

## 격리된 입지환경에서 형성된 한라산 흑오미자 자생군락의 유전변이

이갑연<sup>1</sup> · 이석우<sup>1</sup> · 김세현<sup>1</sup> · 김판기<sup>2</sup> · 정동준<sup>3</sup> · 한상섭<sup>4</sup>

<sup>1</sup>임업연구원, <sup>2</sup>서울대학교 농업과학공동기기센터  
<sup>3</sup>경희대학교 생명자연과학연구원, <sup>4</sup>강원대학교 산림자원학부  
(2001년 2월 14일 접수)

### Genetic Variation of Natural Populations of *Schisandra nigra* in Mt. Halla

Kab-Yeon Lee<sup>1</sup>, Seok-Woo Lee<sup>1</sup>, Sea-Hyun Kim<sup>1</sup>, Pan-Gi Kim<sup>2</sup>,  
Dong-Jun Chung<sup>3</sup> and Sang-Sup Han<sup>4</sup>

<sup>1</sup>Forest Research Institute, Chungju 380-940, Korea

<sup>2</sup>National Instrumentation Center for Environmental Management, Seoul National University, Suwon 441-744, Korea

<sup>3</sup>Institute of Life Science and Natural Resource, Kyung Hee University, Suwon 449-701, Korea

<sup>4</sup>Division of Forest Resources, Kangwon National University, Chuncheon 200-701, Korea

(Manuscript received 14 February 2001)

#### ABSTRACT

*Schisandra nigra* Max. has been cultivated for a medical use as well as food. It is an endemic species which has a unique habitat at the altitude of 600-1,400 m in Cheju island. In this study, three natural populations of *S. nigra* were investigated by using of starch-gel electrophoresis to determine the extent and distribution of genetic diversity. Except 2 monomorphic locus (*Mdh-2* and *Pgi-1*), 4 of the 6 isozyme locus (*Idh*, *Mdh-2*, *Mnr*, and *Pgi-2*), verified from 4 isozymes, revealed polymorphism in the three populations of *S. nigra*. The mean number of allele per locus was 1.7 and the percentages of polymorphism loci were 38.9% at 95% level and 50% at 99% level respectively. The observed and estimated heterozygosities were 0.141 and 0.147 respectively. Although plants which were in the face of crisis and distributed in the restricted area, have been known to the very low degree of genetic variation, *S. nigra* showed higher genetic variation than others. Genetic variation was mostly allocated within population and individuals than that among populations. The result of Wright's *F* analysis estimates of *F<sub>IS</sub>* and *F<sub>IT</sub>* showed that *S. nigra* population revealed Hardy-Weinberg steady state.

**Key words** : *Schisandra nigra*, genetic variation, natural populations, isozyme

#### I. 서 언

오미자과 식물은 세계적으로 2屬 22種이 분포하고, 우리나라에는 2屬 3種이 자생하는 것으로 알려져 있다. 흑오미자(*Schisandra nigra* Max.)는 우리나라 한라산의 600~1,400 m의 극히 제한된 국소지역에 분포하고 있는 제주도 특산수종이다(이창복, 1979). 자생지역에서는 흑오미자를 전통적으로 식·약용으로 널리 이용하고 있으며, 열매의 약리효과와 기호식품으로서

의 개발가치가 인정되어 수요가 증가하고 있다(이갑연, 1998). 동위효소에 의한 임목의 유전변이 연구는 초본이나 작물에 비하여 매우 적은데(Hamrick와 Godt, 1989), 주로 침엽수를 대상으로 이루어져 왔으며, 활엽수에 대한 연구는 최근 들어 참나무류나 너도밤나무 등을 중심으로 이루어지고 있다(Hamrick 등, 1992).

일반적으로 식물의 유전변이는 동위효소 수준에서 지리적으로 광범위하게 분포하며, 수명이 길고, 風媒에 의해서 교배가 이루어지면서 他家受精하는 식물이 그

렇지 않은 식물에 비해서 유전변이가 다양하고 집단간 분화는 적은 것으로 알려져 있다(Hamrick 등, 1979). 흑오미자와 같이 소규모로 격리되어 분포하고 있는 희귀종이나 멸종 위기식물의 경우 광범위하게 연속적으로 분포하는 종에 비해 유전변이가 매우 적은 것으로 보고되고 있다(Ledig와 Conkel, 1983). 반면에 일부 희귀식물들의 경우 일반적인 예측과는 달리 유전변이가 매우 다양하게 나타나기도 하는데, 이는 광범위하게 분포하는 종으로부터 최근에 분화된 경우(Gottlieb 등, 1985), 서식지 교환에 의한 분포지역의 축소가 최근에 이루어진 경우(Lewis와 Crawford, 1995), 체세포 돌연변이 및 복수 창시자효과(multiple founder events)에 의한 경우 등이 있다(Ranker, 1994).

흑오미자는 우리나라 한라산 일부지역에만 자생하는 희귀 수종으로 유전자원 보존 측면에서 그 중요성이 강조되고 있으나 흑오미자의 분포, 생육환경, 군락구조 및 생식특성 등만 이루어졌을 뿐(Lee 등, 1998; 이갑연 등, 1999; 김판기 등, 1999), 유전자원 보존전략

수립시 기초자료로 활용할 수 있는 유전변이 조사 등에 관한 연구는 국내외를 막론하고 전무한 실정이다.

본 연구에서는 우리나라 한라산이라는 격리된 입지 환경조건에서 자생하고 있는 흑오미자 집단을 대상으로 동위효소 분석에 의한 유전변이를 조사하여, 흑오미자 자생집단의 유전변이량을 추정하고 집단유전학적 특성을 구명하여 유전자원은 물론 육종을 위한 기초자료로 제공하기 위하여 수행하였다. 아울러 본 연구결과는 국내에 자생하는 희귀 수종들에 대한 유전적 특성을 비교 검토하는데 있어서 중요한 자료로 활용될 수 있을 것으로 기대된다.

## II. 재료 및 방법

흑오미자 천연집단의 동위효소 분석을 위하여, 흑오미자가 자생하고 있는 제주도 한라산의 해발 660~1,250 m 지역을 시험지로 선정하였다(Fig. 1). 흑오미자가 집단적으로 자생하는 한라산의 '핀읍사', '상효'

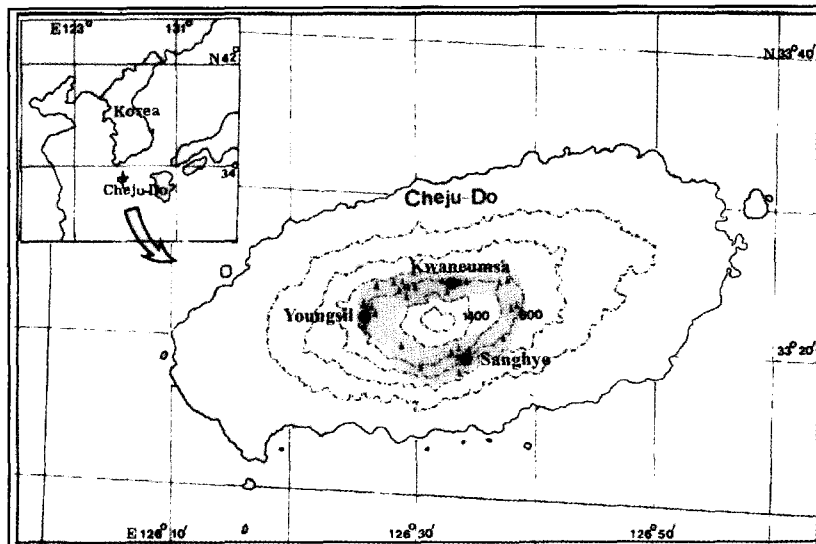


Fig. 1. Natural distribution (shaded) of *S. nigra* in Cheju-do, Korea and investigated stands (dotted).

Table 1. Climatic elements in survey sites of *Schisandra nigra* (Cheju Reional Meteorological Office, 1999)

Sites	Latitude	Longitude	Altitude (m)	Mean annual precipitation (mm)	Mean temperature (°C)	Minimum temperature of Jan.(°C)	Maximum temperature of Aug.(°C)
'Sanghyo'	33° 19'	126° 33'	750-1,250	3,000	9.2	-5.8	23.0
'Youngsil'	33° 20'	126° 27'	850-920	3,094	8.8	-6.8	22.8
'Kwaneumsa'	33° 24'	126° 32'	660-710	3,045	10.0	-4.0	24.3

및 '영실' 지역에서(Table 1) 흑오미자의 출현빈도가 높은 지점을 중심으로 지역별 30개체의 幼葉을 채취하여 동위효소 분석용 시료로 사용하였다. 이때 선발 개체간 거리는 50 m 이상으로 하여 혈연적으로 近緣關係가 아닌 개체가 선발되도록 유의하였다. 채취한 幼葉은 바로 비닐봉지에 넣은 뒤 ice box에 냉장 저장하였다.

동위효소 분석은 Kim 등(1993)과 동일한 방법으로 완충용액을 조제하여 사용하였다. Gel은 SIGMA starch 12%를 사용하였다. 전기영동을 마친 gel을 수평으로 절단한 다음, 각 동위효소별로 정색반응을 시켰다. 정색반응에 사용한 동위효소는 aconitase(ACO, E. C. 4.2.1.3), glutamate dehydrogenase (GDH, E. C. 1.4.1.3), glutamate-oxaloacetate transaminase (GOT, E. C. 2.6.1.1), isocitric dehydrogenase (IDH, E. C. 1.1.1.42), leucine aminopeptidase (LAP, E. C. 3.4.11.1), menadion reductase (MNR, E. C. 1.6.49.2), malate dehydrogenase (MDH, E. C. 1.1.1.37), 6-phospho gluconate dehydrogenase (6PG, E. C. 1.1.1.44), phosphoglucose isomerase (PGI, E. C. 5.3.1.9), phosphoglucomutase (PGM, E. C. 2.7.5.1), shinkimate dehydrogenase (SKDH, E. C. 1.1.1.25)로 총11개 종류이다.

분석에 사용된 11개 효소 중에서 GDH와 GOT는 활성이 없었으며, ACO, LAP, 6PG, PGM, SKDH은 효소의 활성은 있었으나, 정색 밴드가 너무 흐리거나 불안정하여 유전분석에서 제외시켰다. 유전분석에 사용된 IDH, MDH, MNR, PGI의 4개 효소, 6개 유전자좌(*Idh*, *Mdh-1*, *Mdh-2*, *Mnr*, *Pgi-1*, *Pgi-2*)에 대한 유전자형을 분석하였다. 각 동위 효소별 유전자형은 인공교배 차대가 없기 때문에 분석할 수 없으나, 다른 수종으로부터 보고된 자료 및 효소의 기능과 생화학적 구조(Weeden과 Wendal, 1989)를 고려하여 간접적으로 추정하였다. 각 유전자좌로부터 개체별 유전자형 빈도를 토대로 하여 유전자좌당 평균 대립유전자 수( $A/L$ ), 다형적 유전자좌의 비율( $P$ ), 평균 이형접합도의 관측치( $H_0$ )와 기대치( $H_e$ )를 구하였으며, 관찰된 유전자형 빈도와 Hardy-Weinberg 평형 빈도와의 일치여부는 Levene(1949)의 수정에 의한  $X^2$ -test에 의하여 판정하였다. Fisher의 exact-test도 실시하였는(Chapco, 1976),  $X^2$ -test 및 exact-test 모두에서 통계적인 유의성을 보이는 경우에서만 Hardy-Weinberg 평형상태로부터 이탈하는 것으로 간주하였다. 또한 Wright(1978)

의  $F$  통계치를 구하였으며, Nei(1978)의 유전적 거리를 산출한 후, UPGMA법(Sneath와 Sokal, 1973)에 의한 유집분석을 하였다. 이상의 모든 분석은 PC용 program인 BIOSYS-1(Swofford와 Selander, 1989)을 이용하여 실시하였다.

### III. 결과 및 고찰

#### 3.1. 대립유전자 頻度 및 분포

조사된 6개의 유전자좌 가운데 12개의 대립유전자가 관찰되었으며, 2개 이상의 대립유전자가 존재하는 다형성 유전자좌는 *Mdh-1*과 *Pgi-1*을 제외한 4개의 유전자좌였다(Table 2). 조사 지역별 다형성 유전자좌는 '영실' 지역이 4개로 가장 많고, '관음사' 지역이 3개의 유전자좌, '상효' 지역이 2개의 유전자좌였다. 조사

**Table 2.** Allele frequencies for 6 loci observed in 3 natural populations of *Schisandra nigra* of Mt. Halla

Locus	'Youngsil'	'Sanghyo'	'Kwaneumsa'
<i>Idh</i>			
(N)	30	30	30
a	0.033	0.000	0.000
b	0.067	1.000	1.000
<i>Mdh-1</i>			
(N)	30	30	30
a	1.000	1.000	1.000
<i>Mdh-2</i>			
(N)	30	30	30
a	0.083	0.000	0.133
b	0.883	1.000	0.850
c	0.033	0.000	0.017
<i>Mnr</i>			
(N)	30	30	30
a	0.783	0.833	0.983
b	0.217	0.167	0.017
<i>Pgi-1</i>			
(N)	30	30	30
a	1.000	1.000	1.000
<i>Pgi-2</i>			
(N)	30	30	30
a	0.250	0.283	0.617
b	0.683	0.667	0.383
c	0.067	0.050	0.000

N: number of individuals investigated

한 3개 지역의 유전자좌 중에서 *Pgi-2*를 제외한 모든 유전자좌는 가장 높은 빈도를 나타내는 주대립유전자 (common allele)가 동일한 유전자였으며, *Mdh-1*과 *Pgi-1*의 유전자좌는 1개의 대립유전자만 관찰되었다. 이와 같이 1개의 대립유전자 또는 동일한 대립유전자가 모든 집단의 주대립유전자로 나타나는 현상은 소나무와 같이 인접하여 널리 분포하고(Guries와 Ledig, 1982; Wheeler 등, 1995; Yeh와 O'Malley, 1980), 집단간의 유전자 교환이 용이한 경우에 나타나는 것으로 알려져 있다(Kim과 Lee, 1992). 그런데 흑오미자는 한리산의 일부지역에만 자생하는 좁은 분포를(Fig. 1) 나타내며 불구하고 소나무와 유사한 주대립유전자 분포 양상을 나타냈다. 이러한 결과는 흑오미자의 분포가 지리적으로 연속되는 형태이어서 유전자 교환이 용이한 조건에 있기 때문이라고 생각된다.

또한 유전자좌 *Idh-1*의 경우 '영실' 집단에서만 대립유전자 *a*가 0.033의 빈도로 나타났으며, 유전자좌 *Mch-2*의 경우 '영실'과 '관음사' 집단에서는 3개의 대립유전자가 나타난 반면, '상효' 집단의 경우 1개의 대립유전자만이 관측되었다. 따라서 유전자원의 보존과 집단유전학적인 연구를 위해서는 보다 深度있는 연구가 이루어져야 할 것으로 생각된다.

### 3.2. 유전적 다양도

흑오미자가 자생하는 3개 집단의 대립유전자 빈도를 토대로 하여 유전자좌당 평균대립유전자수( $A/L$ ), 다형성 유전자좌의 비율( $P$ ), 평균 이형접합율의 관측치( $H_o$ )와 기대치( $H_e$ )를 산출하였다(Table 3). 다형성 유전자좌의 비율은 다른 보고의 결과와 비교를 위하여 95%( $P_{95}$ )와 99%( $P_{99}$ )수준으로 각각 산출하였다.

대립유전자가 가장 많이 나타난 '영실' 지역은  $A/L$ 이 2.0,  $P$ 는 66.7%로 3개 조사지 중에서 가장 높은 값을 나타내 높은 유전적 다양성을 나타냈다. 또한  $H_o$ 와  $H_e$ 에서도 '영실' 지역이 다른 2개 지역에 비하여 높은 값을 나타내 유전적 변이의 폭이 넓다는 것을 알 수 있었다. 그런데 조사한 3개의 지역 주대립유전자의 대부분이 동일하다는 점과 지리적으로 연속된 분포를 나타낸다는 점을 고려하면, 조사한 3개 지역의 평균값이 흑오미자 집단의 유전적 특성을 보다 크게 반영하고 있다고 생각된다. 조사한 3개 지역의 평균값을 살펴보면  $A/L$ 이 1.7,  $P_{95}$ 가 38.9%,  $P_{99}$ 가 50.0%,  $H_o$ 가 0.172,  $H_e$ 가 0.183으로 인접하여 널리 분포하여 집단간의 유전적 교환이 용이한 소나무(Kim과 Lee, 1992)의 유전변이량( $A/L=2.3$ ,  $P_{99}=75.6\%$ ,  $H_o=0.249$ ,  $H_e=0.249$ )에 비하여 낮은 값을 나타낸다.

Hamrick 등(1992)은 동위 효소 분석에 의한 여러 식물의 유전변이분석 결과들을 검토한 결과 한 식물종이 가지는 유전변이의 양과 분포는 그 식물의 다양한 생태적, 생활사적(life history) 특성들에 의해 많은 영향을 받으며, 유사한 생태적, 생활사적 특성을 갖는 식물들의 유전변이량과 유전구조는 매우 유사함을 밝힌 바 있다. 또 이들은 다양한 생태학적, 생활사적 특성들 가운데 지리적 분포 특성과 교배·번식 특성이 유전변이량과 유전구조를 결정짓는데 가장 큰 영향을 미치고 있는 것으로 보고하였으며 종 수준에서는 지리적 분포 특성이, 집단 수준에서는 교배·번식 특성이 보다 중요하다고 하였다. 흑오미자 집단의 경우 96개 활엽수종에서 보고된 평균 유전변이량( $A/L = 1.68$ ,  $P = 45.1\%$ ,  $H_e = 0.143$ )과 비교해 볼 때 유사한 정도의 변이를 보유하고 있는 것으로 나타났으며(Hamrick

**Table 3.** Genetic diversity in *Schisandra nigra* of Mt. Halla (standard errors in parentheses)

Population	$A/L$	$P_{95}$	$P_{99}$	$H_o$	$H_e$
'Youngsil'	2.0 (0.4)	50.0	66.7	0.172 (0.077)	0.183 (0.080)
'Sanghyo'	1.5 (0.3)	33.3	33.3	0.111 (0.070)	0.127 (0.084)
'Kwaneumsa'	1.7 (0.3)	33.3	50.0	0.139 (0.087)	0.130 (0.082)
Mean	1.7	38.9	50.0	0.141	0.147

Note

$A/L$  ; number of alleles per locus;

$P_{95}$  ; percentage of polymorphic loci at 95% level;

$P_{99}$  ; percentage of polymorphic loci at 99% level;

$H_o$ ; observed heterozygosity;

$H_e$ ; Nei's unbiased expected heterozygosity

등, 1992), 지리적 분포 범위가 국소적(endemic:  $A/L = 1.48$ ,  $P = 26.3\%$ ,  $H_e = 0.056$ )인 수종들과 비교할 때 다소 많은 유전변이를 보유하고 있는 것으로 나타났다. 반면에 유성 및 무성 생식을 하는 수종( $P = 67.7\%$ ,  $A/L = 2.15$ ,  $H_e = 0.251$ ) 및 동물의 배변을 통해 종자 분산이 이루어지는 수종( $A/L = 1.90$ ,  $P = 60.3\%$ ,  $H_e = 0.208$ )들과 비교할 때는 다소 낮은 값을 보였다. 또 지리적으로 광범위하게 분포하고 있는 국내의 다른 수종(Kim과 Lee, 1995)과 비교할 때 변이량은 적은 것으로 나타났으나, 지리적 분포범위가 매우 한정적인 황칠나무(김세현, 1988), 모감주나무(이석우 등, 1997)와 비교해 볼 때는 유전변이량이 다소 많은 것으로 나타났다.

일반적으로 분포구역이 매우 제한되어 있거나 멸종위기에 처한 식물은 유전변이량이 매우 적게 나타난다(Falk와 Holsinger, 1991). 앞에 살펴보았듯이 흑오미자 역시 분포구역이 넓고 연속적인 수종에 비해서는 유전변이가 적었으나, 분포구역이 매우 제한되어 있고 국소적인 수종들과 비교했을 때는 다소 많은 유전변이를 보유하고 있는 것으로 나타났다. 이는 흑오미자는 유 무성 생식에 의해 번식되기 때문으로 생각된다. 일반적으로 식물은 유성생식에 의해서만 번식되는 종보다 유·무성 생식에 의해 번식되는 종이 유전변이가 높은 것으로 알려져 있다(Hamrick 등, 1992). 이는 환경조건의 악화 등으로 인해 유성생식이 불가능할 경우 무성생식에 의해 개체를 증식함으로써 일정 수준의 집단 크기를 유지할 수 있으며, 현재의 집단이 보유하고 있는 유전변이를 다음 세대에서도 유지할 수 있도록 하기 때문으로 생각된다.

흑오미자가 일정 수준의 유전변이를 유지할 수 있었던 또 다른 원인으로는 흑오미자의 화기특성을 들 수 있다. 흑오미자는 자웅이주이므로 자배에 의한 근친교배가 어느 정도 방지되는데, 이것이 진화적 메카니즘으로 작용하여 일정 수준의 유전적 다양도가 유지되었던 것으로 추정된다. 그러나, 이에 대한 좀 더 명확한 추정을 위해서는 교배양식에 관한 정밀한 조사가 실시되어야 할 것이다. 셋째로 흑오미자의 경우 종자전파가 주로 새(鳥)에 의해서 이루어지는데, 이러한 특성은 서로 격리된 집단 사이에 유전자 교류를 원활하게 하여 유전자 부동 등의 효과로 인한 유전변이의 감소를 어느 정도 상쇄시키는 기능을 해 온 것으로 추정된다.

분포구역이 넓고 연속적인 흑오미자는 유사한 교배·번식 특성을 지닌 다른 수종에 비해서 유전변이가 상대적으로 적은 것으로 나타났다. 이것은 흑오미자가 일정 수준의 유전변이를 유지하기 위한 진화과정을 거쳤지만, 자생지에서의 개체 서식 밀도가 높지 않으며, 번식 환경조건이 열악할 경우 實生繁殖 보다는 영양번식에 의하여 갱신이 이루어질 가능성이 높다. 또한 前述한 바와 같이 종자전파가 새에 의해 이루어지고 집단 사이에 여러 산재목들이 존재하여 징검다리 역할을 해주기 때문에 집단간 유전자 교류가 어느 정도 원활히 이루어질 수 있다고 생각되나 유전적 부동에 의한 유전변이 감소의 효과도 완전히 배제할 수는 없다고 생각된다.

### 3.3. Wright의 $F$ 분석 및 유전자형 분석

Wright의  $F$  분석 결과  $F_{IS}$  및  $F_{IT}$  값 모두가 0에 가까운 값을 나타내어 흑오미자 집단의 경우 Hardy-Weinberg 평형상태에 근접해 있음을 알 수 있었다(Table 4). 이는 각 집단별로 각 유전자좌에서 관찰된 유전자형 빈도와 Hardy-Weinberg 평형 빈도와 일치 여부를 검정한 결과에서도 나타나고 있는데, 모든 집단 및 유전자좌에서 각 유전자형 빈도는 Hardy-Weinberg 평형상태를 벗어나고 있지 않았다. 이러한 결과로부터 흑오미자 집단의 경우 자웅동주와 자웅이주가 같이 나타나고 유·무성 번식을 모두 따르는 등 복잡한 교배구조 및 번식특성을 가지고 있음에도 불구하고 Hardy-Weinberg 평형상태를 유지시켜 주기 위한 진화적 메카니즘이 작용하고 있는 것으로 추정된다. 흑오미자의 경우 그 교배양식에 관한 자세한 연구는 이루어진 바가 없으나 근친교배의 영향은 크게 받지 않고 있는 것으로 추정되었으며, 만일 근친교배 구조를 따르더라도 근친교배에 의한 동형접합체의 증가를 상쇄시키기 위한 진화과정이 작용되어 온 것으로 추정된다. 아울러 이 같은 진화작용은 前述한 바와 같이

**Table 4.** Wright's  $F$  statistics for polymorphic loci in natural populations of *Schisandra nigra* of Mt. Halla

Locus	$F_{IS}$	$F_{IT}$	$F_{ST}$
<i>Idh</i>	-0.034	-0.011	0.022
<i>Mdh-2</i>	0.009	0.054	0.045
<i>Mnr</i>	-0.231	-0.154	0.063
<i>Pgi-2</i>	0.150	0.227	0.091
Mean	0.025	0.097	0.074

흑오미자 집단이 일정 수준의 유전변이를 유지할 수 있도록 하는데 일조를 해 온 것으로 추정된다.

흑오미자의 경우 전체 유전변이가 가운데 집단간 차이는 7.4% ( $F_{ST}=0.074$ ), 나머지 92.6%는 집단내의 개체간 차이로부터 기인한 것으로 추정되었다. 이는 일반 목본식물들과 유사한 값이었으며(Hamrick 등, 1992), 흑오미자와 같이 지리적 분포 범위가 매우 좁거나( $G_{ST}=0.124$ ) 국소적( $G_{ST}=0.141$ )인 다른 수종들과 비교해 볼 때는 집단간의 분화가 작음을 알 수 있었다. 이것은 흑오미자의 경우 주로 새에 의해 종자전파가 이루어지고 분포지를 중심으로 산재되어 있는 개체들이 집단간 유전적 교류를 원활하게 해 줄 수 있는 징검다리 역할을 해 줌으로서 집단간 유전적 분화가 작은 것으로 추정된다.

**3.4. Nei의 유전적 거리 및 유집 분석**

Nei(1978)의 유전적 거리(D) 및 유전적 동일도(I)를 구한 결과는 Table 5와 같다. 평균거리와 동일도는 각각 0.018과 0.983으로 나타나 前述한  $F_{ST}$ 분석과 마찬가지로 집단간의 유전적 분화는 작은 것으로 나타났다. 산출한 유전적 거리를 이용하여 UPGMA법에 의한 유집분석을 실시한 결과는 Fig. 2와 같다. 분석결과

**Table 5.** Pairwise Nei's genetic distance (above diagonal) and genetic identity (below diagonal) in natural populations of *S. nigra* in Mt. Halla

Population	'Youngsil'	'Sanghyo'	'Kwaneumsa'
'Youngsil'	****	0.000	0.028
'Sanghyo'	1.000	****	0.025
'Kwaneumsa'	0.972	0.976	****

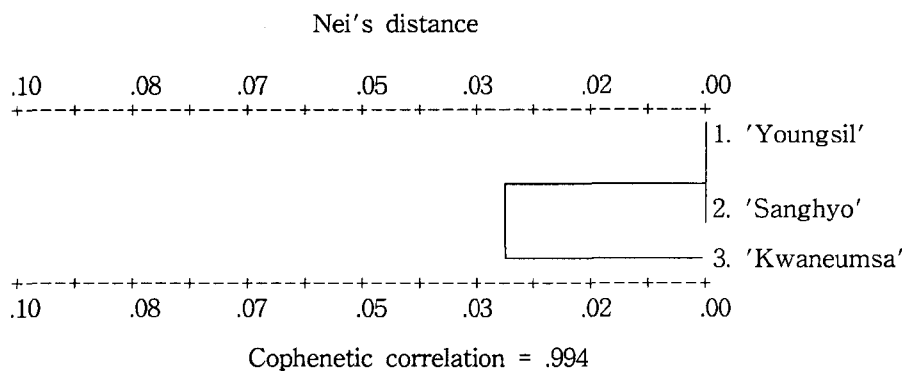
'영실'과 '상효' 집단이 묶인 뒤 '관음사' 집단이 묶였는데, '관음사' 집단은 유전자좌 *Pgi-2*에서 다른 집단 들과는 상이한 유전자형 빈도 및 대립유전자 빈도를 나타냄으로서 이 같은 결과가 유도된 것으로 추정된다. 결과적으로 '영실'이나 '상효' 집단에 비해서 '관음사' 집단의 유전적 구조가 보다 이질적인 것으로 추정되고 있는데, 이러한 이질성은 관음사지역의 기후환경(Table 1)이 다른 두 집단에 비하여 相異하였기 때문으로 추측된다. 그러나 명확한 해석을 위해서는 미세 환경조건이 각 유전자좌별 반응기작 등에 미치는 영향에 대한 보다 깊은 연구가 요망된다.

**IV. 적 요**

우리나라에 자생하고 있는 흑오미자 유전자원을 보존하고 육성하기 위하여, 제주도 한라산이라는 격리된 지역에 천연분포하고 있는 3개 집단을 대상으로 동위 효소분석에 의한 유전변이를 조사하였다.

1. 黑五味子 자생지 3개 집단의 4개의 同位酵素에 대한 對立遺傳子 頻度와 分布는 6개의 遺傳子座 가운데 *Mdh-1*과 *Pgi-1*을 제외한 모든 遺傳子座에서 2개 이상의 對立遺傳子가 관측되어 *Idh*, *Mdh-2*, *Mnr*, *Pgi-2*에서 多形性을 보였다. *Pgi-2*를 제외한 *Idh*, *Mdh-2*, *Pgi-1*, *Mdh-1*, *Mnr* 유전자좌에서 동일한 대립유전자가 빈도가 가장 높은 主對立遺傳子로 나타났다.

2. 遺傳子座當 對立遺傳子數(A/L)는 평균 1.7개의 값을 보였으며, 95%( $P_{95}$ ) 및 99%( $P_{99}$ ) 수준에서의 다형적 유전자좌의 비율은 38.9%와 50%, 평균 異形接合度의 觀測值( $H_o$ )와 期待值( $H_e$ )는 각각 0.141과



**Fig. 2.** Dendrogram showing the clustering of the 3 natural populations of *S. nigra* of Mt. Halla based on Nei's genetic distance coefficient.

0.147로 나타났다. 黑五味자와 같이 분포구역이 매우 제한적이거나 멸종위기에 처한 식물종들은 유전변이량이 매우 적게 나타나는데 비해 黑五味자는 다소 많은 유전변이량을 보유하고 있는 것으로 나타났다.

3. 유전변이의 대부분이 集團間 차이보다 集團內 개체간의 차이(92.6%)로 나타났으며, Wright의  $F$ 分析結果,  $F_{IS}$  및  $F_{IT}$  값 모두 0에 가까운 값을 나타내어 黑五味자 集團이 Hardy-Weinberg 평형 상태에 近接해 있는 것으로 나타났다.

### 인용문헌

- 김세현, 1988: 황칠나무의 생태와 우량개체 선발에 관한 연구. 경상대학교 박사학위논문 134pp.
- 김판기, 이갑연, 김세현, 한상섭, 1999: 우리나라에 분포하는 오미자과 2속 3종의 잎 형질 및 광합성 특성. 한국농림기상학회지 1, 90~96.
- 이갑연, 1998: 흑오미자의 생리생태, 번식 및 유전변이에 관한 연구. 강원대학교 대학원 박사학위논문. 134pp.
- 이갑연, 김세현, 김판기, 신창호, 한상섭, 1999: 흑오미자 자생 임분의 입지환경과 식생구조. 한국농림기상학회지 1, 81~89.
- 이석우, 김선창, 김원우, 한상돈, 임경빈, 1997: 희귀수종 모감주나무 자생집단의 잎의 형태적 특성, 식생특성 및 유전변이. 한국임학회지 86, 167~176.
- 이창복, 1979: 대한식물도감. 향문사. p572~576.
- 제주지방기상청, 1999: 제주기후통계자료 제1호. 420pp.
- Chapco, W., 1976: An exact test of the Hardy-Weinberg law. *Biometrics* 32, 183~189.
- Falk, D. A. and K. Holsinger, 1991: Genetics and Conservation of Rare Plants. Oxford University Press, New York, 388pp.
- Gottlieb, L. D., S. I. Warwick and V. S. Ford, 1985: Morphological and electrophoretic divergence between *Layia discodea* and *L. glandulosa*. *Systematic Botany* 10, 484~495.
- Guries, R. P. and F. T. Ledig, 1982: Genetic diversity and population structure in pitch pine (*Pine rigida* Mill). *Evolution* 36, 387~402.
- Hamrick, J. L., Y. B. Linhart and J. B. Mitton, 1979: Relationships between life history characteristics and electrophoretically detectable genetic variation in plants. *Ann. Rev. Ecol. Syst.* 10, 173~200.
- Hamrick, R. J. and M. J. W. Godt, 1989: Allozyme diversity in plant species. In: Plant Population Genetics, Breeding, and Genetics Resources (Brown A. H. D., Clegg M. T., Kahler A. L., Weir B. S. eds). Sinauer Associates Inc. Publishers, Sunderland, M. A. pp. 43~63.
- Hamrick, R. J., M. J. W. Godt and S. L. Sherman-Broyles, 1992: Factors influencing levels of genetic diversity in woody plant species. *New Forests* 6, 95~124.
- Kim, Z. -S., S. -W. Lee and J. -O. Hyun, 1993: Allozyme variation in six native oak species in Korea. *Ann. Sci. For.* 50(suppl 1), 253~260.
- Kim, Z. -S. and S. -W. Lee, 1995: Genetic diversity of three native *Pinus* species in Korea. In: Population Genetics and Genetic Conservation of Forest Trees (Baradat Ph, Adams WT, Müller-Starck G eds). SPB Academic Publishing, Amsterdam, The Netherlands. p. 211~218.
- Kim Z. -S. and S. -W. Lee, 1992: Genetic structure of natural population of *Pinus densiflora* in Kangwon-Kyungbuk region. *Korean J. Breed* 24, 48~60.
- Ledig, F. T. and M. T. Conkle, 1983: Gene diversity and genetic structure in a narrow endemic, Torrey pine *Pinus torreyana* Parry ex Carr. *Evolution* 37, 79~85.
- Lee, K. -Y., H. -S. Han, G. -B. Lee, S. -S. Han and J. -S. Jung, 1998: Identification of monoecious and dioecious plant of *Schisandra nigra* using the RAPD markers. *Korean J. Plant Tissue Culture* 25, 309~313.
- Levene, H. 1949: On a matching problem arising in genetics. *Annals of Mathematical Statistics* 20, 91~94.
- Lewis, P. O. and D. J. Crawford, 1995: Pleistocene refugium endemics exhibit greater allozyme diversity than widespread congeners in the genus *Polygonella* (Polygonaceae). *Amer. J. Bot.* 82, 141~149.
- Nei, M. 1978: Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics* 89, 583~590.
- 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.
- Sneath, D. L. and R. R. Sokal, 1973: Numerical Taxonomy. WH Freeman and Company, San Francisco. 573pp.
- Swofford, D. L. and R. B. Selander, 1989: BIOSYS-1: a computer program for the analysis of allelic variation in population genetics and biochemical systematics. Release 1.7. III inois Natural History Survey.
- Weeden, N. F. and J. F. Wendel, 1989: Genetics of plant isozymes. Pages 4672 in D. E. Soltis and P. S. Soltis, eds. Isozymes in Plant Biology. Dioscorides Press. Portland, Oregon.
- Wheeler, N. C., K. S. Jech, S. A. Masters, C. J. O'Brien, D. W. Thomas, R. W. Stonecypher and A. Lupkes, 1995: Genetic variation and parameter estimates in *Taxus brevifolia* (Pacific yew). *Can. J. For. Res.* 25, 1913~1927.
- Wright, S. 1978: Evolution and the genetics of population. variability within and among natural population. University of Chicago Press., Chicago, IL.
- Yeh, F. C. and D. M. O'Malley, 1980: Enzyme variations in natural population of Douglas-fir, *Pseudotsuga meniesii* (Kirb.) Franco. from British Columbia. I. Genetic variation patterns in coastal populations. *Silvae Genet.* 29, 82~92.