phi_{st}=0.347$)가 집단 간의 차이에 기인하는 것으로 확인되었다(Table 4). 집단 간의 유전 분화정도를 국내 DNA 표지자를 이용한 연구결과와 비교할 때 비슷한 분포특성의 들쭉나무($\phi_{st}=0.335$, Han *et al.*, 2005), 비슷한 유전 다양성 수준의 만리화($\phi_{st}=0.306$, Kimet *al.*, 2009)와 유사하였다.

조사된 6개 집단 간의 유전거리 확인결과 계방산 집단의 경우 Nei의 유전거리가 나머지 5개 집단과 0.182~0.247 정도로 확인된 반면 계방산을 제외한 5개 집단 간에는 0.029~0.048 정도로 낮은 거리지수를 나타냈다(Table 6). 이에 기초한 수지도의 작성결과 계방산집단은 매우 큰 거리를 두고 그룹에서 분리되어 있는 것을 확인할 수 있었다. 나머지 5개 집단은 설악산2(귀땃기청봉) 집단, 한라산 집단이 소그룹을 이루며, 그 다음으로 설악산1(대청봉) 집단, 방태산 집단, 점봉산 집단이 순차적으로 묶여 하나의 그룹을 이루었다(Fig. 2).

유전거리 확인 및 수지도 작성결과 계방산 집단을 제외한 나머지 집단간에 유전적 동질성이 매우 높으며 지리적 거리와는 상관이 없는 것으로 확인되었다. 고산대의 식물상은 산록부에서 유래한 종과 고위도 지방으로부터 이주한 유존종(relic species)이 혼재한다(Kong, 2002) 우리나라의 고산식물은 주로 북한의 북부지방과 남한의 설악산, 지리산 한라산 등의 산정일대에 불연속적으로 분포하기 때문에, 우리나라의 고산식물 분포유형

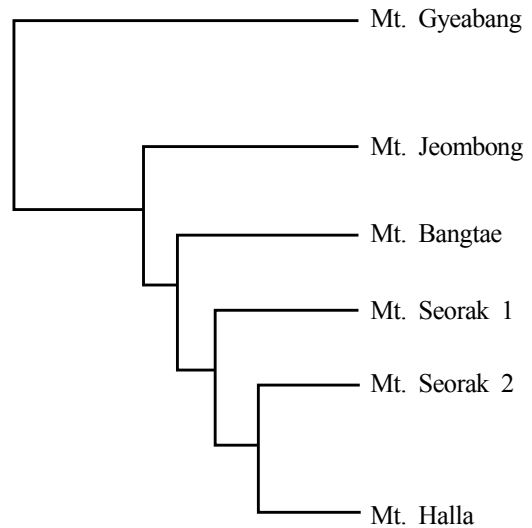


Fig. 2. Dendrogram based on ISSR data for six populations of *L. caerulea* var. *edulis*.

은 특이적으로 한반도 북부와 제주도에만 나타나는 종이 존재한다(Kong, 2008). 이러한 식물종은 빙하기 주극지역의 추위를 피해 북방에서 도래한 유존군락으로 1만여년 전의 홀로세의 기온 상승에 따라 산정쪽으로 밀려 살아남은 것으로 추정되며, 생물지리학적, 집단유전학적 역사를 추정하는 근거가 된다(Kong, 2008; Han, 2005). 땃땃이나무는 전형적인 빙하기의 유존종으로 북극권에 주로 자라는데, 한반도에서는 설악산과 강원도의 일부 암석지와 한라산의 산정부위에 자란다. 이러한 분포를 나타내는 식물종의 경우 집단의 생성기원이 같을 확률이 높는데, 이는 과거의 넓은 분포범위에서 유전자의 이입 정도가 큰 각 집

Table 4. Analysis of molecular variance within/among six *L. caerulea* var. *edulis* populations

Source of variation	d.f.	Sum of squares	Variance components	Percentage variation
Among populations	5	955.63	6.67	34.69 ($\phi_{st}^2=0.347$)
Within populations	155	1946.06	12.56	65.31

^zgenetic differentiation among populations.

Table 5. Analysis of molecular variance within/among five *L. caerulea* var. *edulis* populations (excluding Mt. Gyeongbang)

Source of variation	d.f.	Sum of squares	Variance components	Percentage variation
Among populations	4	402.76	3.43	18.71 ($\phi_{st}^2=0.187$)
Within populations	127	1893.02	14.91	81.29

^zgenetic differentiation among populations.

Table 6. Nei's genetic identity (above diagonal) and genetic distance (below diagonal)

	1. Mt. Seorak1	2. Mt. Seorak2	3. Mt. Jeombong	4. Mt. Bangtae	5. Mt. Gyeong	6. Mt. Halla
1	-	0.9696	0.9540	0.9621	0.7813	0.9665
2	0.0309	-	0.9621	0.9665	0.7984	0.9712
3	0.0471	0.0386	-	0.9530	0.8335	0.9555
4	0.0386	0.0341	0.0481	-	0.8069	0.9589
5	0.2468	0.2251	0.1821	0.2146	-	0.8133
6	0.0341	0.0292	0.0456	0.0420	0.2066	-

단에서 현재로 축소되었을 가능성으로 해석된다(Yang, 2009).

또한 이러한 유전적 거리에 관한 보다 명확한 해답을 얻기 위해서는 자연선발과 격리, 수분 및 종자산포기작에 관한 생리학 적, 생태학적 연구가 필요할 것으로 판단되며, 이러한 유전구조의 명확한 추정을 위해서는 공우성마커의 적용을 통한 주 대립 유전자의 실체 파악이 요구된다.

유전 변이량이 매우 낮고, 유전거리 또한 평균 집단 그룹과 멀게 산출된 계방산 집단의 특이성을 배제하고 국내 땃대이나 무의 유전분화 양상을 파악하고자 계방산 집단을 제외한 5개 집단의 AMOVA분석을 수행하였다(Table 5). 5개 집단으로 산출된 ϕ_{st} 값은 0.187로 임목에서 나타난 기타 수종 눈썹나무($\phi_{st}=0.130$, Yang *et al.*, 2009), 소나무($\phi_{st}=0.134$, Kim *et al.*, 2004), 철쭉($\phi_{st}=0.116$, Hong *et al.*, 2003), 후박나무($\phi_{st}=0.134$, 양, 2008), 주목($\phi_{st}=0.161$, Kwon and Kim, 2002), 땃대나무($\phi_{st}=0.155$, Lee *et al.*, 2002) 등과 비교해 약간 높거나 비슷한 수준으로 확인되었다.

서식지 단편화를 통해 각 집단이 유전적으로 격리되어 시간이 흐르면 높은 유전다양성을 유지 하더라도 집단 간에 유전분화가 심화되는 경우가 있다(김 등, 2000). 그러나 땃대이나무의 경우 유전다양성은 낮게 확인되었으나 계방산 집단을 제외한 5개 집단 간에 유전분화는 심하지 않은 것으로 확인되었다.

땃대이나무는 주극식물(circumpolar plant)로 빙하기(약 200만-1만년 전) 동안 한반도에 번성하여 지내다가 마지막 빙하기가 끝나는 1만년 전 기온상승, 환경에 부적응과 온대성식생과의 경쟁에서 밀려 고산에 고립된 것으로 추측된다(고, 2007; Kong, 2005; Lee, 2000). 따라서 현재의 땃대이나무 국내 자생지가 고산에 국한되어 있으나 과거의 넓은 분포에 기인하여 집단 간의 유전거리는 지리적 거리와 상이한 상황이며, 집단 간의 유전변이는 계방산 집단을 제외하고는 심한 수준이 아닌 것으로 판단된다. 유전적 다양성의 변화는 초기 대립유전자 빈도에

의해 좌우되며, 고정 및 소실에 걸리는 시간은 집단의 크기와 관련된다(Chu, 1998).

특이적으로 계방산 집단의 경우 극히 낮은 수준의 유전다양성을 보였으며, 집단과의 유전분화가 큰 것으로 확인되었는데, 계방산 집단의 primer당 확인된 평균 증폭산물의 수는 평균 5.71개로 전체집단의 평균인 18.14개에 비교하여 매우 적게 나타났다. 앞서 제시하였듯 계방산 집단의 경우 개체수가 매우 적고 분포역 또한 정상부의 일부지역에 한한다. 따라서 나머지 다섯 개 집단과의 유전분화는 극단적인 대립유전자의 소실로 인한 것으로 판단되며, 매우 적은 개체수로 인하여 그 소실 속도 또한 매우 빠르게 진행되는 것으로 사료된다.

국내에 분포하는 땃대이나무 서식지역은 피난처 및 이동 통로가 없어 미래 적응·멸종의 여부를 알 수 없다. 본 연구결과에서 유전다양성이 매우 낮게 확인되어 유전적 부동 속도가 빠른 것으로 판단된다. 또한 6개 자생지 중 접근성이 가장 용이하며, 경계울타리 등의 보호 장치가 없어 인간의 간섭위험이 심하고, 개체 수가 가장 적은 계방산 집단이 보유한 유전변이의 소실이 큰 것으로 보아 지구 온난화 뿐만 아니라 서식지 파괴가 땃대이나무의 국내에서의 멸종에 큰 위협요인으로 작용하는 것으로 판단되었다.

이에 국내 땃대이나무의 자생지 복원 및 현지내 보전에 있어 계방산집단은 유전 변이량이 높은 집단에서의 표본추출을 통해 개체군의 크기를 증가시키고, 접근금지 울타리의 설치하는 등 적극적 보전 및 복원이 이루어져야 할 것으로 판단된다. 또한 국내에 자생하는 땃대이나무는 전 집단에서 유전다양성은 매우 낮아 현지의 보전이 필요할 것으로 판단된다. 현지의 보전 전략으로 각 집단 간의 유전분화값이 높지 않음을 감안하여 유전 변이량이 가장 높게 나타난 설악산2(귀매기청봉) 집단에서 많은 개체를 추출하는 것이 효율적인 방법인 것으로 사료된다.

적 요

댕댕이나무는 국내 강원도 일부 고산지역과 한라산에 분포하는 희귀종이다. 본 연구에서는 국내 6개 댕댕이나무 자생 집단의 161개체를 대상으로 유전 변이량을 조사하였다. 평균 유전다양성은 0.2535 (S.I.)로 나타났으며, 설악산2 집단(S.I.=0.3518)이 가장 높은 값을, 계방산 집단(S.I.=0.1047)이 가장 낮은 값을 나타냈다. 결과적으로 희귀종에서 보여지는 양상인 낮은 수준의 유전다양성을 나타냈다(Ae=1.25, P=64.6%, S.I.=0.25). AMOVA분석 결과 유전 변이량의 65.31%가 집단 내 개체 간의 차이에 기인하며, 34.69%가 집단 간의 차이에 기인하여 집단 간에 높은 유전 분화율을 나타냈다. 이에 특이적으로 낮은 유전 변이량을 나타낸 계방산 집단을 제외하고 AMOVA분석을 수행한 결과 81.29%가 집단 내, 18.71%가 집단 간 차이에 기인하는 것으로 나타났다. 유전거리를 바탕으로 수지도 작성결과 지리적 거리와 상관성이 없었다. 계방산 집단의 유전적 거리는 나머지 다섯 개 집단과는 매우 먼 것으로 확인되었다. 계방산 집단을 제외한 5개 집단 간의 유전적 동질성은 0.95~0.97로 매우 높은 수준의 동질성을 나타냈다. 댕댕이나무는 자생 집단의 수가 매우 적고, 낮은 수준의 유전변이를 나타내므로 적극적 보전이 필요한 것으로 판단된다.

References

- Agnew, A.D.Q. 1961. The ecology of *Juncus effusus* L. in North Wales. *J. Eol.* 49:83-102.
- Awise, J.C. 1994. Molecular Markers, Natural History and Evolution: Natural History and Evolution. Springer Sci. Bus. pp. 8-15.
- Choi, H.S., K.N. Hong, J.M. Jeong, B.Y. Kang and W.W. Kim. 2004. Genetic diversity and spatial genetic structure of *Empetrum nigrum* var. *japonicum* in Mt. Halla, South Korea. *Jour. Korean For. Soc.* 93:175-180 (in Korean).
- Chu, J.G. 1998. Population Genetics. Chung-Ang University Publishing Co., Seoul, Korea. pp. 1-440 (in Korean).
- Excoffier, L., E.S. Peter and Q.M. Joseph. 1992. Analysis of molecular variance inferred from metric distance among DNA haplotypes: Application to human mitochondrial DNA retribution data. *Genet. Soc. of America* 131:479-491.
- Futuyma, Douglas J. 2008. Evolution. Life science. Seoul. Korea. p. 518.
- Han, S.D., Y.P. Hong, H.Y. Kwon, B.H. Yang and C.S. Kim. 2005. Genetic variation of two isolated relict populations of *Vaccinium uliginosum* L. in Korea. *Jour. Korean. For. Soc.* 94:209-213 (in Korean).
- Im, H.I., J.H. Song, K.N. Hong, K.H. Jang and Y.P. Hong. 2012. Genetic diversity and spatial genetic structure of dwarf stone pine in Daecheongbong Area, Mt. Seorak. *Korean J. Plant Res.* 25(4):407-415 (in Korean).
- Jeffreys, A.J., N.J. Royle, V. Wilson and Z. Wong. 1988. Spontaneous mutation rates to new length alleles at tandem-repetitive hypervariable loci in human DNA. *Nature* 332: 278-281.
- 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, Y.L., Y.P. Hong and D.H. Kim. 2005. DNA marker analysis and QTL mapping. Korea Forest Research Institute. Suwon. Korea pp. 21-38 (in Korean).
- Kong, W.S. 2002. Species composition and distribution of korean alpine plant. *J. Korean Geogr.* 37:357-370.
- _____. 2005. Selection of vulnerable indicator plants by global warming. *Asia Pac. J. Atmos. Sci.* 41:263-273 (in Korean).
- _____. and J.H. Im. 2008. Disjunctive Distribution of *Vaccinium vitis-idaea* and thermal condition. *J. Korean Geogr.* 43: 495-510.
- Kwon, H.Y. and Z.S. Kim. 2002. ISSR variation within and among Korean population in *Taxus cuspidata*. *Jour. Korean For. Soc.* 91:654-660.
- Lee, B.C. 2009 Korea Red Data Book. Korea National Aboretum. Pocheon. Korea. p. 138 (in Korean).
- Lee, S.W., Y.M. Kim, W.W. Kim and J.M. Chung. 2002. Genetic variation of ISSR markers in the natural populations of a rare and endangered tree species, *Oplopanax elatus* in Korea. *Jour. Korean For. Soc.* 91:565-573.
- Lyu, M.I. and J.H. Lee. 2002. Population ecology. Seoul National University. Seoul. Korea. pp. 236-244 (in Korean).
- Malodobry, M., M. Bieniasz and E. Dzedzic. 2010. Evaluation of the yield and some components in the fruit of blue honeysuckle (*Lonicera caerulea* var. *edulis* Turcz. Freyn.). *Fol. Horticulture* 22:45-50.
- Milligan, B.G., J.L. Mark and A.E. Strand. 1994. Conservation genetics beyond the maintenance of marker diversity. *Mol. Ecol.* 3:423-435.
- Nei, M. 1973. Analysis of gene diversity in subdivided populations. *Proc. Natl. Akad. Sci. USA.* 70:3321-3323.

- Ochmian, I., J. Grajkowski and K. Skupień. 2008. Field performance, fruit chemical composition and firmness under cold storage and simulated "shelf-life" conditions of three blue honeysuckle cultigens (*Lonicera caerulea*). Fruit and Ornamental Plant Res. 16:83-91.
- Plekhanova, M.N. 1999. Eucarpia symposium on fruit breeding and genetics blue honeysuckle (*Lonicera Caerulea*). International Society for horticulture science acta hoticulture. A new commercial crop for temperate climate: Genet. Res. Breeding 538:159-164.
- Jeon, S.H. 2003. Princilpe of genetics. Life science. Seoul. Korea. pp. 514-574 (in Korean).
- Schneider, S., G. Laval and L. Excoffier. 2005. Arlequin : An integrated software package for population genetics data analysis. Evol. Bioinformatics 1:47-50.
- Skupień, K., I. Ochmian and J. Grajkowski. 2009. Influence of ripening time on fruit chemical composition of two blue honeysuckle cultigens. Fruit and Ornamental Plant Res. 17:101-111.
- Xiao, L.Q., X.J. Ge, X. Gong, G. Hao and S.X. Zheng. 2004. ISSR variation in the endemic and endangered plant *Cycas guizhouensis* (Cycadaceae). Ann. Bot. 94:133-138.
- Yang, B.H., J.H. Song, J.J. Lee, S.D. Hur and Y.P. Hong. 2009. Genetic variation and structure of the relict populations of Korean Arborvitae (*Thuja koraiensis* Nakai) in South Korea, Employing I-SSR Markers. Jour. Korean For. Soc. 98:1-7 (in Korean).
- Yeh, F.C., R.C. Yang and T. Botle. 1999. POPGENE 3.2 : Microsoft Windows-based freeware for population genetic analysis. Release. University of Alberta. Canada.
- Yun, S.I. 2008. Inter simple sequence repeats (ISSR) marker analysis of genetic diversity in Korean *Phasianus colchicus* karpowi and genetic relationships among subspecies of Phasianus spp. Korean Soc. Environ. Biol. 26(2):66-75 (in Korean).
- Zietkiewicz, E., A. Rafalski and D. Labuda. 1994. Genome fingerprinting by simple sequence repeat (SSR) anchored polymerase chain reaction amplification. Genomics 20:176-183.
- 고정군. 2007. 지구온난화와 한라산의 식생. 제주특별자치도 한라산연구소 조사연구보고서 6:3-17.
- 김상식. 1998. 원색 한국 수목도감. 계명사. p. 291.
- 김진수, 손요한, 신준환, 이도원, 최재천, 리처드 프리맥. 2000. 보전생물학. 사이언스 북스. pp. 1-348.
- 이영노. 2000. 한국의 고산식물. 교학사. p. 358.

(Received 16 January 2015 ; Revised 25 March 2015 ; Accepted 8 April 2015)