

제주도 개가시나무의 유전구조와 유전적 다양성

김고운¹ · 장경수¹ · 임형우¹ · 김은혜² · 이계한^{1*}

¹전남대학교 산림자원학부, ²서울여자대학교 화학생명환경과학부

Genetic Diversity of *Quercus gilva* in Je-ju Island

Go-Un Kim¹, Kyoung-Soo Jang¹, Hyungwoo Lim¹, Eun-Hye Kim² and Kye-Han Lee^{1*}

¹Department of Forestry, Chonnam National University, Gwangju 61186, Korea

²Faculty of Environmental and Life Sciences, Seoul Women's University, Seoul 01797, Korea

요약: 본 연구는 제주도에 생육하고 있는 개가시나무(*Quercus gilva* Blume)에 대한 유전적 다양성을 분석하여 보전전략을 수립하기 위한 기초데이터 마련을 목적으로 하였다. 제주도 내 5집단 80개체를 대상으로 ISSR (Inter Simple Sequence Repeat) 분석을 시행하였다. 총 6개의 ISSR 프라이머를 이용하여 72개의 증폭산물을 관찰하였으며 그 중 67개의 증폭산물이 다형성이 있는 것으로 나타났다. 집단 수준에서의 다형적 유전자좌의 비율은 93%로 나타났으며, *S.I.* (Shannon's information index)=0.237, *h* (Nei's genetic diversity)=0.156로 나타났다. AMOVA 분석 결과 F_{st} 는 0.169의 값을 보여 집단 간 분화가 큼을 나타냈다. 전체 유전변이의 17%가 집단 간 차이, 나머지 83%는 집단 내 개체 간에 존재하는 것으로 보여 집단 간의 변이보다 집단 내 변이가 더 큰 것으로 나타났다. 이와 같은 연구결과를 바탕으로 개가시나무 서식지의 산림유전자원보호구역 지정 및 지속적인 모니터링, 생육환경의 개선을 통한 치수의 성장력 강화, 현지 외 유전자원 보전 및 현지 외 개체군과의 환경적·유전적 차이 비교를 통한 보전방안을 마련해야 할 필요성이 있을 것으로 사료된다.

Abstract: This study was to analyze the genetic diversity of *Quercus gilva* Blume growing in Jeju Island for developing a preservation strategy. We examined the genetic diversity and structure using 6 ISSR primers and investigated 67 polymorphic ISSR amplicons in 80 trees distributed among five populations. The average of proportion of polymorphic loci were 93%, the average level of Shannon's information index was 0.237, and Nei's genetic diversity was 0.156. According to the analysis of the molecular variance (AMOVA), F_{st} was 0.169 indicating there was a genetic variation among five populations. 17% of the total variation was allocated among the five populations, while the other 83% of the total variation was in individual trees in each population. The result could be due to the uneven number of trees among the five populations. Based on these results, the preservation strategy could be developed, for examples, considering for designation as "forest genetic resources conservation area" about the habitat, monitoring continuously, fostering the growth of seedling, ex situ preservation of genetic resources, and comparing the differences of environmental and genetic characteristic with population in ex situ.

Key words: endangered plants, genetic diversity, ISSR, Jeju island, *Quercus gilva*

서론

개가시나무(*Quercus gilva* Blume.)는 참나무과(Fagaceae) 참나무속(*Quercus*)에 속하는 상록성 교목으로 수고는 20~30 m, 직경은 1.5~2 m까지 자란다. 흑갈색의 수피가 다소 조각으로 벗겨지고, 잎은 도란형 또는 도피침형으

로 잎의 뒷면에 황갈색 성모가 밀생하는 것이 특징이며, 가시나무류 중에서도 가장 수명이 길고 거목인 것으로 알려져 있다(Lee, 2003; Shin et al., 2006).

일본과 중국, 타이완과 한국의 남부도서지역에 주로 분포하고, 재질이 연하여 신축성과 가공성이 우수하기 때문에 가구재, 기계재, 신탄재 등의 목재자원으로 이용되며, 일본에서는 이미 조경수로 각광받고 있을 뿐만 아니라 잎에 카테킨, 티로솔과 같은 항산화성분을 함유하고 있어 천연 항산화제로의 개발 가능성을 가진 수종이다(Kang et al., 2013; Moon et al., 2009). 또한 우리나라의

* Corresponding author
E-mail: khL@jnu.ac.kr

ORCID

Kye-Han Lee  <https://orcid.org/0000-0003-4470-1290>

우점종인 소나무, 은행나무, 난대림의 우점종인 종가시나무 보다 지구온난화 조건에서 지상부 생장이 유리하여, 지구온난화에서 생장이 유리하다는 연구결과가 발표된 바 있다(Jang et al., 2013). 이와 같이 지구온난화 환경에서 생장이 유리하고 나무 자체가 가지고 있는 자원잠재력이 상대적으로 크기 때문에 향후 임업분야의 새로운 소득자원으로 활용이 가능할 것이라 사료되는 자원화 유망수종이다.

섬과 같이 제한적으로 분포하거나 집단이 작은 개체군을 가진 종은 개체군이 큰 종들에 비해 유전적 다양성의 손실로 인해 환경변화에 따른 적응 및 진화능력이 감소되고, 절멸 위험의 가능성은 커지게 된다(Karron, 1991). 따라서 서식지 복원과 보전을 위한 전략을 세우는데 있어 개체군의 유전적 다양성에 대한 정보와 공간패턴에 대한 이해는 개체군의 진화잠재력을 저하시키는 것을 예방하는데 중요한 부분으로 작용한다(Millar and Libby, 1991).

국내 개가시나무 개체의 대부분은 제주도 일부 저지대 상록활엽수림을 중심으로 자생하고 있는데, 그 중에서도 특히 서남부지역인 한경면과 안덕면 일대의 상록활엽수림에 집중 분포한다(Kim, 2006). 환경부가 지정한 식물구계학적 특정식물의 V등급(생태적 환경 등의 이유로 고립하거나 불연속적으로 분포하는 분류군)에 해당하며, 서식지가 대규모 개발에 의하여 파괴 되는 등의 위협요인으로 개체수가 크게 감소될 것으로 우려되어 멸종위기야생식물 II급으로 지정되어있다(Ministry of Environment, 2012). Momohara(1997)과 Sugiura et al.(2014)에 의하면 일본의 여러 지역에서도 서식지 파괴 등으로 인하여 집단 크기가 감소하였으며, 2004년 Kagawa지역 등에서도 멸종위기종으로 보고되기도 하였다. 또한 자생지 내에서 개가시나무는 대부분 1960년대 이전까지의 벌목 이후 발생된 맹아의 생장으로 형성된 2차 맹아림이며, 그 개체수가 적고 발생하는 유묘의 수 역시 매우 드물게 나타나 현존하는 개체가 훼손될 경우 자연적인 수종갱신은 매우 어려울 것으로 판단될 뿐만 아니라 최근 자생지 주변의 대규모 개발로 인한 자생지 훼손이 우려되고 있어, 보전

대책이 필요한 수종이다(Hyun et al., 2014). 이에 따라 개가시나무에 대한 분포 및 동태에 대한 연구(Hyun et al., 2014)와 생태 및 유전적 특성을 고려한 보전전략에 대한 연구(Suh et al., 2001) 이루어졌으나, 분포와 생태에 대한 연구에 비해 유전적 다양성에 관한 연구는 한경면일대에 한정되어 부분적으로 이루어져있다. 따라서, 본 연구는 제주도에 자생하고 있는 개가시나무에 대한 유전적 다양성을 분석하여 향후 보전전략을 수립하기 위한 기초데이터 마련을 목적으로 하였다.

재료 및 방법

1. 자생지 특성 및 재료채집

조사와 샘플채취는 제주도 개가시나무 분포에 대한 선행연구(Hyun et al., 2014) 결과인 총 677개체 중 조사지점이 뚜렷한 곳의 성목을 대상으로 하였다. 제주도 서부 및 남부지역의 총 5집단(저지리, 청수리, 구억리, 하례리, 화순리)으로 각 집단 간은 1.5-30 km 정도의 지리적 거리를 두고 교잡의 가능성이 낮은 것으로 판단되었으며, 샘플

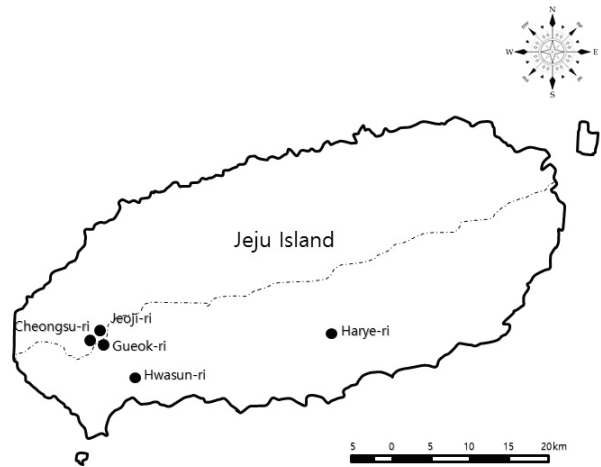


Figure 1. Location of five *Quercus gilva* populations in Jeju island.

Table 1. Location and characteristics of 5 populations.

Population	Latitude	Longitude	Altitude (m)	Area (m ²)	Estimated number of individuals
Jeoji-ri	126°16'49.41"	33°18'40.50"	148	533,559	22
Cheongsu-ri	126°16'37.13"	33°18'08.87"	123	105,075	6
Gueok-ri	126°17'3.12"	33°17'49.71"	133	282,681	45
Harye-ri	126°35'52.58"	33°19'15.17"	326	394,614	3
Hwasun-ri	126°19'50.90"	33°15'53.38"	122	19,031	4

플래취가 가능한 대부분의 개체는 서부지역(저지리, 구역리)에 분포하는 경향을 보였다. 한경면 저지리와 청수리, 서귀포시 구역리와 화순리 집단은 해발 115-154 m 범위에서, 서귀포시 남원읍 하례리 집단은 해발 216-326 m에 걸쳐 분포하였고 전반적으로 경사가 완만하고 표양토층이 발달하지 않은 토양에서 서식하고 있었다. 5개 집단에서 발견한 총 80개체의 성목에서 유전적 다양성을 분석하기 위해 소량의 잎을 채집하였다(Figure 1, Table 1).

2. DNA 추출 및 ISSR PCR

채집한 엽 시료를 막자사발을 이용하여 마쇄 후 Dolye and Dolye(1987)의 CTAB 방법을 수정한 Saghai-Marooft et al.(1984)의 방법을 이용하여 DNA를 추출하였다. 그 후 총 72개의 primer (UBC biotechnology laboratory primers, University of British Columbia)를 사용하여 예비실험을 실시한 결과 재현성이 높은 6개의 primer를 선정하여 실험에 사용하였다(Table 2). PCR 증폭반응은 template DNA 10 ng, 0.1 mM dNTPs, 1X PCR Buffer, 0.6 µM primer, 0.0025% BSA, 0.6 unit Taq DNA polymerase에 total 15 volume이 되도록 증류수를 첨가한 반응액을 94°C에서 1분 30초간 전처리 단계를 거친 후 94°C에서 40초, 50°C에서 45초, 72°C에서 1분 30초의 과정을 35회 반복하여 72°C에서 5분 간 최종 증폭시켰다. PCR을 통한 증폭 산물은 1.5%로 제조한 agarose gel에 주입한 후 1xTBE buffer(89 mM Tris base + 89 mM Boric acid + 2mM EDTA pH8.0)를 채운 전기영동 kit에서 전압 160 V로 고정하여 2시간 30분간 전기영동 시켰다.

이 후 gel을 ethidium bromide 용액으로 정색하여 UV trans-illuminator 상에서 촬영하였다. 발현된 증폭 산물은 GeneRuler™ 100bp Plus DNA Ladder (Thermo Scientific™, USA)를 기준으로 발현된 밴드의 유무를 판정해 data matrix를 작성하였다.

Table 2. ISSR primers analyzed for *Quercus gilva* and the sequences and annealing temperatures for PCR.

Primer	Annealing temp. (°C)	Sequence
UBC#811	50°C	GAG AGA GAG AGA GAG AC
UBC#813	50°C	CTC TCT CTC TCT CTC TT
UBC#815	50°C	CTC TCT CTC TCT CTC TG
UBC#818	50°C	CAC ACA CAC ACA CAC AG
UBC#820	50°C	GTG TGT GTG TGT GTG TC
UBC#843	50°C	CTC TCT CTC TCT CTC TRA

3. 자료분석

UV trans-illuminator 상에서 촬영한 사진자료를 바탕으로 밴드의 유무를 0과 1로 작성한 data matrix를 이용하여 유전분석을 시행하였다.

POPGENE ver. 1.31 program(Yeh et al., 1999)을 이용하여 다형적 유전자좌의 비율(*P*), Shannon's information index(*S.I.*; Shannon and Weaver, 1949), Nei의 유전자 다양성(*h*; Nei, 1973) 등을 산출하였고, Nei의 유전적 거리(Nei, 1978)에 기초하여 PHYLIP ver. 3.5 (Felsenstein, 1993)의 NEIGHBOR 프로그램을 이용해 UPGMA (Sneath and sokal, 1973)으로 유집한 후 dendrogram으로 표현하였다. 또한 Arlequin 3.1 (Excoffier and Schneider, 2005)를 통해 유전변이의 분화정도를 알아보기 위한 AMOVA (analysis of molecular variance)분석을 수행하였다.

결과 및 고찰

1. 유전다양성

총 72개의 ISSR Primer를 이용하여 예비실험을 거친 후 재현성이 뚜렷한 6개 primer를 이용하여 실험을 진행하였다. 발현된 83개의 증폭산물 중 재현성이 뚜렷한 72개의 증폭산물을 대상으로 분석한 결과 전 개체에서 모두 관찰된 5개의 산물을 제외한 67개의 유전자좌에 다형성이 있는 것으로 나타났다. 개가시나무의 다형적 유전자좌의 비율(*P*)의 평균은 약 93%이며, 각 집단에서 계산된 평균은 약 48%로 산출되었다. 유전자좌당 평균 대립 유전자수(*A*)와 유효대립유전자수(*A_e*)는 구역리 집단이 가장 높은 반면(*A*=1.82, *A_e*=1.38), 화순리 집단이 가장 낮게 나타났다(*A*=1.19, *A_e*=1.14). 종 수준에서의 개가시나무의 유전다양성을 나타내는 Shannon Information Index (*S.I.*)와 Nei's genetic diversity(*h*)는 각각 0.390, 0.248로 나타났다으며, 집단 수준에서의 평균은 각각 0.237, 0.156이었다. 집단별로는 구역리(*S.I.*=0.364, *h*=0.234)와 저지리(*S.I.*=0.333, *h*=0.215) 집단이 다른 집단에 비해 비교적 높은 값을 나타내었다(Table 3). Choi et al.(2015)의 연구에 의하면 적은 개체수, 고산지역에 제한된 분포화, 난대성 식생대의 확장으로 인한 생육범위의 협소화 및 개체 수에 따른 유전 변이량을 근거로 적은 개체수가 낮은 유전다양성에 영향을 미친다고 판단하였으며, Lee et al.(2002)와 Kim et al.(2009) 또한 집단의 크기가 작을수록 유전적 부동이 가속화되며, 작은 집단의 크기가 낮은 유전적 다양성에 영향을 미치는 것으로 발표하였다. 본 연구에서도 개체 수가 적은 하례리, 화순리 집단이 개체수가 많은 구역리, 저지리 집단에 비하여 낮은 유전적 다양성을 보이고, 그 중에서도 특히 협소한 지역에 개체가 모여 있는

화순리 집단의 유전다양성이 가장 낮은 것으로 보아 적은 개체 수와 협소한 분포조건이 낮은 유전 다양성에 영향을 미치는 것으로 생각된다.

Choi(2001)와 Suh et al.(2001)의 RAPD marker를 이용하여 분석한 참나무과 가시나무류에 속하는 세 수종(붉가시나무, 종가시나무, 참가시나무, 개가시나무)의 연구결과와 비교하였을 때, 다형적 유전자좌의 비율(P)은 붉가시나무, 종가시나무, 참가시나무 보다는 낮은 값을 보였으며, 기존 개가시나무 성목 집단의 결과보다는 높았다. Nei의 유전 다양성(h)과 Shannon's information index($S.I.$)를 비교하였을 때 세 수종보다 높은 값을 보였고, 기존의 개가시나무 성목집단의 값보다는 낮지만 비슷한 양상을 나타냈다 (Table 4). 이와 같은 결과는 기존연구와 본 연구에서 사용된 marker가 RAPD와 ISSR로 상이하고, Suh et al.(2001)은 한경면 집단 내 개가시나무 개체들을 아집단으로 구분하여 분석하였으나, 본 연구는 한경면 집단을 하나의 집단으로 처리하고 그 외의 하례리와 화순리의 집단까지 포함하여 분석하였기 때문으로 사료된다. ISSR Marker를 이용한 다른 목본성 수종의 유전적 다양성 분석 결과와 비교해보았을 때 가침박달($S.I.=0.531$), 전나무($S.I.=0.429$)보다는 낮게 나타났으나, 국내 희귀식물이거나 제한된 분포를 띄

는 줄땃강나무($S.I.=0.336$), 만리화($S.I.=0.243$), 물황철나무($S.I.=0.230$)보다는 높은 값을 나타내었다(Hong et al., 2013; Kim et al., 2014; Jeong et al., 2007; Kim et al., 2009; Shin et al., 2014). 한편 희귀 특산식물인 꼬리말발도리($h=0.271$, $S.I.=0.429$)는 개가시나무보다 높은 값을 나타냈는데, Son et al.(2013)은 식물의 유전다양성의 다양한 수준은 분포범위 외에도 교배양식이나 생물학적 특성으로 인해 나타나기도 하며, 특히 분포역이 매우 좁은 일부식물들의 경우에도 교배양식 또는 집단의 진화역사에 따라 매우 높은 유전적 변이가 나타난다는 결과들을 근거로 꼬리말발도리가 분포역이 좁으나 완전한 타가수정(outcrossing)을 하여 유전자 이동에 의한 재조합이 일어나기 때문에 무성번식이나 자가수정을 하는 식물보다 높은 유전다양성을 유지한다고 판단하였다(Lewis and Crawford, 1995; Ranker, 1994; Maki and Asada, 1998; Xue et al., 2004; Luan et al., 2006; Nybom and Bartish, 2000). 개가시나무의 경우 꼬리말발도리와 같이 타가수정하는 품매화이지만 자생지 내의 개체수가 적고, 치수가 피압에 의해 고사하는 경우가 많아 유묘의 수가 매우 드물며, 맹아에 의해 갱신된 개체가 많은 것으로 보았을 때 꼬리말발도리보다는 낮은 유전적 다양성을 띄는 것으로 보여진다.

Table 3. Genetic variability at 72 ISSR loci in five populations of *Quercus gilva*.

population	N	P	A	Ae	h	$S.I.$
Jeoji-ri	22	72.2	1.72	1.35	0.215	0.333
Cheongsu-ri	6	40.3	1.40	1.22	0.138	0.210
Gueok-ri	45	81.9	1.82	1.38	0.234	0.364
Harye-ri	3	25.0	1.25	1.20	0.111	0.159
Hwasun-ri	4	19.4	1.19	1.14	0.080	0.117
Mean	16.00	47.8	1.48	1.26	0.156	0.237
Overall	80	93.1	1.93	1.39	0.248	0.390

N : number of individuals, P : percent of polymorphic loci, A : number of alleles per locus, Ae : effective number of alleles per locus, h : Nei's diversity (Nei, 1973), $S.I.$: Shannon's information index (Shannon and Weaver, 1949).

Table 4. Comparison value with *Quercus* species of the subgenus *Cyclobalanopsis* using RAPD marker.

Species	P	h	$S.I.$
<i>Quercus gilva</i>	93.1	0.248	0.390
<i>Quercus gilva</i> *	91.5	0.249	0.377
<i>Quercus acuta</i> **	95.2	0.163	0.261
<i>Quercus glauca</i> **	97.2	0.172	0.275
<i>Quercus salicina</i> **	95.1	0.148	0.241

P : percent of polymorphic loci, h : Nei's diversity (Nei, 1973), $S.I.$: Shannon's information index (Shannon and Weaver, 1949), *: Suh(2001), **: Choi(2001)

Table 5. Analysis of molecular variance (AMOVA) at the ISSR in five populations of *Quercus gilva*.

Source of variation	d.f.	Sum of squares	Variance components	Percentage of variation
Among populations	4	109.346	1.620	16.93
Within populations	75	596.167	7.949	83.07
Total	79	705.513	9.569	

Table 6. Nei's genetic identity (above diagonal) and genetic distance (below diagonal) of five populations of *Quercus gilva*.

	Jeoji-ri	Cheongsu-ri	Gueok-ri	Harye-ri	Hwasun-ri
Jeoji-ri	****	0.9651	0.9669	0.8834	0.7879
Cheongsu-ri	0.0356	****	0.9562	0.9021	0.7984
Gueok-ri	0.0337	0.0448	****	0.9259	0.7945
Harye-ri	0.1239	0.1031	0.0770	****	0.7382
Hwasun-ri	0.2384	0.2252	0.2300	0.3036	****

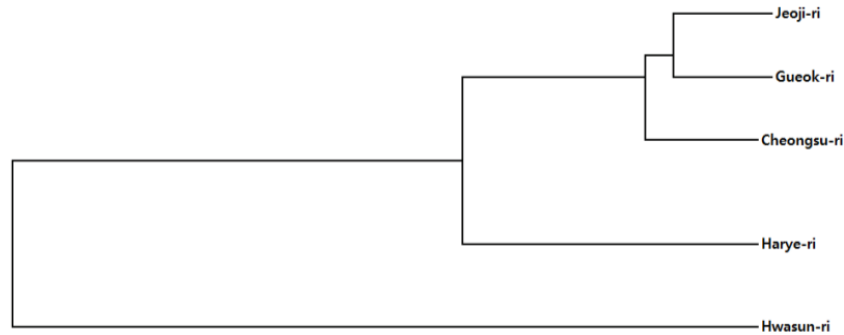


Figure 2. Dendrogram using the UPGMA method based on Nei's(1978) genetic distance for five populations of *Quercus gilva*.

2. 유전적 분화 및 유연관계

조사된 5개 집단에 대한 AMOVA 분석 결과 전체 유전 변이의 약 17%가 집단 간 차이에 기인하고 나머지 83%는 집단 내 개체 간에 존재하는 것으로 산출되었으며, 집단 간 분화 정도를 의미하는 F_{st} 값은 0.169로 나타났다(Table 5). 개체군 사이의 분화정도는 F 통계값, 즉 전반적인 내교배를 개체군 내와 개체군 간으로 구분하여 설명할 수 있는데, 그 중 F_{st} 는 내교배에 미치는 개체군 분화에 따른 효과를 의미하며 0에서 1까지의 값으로 표현한다. F_{st} 값은 일반적으로 분산능력과 역관계를 보이는데, 개체군 사이에 유전자 흐름이 높을 경우 낮은 값을 띄며, 개체군 사이 유전자 흐름이 낮을 경우 값은 증가하며 개체군 간에 분화가 일어났음을 의미한다. 이를 바탕으로 풍매화의 수정방식을 보이는 개가시나무의 집단 간 분화 정도($F_{st} = 0.169$)는 높다고 할 수 있다. 한편, 집단간 유전적 거리는 하례리 - 화순리 집단 간이 0.304로 가장 먼 것으로 나타났으며, 지리적 거리상 가장 인접해있는 저지리 - 구역리 집단은

0.034로 가장 낮은 값을 나타내어 유전적 거리가 가장 가까운 것으로 나타났다(Table 6).

집단 간 유전적 거리를 기초로 UPGMA법에 의한 유집 분석을 실시한 결과는 Figure 2와 같으며 지리적 거리가 다른 집단에 비해 먼 하례리 집단보다 화순리 집단의 유전적 거리가 먼 값을 보여 지리적 거리와 유전적 거리의 상관성은 낮았다(Figure 2).

결론

제주도 내 제한적으로 분포하는 개가시나무(*Quercus gilva* Blume) 5집단 80개체를 대상으로 유전적다양성 및 구조에 대해 ISSR(Inter Simple Sequence Repeat)분석을 실시한 결과, 유전적 다양성의 평균은 P (Percent of polymorphic loci)=93%, h (Nei's genetic diversity)=0.248, $S.I.$ (Shannon's information index)=0.390의 값으로 나타났으며, 집단별로는 구역리와 저지리 집단이 다른 집단에 비

해 비교적 높은 값을 보였다. 유전구조 분석결과 전체 유전변이의 약 17%가 집단 간 차이에 기인하고, 83%는 집단 내 개체 간에 존재함을 보였으며, F_{st} 값은 0.169의 수치를 보여 집단 간에 분화가 일어난 것으로 판단되었다.

집단 간의 거리는 저지리-구역리 집단이 유전적으로 가장 가까운 값을 보였고, 화순리-하례리 집단이 가장 먼 것으로 나타났으며, 지리적거리가 다른 집단과 가장 떨어진 하례리 집단보다 화순리 집단이 유전적으로 거리가 가장 먼 값을 나타내어 지리적거리와 유전적거리가 일치하지 않음을 볼 수 있었다.

생육하는 환경이 한정된 공간에 작은 개체군의 크기인 종은 급격한 환경변화에 취약하여 멸종위기에 처하기 쉽다. 우리나라 개가시나무의 경우 제주도를 비롯한 남부 도서지역에 분포하며, 그 중 기존 자료에 조사된 대부분의 개체가 제주도라는 한정된 공간에 생육하는 것으로 나타났다. 특히 그 중 많은 개체수가 생육하는 환경면의 경우 대규모 개발에 의한 서식지 파괴가 우려되어 유전자원의 보호 필요성이 매우 높다고 볼 수 있다. 정확한 보호방안을 마련하기 위해서는 자연 서식지에서의 식생구조와 치수발생 상황을 조사하고 개가시나무의 고립원인을 규명하는 체계적인 연구가 필요하다. 본 연구의 결과를 해석하였을 때 제주도라는 한정된 지역에서 작은 집단으로 분포하는 개가시나무의 유전다양성의 증폭이 필요할 것으로 간주되며, 추후 개가시나무의 서식지에 대한 산림유전자원보호구역 지정 및 지속적인 모니터링, 생육환경 개선이 필요할 것으로 사료된다. 또한 제주도를 제외한 남부도서지역의 개가시나무 분포위치에 대한 정확한 조사를 추가적으로 진행하여, 제주도 외 개체군과의 환경적·유전적 차이에 대한 연구를 통한 보전전략 수립이 필요한 것으로 판단되며, 본 연구는 그에 있어 기초자료로 활용될 것으로 기대된다.

References

- Choi, T.B. 2001. Genetic structure and diversity of three oak species (*Quercus*, Subgen. *Cyclobalanopsis*) in Korea and conservation strategy for *Q. acuta* Thunb. ex murray. Seoul National University. pp. 189.
- Choi, G.E., Nam, J.I., Kim, Y.M. and Park, J.I. 2015. Genetic diversity of *Lonicera caerulea* var. *edulis* in South Korea. Korean Journal of Plant Resources 28(4): 411-418.
- Dolye, J. and Dolye, J.L. 1987. Genomic plant DNA preparation from fresh tissue-CTAB method. Phytochem Bull 19: 11.
- Excoffier, L., Laval, G. and Schneider, S. 2005. Arlequin(ver. 3.0): An integrated software package for population genetics data analysis. Evolutionary Bioinformatics Online. 1: 47-50.
- Felsenstein, J. 1993. PHYLIP v3.5c. Department of Genetics, University of Washington, Seattle.
- Hong, K.N., Lee, J.W. and Kang, J.T. 2013. Genetic Diversity and Population Genetic Structure of *Exochorda serratifolia* in South Korea. Journal of Korean Forest Society 102: 122-128.
- Hyun, H.J., Song, K.M., Choi, H.S. and Kim, C.S. 2014. Dynamics and distribution of *Quercus gilva* Blume population in Korea. Korean Journal of Environment and Ecology 28(4): 385-392.
- Jang, R.H., Kim, H.R. and You, Y.H. 2013. Effect of elevated CO₂ concentration and temperature on the growth response of several woody plants, including two endangered species. Korean Journal of Environment and Ecology 46(2): 234-240.
- Jeong, J.H., Kim, K.S., Lee, C.H. and Kim, Z.S. 2007. Genetic diversity and spatial structure in populations of *Abelia tyaiyoni*. Journal of Korean Forest Society 96: 667-675. (in Korean)
- Kang, Y.J., Suh, K.M., Son, S.K., Kim, H.J., Shin, H.C., Chae, J.W., You, H.C., Choi, H.S. and Park, J.H. 2013. Study on promising species for warming resources development. Korea Forest Research Institute. ISBN 978-89-8176-969-7.
- Karron, J.D. 1991. Patterns of genetic variation and breeding systems in rare plant species. pp. 87-98. In: D.A. Falk & K.E. Holsinger, eds. Genetics and conservation of rare plants. Oxford University Press, New York, U.S.A.
- Kim, C.S. 2006. Studies on the distribution and vegetation of the endangered wild plants in Jeju Island. Ph. D. dissertation. Jeju National University, Jeju, Korea.
- Kim, S.Y., Kim, Y.D., Kim, J.S., Yang, B.H., Kim, S.H. and Lee, B.C. 2009. Genetic diversity and structure of *Pulsatilla tongkangensis* as inferred from ISSR markers. Korean Journal of Plant Resources 23(4): 360-367. (in Korean)
- Kim, S.Y., Kim, Y.D., Kim, J.S., Yang, B.H., Kim, S.H. and Lee, B.C. 2009. Genetic diversity of *Forsythia ovata* Nakai (Oleaceae) based on inter-simple sequence repeats (ISSR). Korean Journal of Plant Taxonomy 39: 48-54. (in Korean)
- Kim Y.M., Hong, K.N., Lee, J.W. and Yang, B.H. 2014. Genetic variation of *Abies holophylla* Populations in South Korea Based on ISSR Markers. Journal of Korean Forest Society 103: 182-188.
- Laikre, L., Schwartz, M.K., Waples, R.S. and Ryman, N. 2010. Compromising genetic diversity in the wild: Unmonitored large-scale release of plants and animals. Trends in Ecology and Evolution 25: 520-529.
- Lee, S.W., Kim, Y.M., Kim, W.W. and Chung, J.M. 2002. Genetic variation of ISSR markers in the natural populations of a rare and endangered tree species, *Oplomanax elatus* in Korea. Journal of Korean Forest

- Society 91: 565-573.
- Lee, T.B. 2003. Coloured Flora of Korea. Hyang-Mun Sa. pp. 210. Korea.
- Lewis, P.O. and Crawford, D.J. 1995. *Pleistocene refugium* endemic exhibit greater allozyme diversity than widespread congeners in the genus *Polygonella* (Polygonaceae). American Journal of Botany 82: 141-149.
- Luan, S., Chiang, T.Y. and Gong, X. 2006. High genetic diversity vs. low genetic differentiation in *Nouelia insignis*(Asteraceae), a narrowly distributed and endemic species in China, revealed by ISSR fingerprinting. Annals of Botany 98: 583-589.
- Maki, M. and Asada, Y.-j. 1998. High genetic variability revealed by allozymic loci in the narrow endemic fern *Polystichum otomasui* (Dryopteridaceae). Heredity 80: 604-610.
- Millar, C.I. and Libby, W.J. 1991. Strategies for conserving clinal, ecotypic, and disjunct population diversity in widespread species. In D. A. Falk and K. E. Holsinger[eds.], Genetics and conservation of rare plants, pp. 149-170.
- Ministry of Environment. 2012. <http://eng.me.go.kr>
- Moon, M.Y., Baik, J.S., Kim, S.S., Jang, W.J., Kim, M.S. and Lee, N.H. 2009. Identification of antioxidative constituents from the branches of *Quercus gilva* Blume. Journal of the Society of Cosmetic Scientists of Korea, Vol. 35. pp. 251-256.
- Momohara, A. 1997. *Quercus gilva* forest in the middle part of Boso Peninsula in the latest Yayoi-earliest Kofun period. Tech Bull Fac Hort China University 51: 127-136. (in Japanese)
- Nei, M. 1973. Analysis of gene diversity in subdivided populations. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America 70: 3321-3323.
- Nei, M. 1978. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. Genetics 89: 583-590.
- Nybom, H. and Bartish, I.V. 2000. Effects of life history traits and sampling strategies on genetic diversity estimates obtained with RAPD markers in plants. Perspectives in Plant Ecology, Evolution, and Systematics 3: 93-114.
- Primack, R.B., Lee, S.D., Kang, H.S., Kang, H.J. and Kim, J.G. 2014. A Primer of Conservation Biology. World Science. pp. 28-29.
- Saghai-Marooof, M.A., Soliman, K.M., Jorgensen, R.A. and Allard, R.W. 1984. Ribosomal DNA spacer-length polymorphisms in barley: Mendelian inheritance, chromosomal location, and population dynamics. Population Biology 81: 8014-8018. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America.
- Shannon, C.E. and Weaver, W. 1949. The mathematical theory of communication. University of Illinois Press, Urbana, Illinois (USA).
- Shin, H.C., Park, N.C. and Hwang, J.H. 2006. Korean warm temperate tree species. Korea Forest Research Institute. pp. 30-31.
- Shin, S.K., Song J.H., Lim H.I., Jang K.H., Hong K.N. and Lee J.W. 2014. Genetic Diversity and Spatial Genetic Structure of *Populus koreana* Population in Mt. Odae, Korea. Journal of Korean Forest Society 103: 59-64.
- Sneath, P.H.A. and Sokal, R.R. 1973. Numerical Taxonomy, Freeman San Francisco, CA (USA) pp. 573.
- Son, S.W., Choi, K.S., Park, K.T., Kim, E.H. and Park, S.J. 2013. Genetic Diversity and Structure of the Korea Rare and Endemic Species, *Deutzia ppaniculata* Nakai, as Revealed by ISSR Markers. Journal of Plant Resources 26(5): 619-627.
- Sugiura, N., Kurokuchi, H., Tan, E., Asakawa, S., Sato, N., Saito, Y. and Ide, Y. 2014. Development of 13 polymorphic chloroplast DNA markers in *Quercus gilva*, a regionally endemic species in Japan. Conservation Genet Resource. 6: 961-965.
- Suh, M.H., Koh, K.S., Ku, K.U., Kil, J.H., Choi, T.B., Suh, S.U., Oh, H.K., Lee, I.K., Na, J.G., Hyun, J.O. and Oh, J.G. 2001. Research on the conservation strategy for the endangered and reserved plants based on the ecological and genetic characteristics(I). National Institute of Environmental Research. pp.1-48.
- Suh, M.H., Koh, K.S., Ku, K.U., Kil, J.H., Choi, T.B., Suh, S.U., Oh, H.K., Lee, I.K., Na, J.G., Hyun, J.O. and Oh, J.G. 2002. Research on the conservation strategy for the endangered and reserved plants based on the ecological and genetic characteristics(II). National Institute of Environmental Research. pp.65-66.
- Ranker, T.A. 1994. Evolution of high genetic variability in the rare Hawaiian fern *Adenophorus periens* and implications for conservation management. Biological Conservation 70: 19-24.
- Xue, D.W., Ge, X.J., Hao, G. and Zhang, C.Q. 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., Yang, R.C. and Boyle, T. 1999. POPGENE version 1.31: Microsoft window-based freeware for population genetic analysis. University of Alberta and Centre for International Forestry Research. pp. 11-23. Canada.

Manuscript Received : April 20, 2018

First Revision : May 16, 2018

Second Revision : June 4, 2018

Third Revision : June 7, 2018

Accepted : June 9, 2018