

수변 경계종인 쥐방울덩굴의 유전적 다양성 분석

남보은*·박현준*·손가연*·김재근*^{*,**,+}

*서울대학교 생물교육과

**서울대학교 교육종합연구원

An analysis of the genetic diversity of a riparian marginal species, *Aristolochia contorta*

Bo Eun Nam*·Hyun Jun Park*·Ga Yeon Son*·Jae Geun Kim^{*,**,+}

^{*}Department of Biology Education, Seoul National University

^{**}Center for Education Research, Seoul National University

(Received : 01 May 2020, Revised : 16 May 2020, Accepted : 16 May 2020)

요약

수변 및 육상 식생의 경계에 서식하는 쥐방울덩굴(*Aristolochia contorta*)은 국내 취약종인 꼬리명주나비(*Sericinus montela*) 유충의 유일한 기주식물이라는 점에서 높은 보전가치를 지닌다. 개체군의 장기적인 유지에 있어서 유전적 다양성은 반드시 고려되어야 하며, 이를 위하여 기존 개체군의 유전적 다양성을 파악하는 과정이 선행되어야 한다. 쥐방울덩굴 개체군이 장기적으로 유지되고 있는 네 서식처의 개체군을 대상으로 개체들의 잎을 채집하여 DNA를 추출하였으며, 5개의 무작위 프라이머를 이용한 RAPD-PCR을 수행하여 각 개체군의 유전적 다양성을 비교하고 개체군 간의 유연관계를 파악하였다. 개체군 내 유전적 다양성은 4개 개체군 중 가평 개체군(GP)이 가장 높았으나, 전반적인 유전적 다양성은 다른 종에 비해 낮은 편으로 나타났다(h : 0.0607 ~ 0.1491; F : 0.0819 ~ 0.1759). 또한 가평 개체군의 경우 지리적 거리와 무관하게 다른 개체군들과의 유전적 거리가 큰 편으로 나타났다. 이는 파편화된 서식지와 더불어 낮은 유성생식 비율에서 기인한 것으로 추정된다. 쥐방울덩굴 개체군의 보전을 위해서는 개체군 혼합 식재와 적절한 차광이나 물리적 지지와 같이 쥐방울덩굴의 유성생식을 촉진하는 환경이 적극적으로 고려되어야 할 것이다.

핵심용어 : 가장자리종, 덩굴성 식물, 무성생식, RAPD, 현지 외 보전

Abstract

Northern pipevine (*Aristolochia contorta*) commonly inhabits marginal areas between waterside and terrestrial vegetation. In particular, *A. contorta* is ecologically important in the marginal areas as a food plant of dragon swallowtail butterfly (*Sericinus montela*), which is designated as vulnerable species in the Republic of Korea. For long-term sustainability of the plant population, assessment of the genetic diversity of exist populations should be conducted. Genomic DNA of *A. contorta* leaf samples were extracted from four populations where the vigorous growth were observed in the South Korea. Intra-population genetic diversity and inter-population genetic distance were assessed using randomly amplified polymorphic DNA (RAPD) with five polymorphic random primers. Overall genetic diversity was lower, compared to other wetland species (h : 0.0607 ~ 0.1401; F : 0.0819 ~ 0.1759), while GP showed the highest intra-population genetic diversity. Despite of the geographical distance, GP showed the larger genetic distance from other populations. This result seemed to be caused by the fragmented habitat and lower sexual reproduction of *A. contorta*. Mixture of the different source populations and construction of the proper environmental condition such as shade and physical support for sexual reproduction should be considered for conservation of *A. contorta* population.

Key words : asexual reproduction, *ex-situ* conservation, marginal species, RAPD, vine species

* To whom correspondence should be addressed.

Department of Biology Education, Seoul National University
E-mail: jaegkim@snu.ac.kr

- Bo Eun Nam Seoul National University / Graduate student (evakun@snu.ac.kr)
- Hyun Jun Park Seoul National University / Graduate student (parkhj13@snu.ac.kr)
- Ga Yeon Son Seoul National University / Graduate student (karen0327@snu.ac.kr)
- Jae Geun Kim Seoul National University / Professor (jaegkim@snu.ac.kr)

1. 서 론

수생태계와 육상생태계의 접이지대에 해당되는 하천생태계의 식생대는 지형적 특성과 같은 환경 구배에 따라 그 구조가 결정된다(Naiman et al., 2005; Park and Kim, 2020). 하천변 상부는 하천 범람의 영향이 감소함과 동시에 육상 목본식물의 수관의 영향이 증가하기 시작하는 경계 지역으로, 수변 식생대와 육상 식생 사이의 종적 연결에 있어 매우 중요한 지역이라 할 수 있다(Vidon and Hill, 2004; Soykan et al., 2012). 따라서 하천변 상부 식생은 두 생태계의 가장자리로서 독특한 생태적 지위를 반영한다고 할 수 있으며, 연결된 수생태계와 육상생태계의 생물다양성에도 영향을 미친다고 할 수 있다. 수변생태계 식생대의 다양성을 보전하기 위해서는 상부의 식생 다양성 역시 고려되어야 한다.

하천변 상부에 서식하는 덩굴성 식물은 식물 종다양성과 물질 순환에 기여할 수 있다(Hegarty et al., 1989). 대개 침입성 덩굴 식물이 아닌 경우 독특한 생태적 지위를 통해 종 다양성을 높이는 데 기여할 수 있다. 하천 혹은 계곡의 배후지역에서 발견되는 식물 중 중 하나인 쥐방울덩굴(*Aristolochia contorta* Bunge)은 쥐방울덩굴과(Aristolochiaceae)에 속하는 다년생 덩굴성 초본으로 중국 동부, 러시아 동부, 일본, 그리고 대한민국에 제한적으로 서식한다(Global Biodiversity Information Facility, 2020). 교목, 관목, 초본 등 다양한 식물종에 의지하여 생육하며, 철제 울타리 등 인공 구조물에서도 생육 가능하다(Park et al., 2019). 또한 대한민국 적색식물 목록상 취약종(VU)으로 등재된 꼬리명주나비(*Sericinus montela* Gray)의 특이적 기주식물로 알려져 있어, 국내에서는 꼬리명주나비 서식처 조성을 위하여 쥐방울덩굴 서식지를 조성 중에 있다. 한편 쥐방울덩굴은 종자 휴면 기간이 길고 휴면 타파 방법이 명확하지 않아 개체 수 증식에 어려움이 있다(Voronkova et al., 2018).

효과적으로 식물 개체군을 보전 혹은 복원하여 장기적으로 유지하기 위해서는 개체군의 양적 성장과 더불어 유전적 다양성을 증진시키는 방안을 강구하여야 한다(Wimp et al., 2004; Gamfeldt and Källström, 2007). 이를 위해서 기존 개체군의 유전적 다양성을 이해하는 과정이 선행되어야 한다. 선행 연구에 따르면 알로자임 분석을 통해 조사한 러시아 지역 쥐방울덩굴 개체군의 유전적 다양성은 다른 종에 비해 낮은 것으로 알려져 있다(Nakonechnaya et al., 2012). 쥐방울덩굴의 유전체와 관련해서 염록체 염기서열이 알려져 있으며, 전장 유전체나 유전적 다양성 마커 관련한 선행 연구는 아직 이루어진 바가 없다(Zhou et al., 2017). 따라서 쥐방울덩굴의 유전적 다양성을 이해하기 위해서는 범용으로 사용 가능한 다양성 마커를 활용하여야 한다.

본 연구에서는 범용으로 활용 가능하며 개체군 내 해상도가 높은 RAPD (randomly amplified polymorphic DNA) 방법을 이용하여 쥐방울덩굴 국내 개체군의 유전적 다양성을 파악하고자 하였다(Williams et al., 1990). 생육이 활발한 것으로 알려진 쥐방울덩굴 개체군들을 대상으로 개체군 내 유전적 다양성을 파악하고, 개체군간 유전적 거리를 파악하였다. 이를 토대로 쥐방울덩굴 개체군의 현지 내 혹은 현지 외 보전시의 시사점을 제공하고자 하였다.

2. 재료 및 방법

2.1 조사지 개황

국내에서 쥐방울덩굴이 일정 수준 이상의 개체군 규모를 이루며 생육 중인 서식처 중 생육이 활발한 4개 개체군을 선정하였다(Park et al., 2019). 경기도 가평군에 위치한 개체군(GP; $n = 11$)은 계곡의 배후지역에 해당하며 경기도 평택시에 위치한 개체군(PT; $n = 16$)과 충청북도 청주시(CJ; $n = 13$)의 개체군은 하천의 배후지역에 위치하였다.

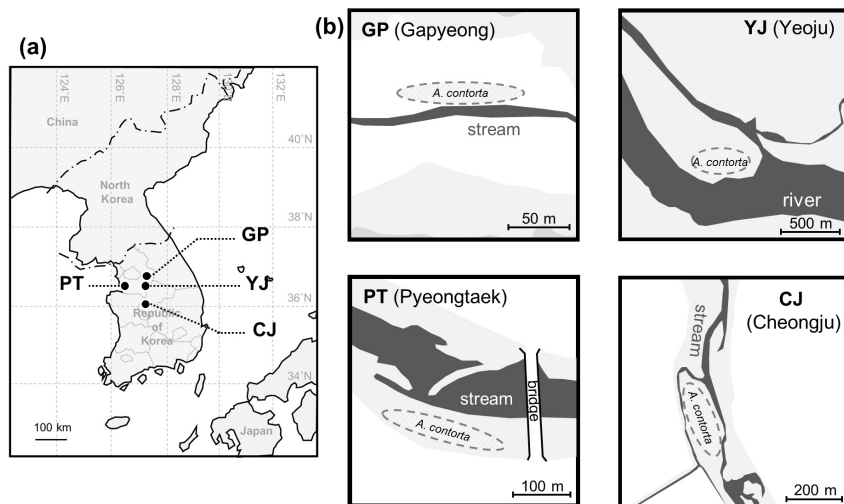


Fig. 1. (a) Location of study sites; (b) location of *Aristolochia contorta* population in each site.

경기도 여주시(YJ; $n = 14$)의 개체군은 하천의 하중도 상부에 위치하고 있었다(Fig. 1). 가평(GP) 개체군과 여주(YJ) 개체군은 초본, 관목, 교목 등 다양한 식물을 지지하여 생육중이었으며 청주(CJ) 개체군은 초본, 교목, 그리고 울타리 등 인공 구조물을 지지하여 생육중이었다. 평택(PT) 개체군의 지지 기반은 초본과 울타리였다. 각 개체군 내에서 2 m 간격으로 위치한 개체의 잎을 채집하였으며, 액체질소에 급랭시킨 뒤 DNA를 추출하기 전까지 -80°C 에서 냉동 보관하였다.

2.2 유전적 다양성 분석

채집한 쥐방울덩굴 급랭 표본들을 분쇄한 뒤 DNeasy Plant mini Kit (Qiagen, Hilden, Germany)를 사용하여 유전체 DNA를 추출하였다. Nanodrop One^c (Thermo Fisher Scientific, Waltham, MA)를 이용하여 추출한 DNA의 농도를 정량한 뒤 3차 증류수를 혼합하여 50 ng/ul의 농도가 되도록 희석하여 이후 증폭 반응에 이용하였다. RAPD-PCR 반응은 추출한 template DNA (50 ng/ul) 1 ul, dNTP mix (2.5 mM each) 2 ul, 10x PCR buffer 2 ul, 프라이머 (10 pmol/ul) 1 ul, 3차 증류수 13.8 ul, BS eTaq DNA polymerase (5 U/ul; Biosang, Seongnam, the Republic of Korea) 0.2 ul를 혼합하여 수행하였다. PCR cycle은 initial denaturation을 95°C 에서 5분 진행한 뒤 [denaturation at 95°C , 45 s]-[annealing at T_m (Table 1), 45 s]-[elongation at 72°C , 95 s]의 증폭 사이클을 28회 반복한 뒤 final extension을 72°C 에서 2분 동안 진행하였다. 총 11개의 무작위 프라이머 중 다형성 밴드 좌위를 나타낸 5개의 프라이머를 활용하였다(Table 1).

증폭된 DNA 절편들은 GelRedTM (Biotium, Hayward, CA)으로 염색한 1% agarose gel에서 전기영동을 수행하여 확인하였다. Gel documentation system 내의 자외선 램프 하에서 각 크기 좌위(loci)에서의 밴드 출현 유무(0: 없음; 1: 있음)를 조사하여 기록하여 이진 행렬로 기록하였다.

밴드 출현 유무의 이진 행렬 자료를 토대로 개체군 내 유전적 다양성(다형성 밴드 좌위 수, h : Nei's genetic diversity, I : Shannon's diversity index)과 개체군 간 유전적 다양성(Nei's genetic distance, UPGMA dendrogram)을 Popgen32 (Nei, 1973; Yeh and Boyle 1997)를 이용하여 도출하였다. 또한 밴드 출현 유무에 따른 주성분분석

Table 1. Used random primer sequences and number of amplified RAPD fragments (* polymorphic loci).

Primer name	Sequence (5'→3')	T_m ($^{\circ}\text{C}$)	No. of observed bands
N-8002	CAATCGCCGT	32	4 (2*)
N-8005	GAAACGGGTG	32	3 (2*)
N-8041	ATCGGGTCCG	34	7 (5*)
N-8045	CAAACGTCGG	32	6 (3*)
N-8072	CTTAGGGCAC	32	5 (2*)

(PCA)을 R version 3.6.1(R core team, 2019)의 *vegan* 패키지(Oksanen et al., 2013)를 이용하여 수행하였다.

3. 결과 및 고찰

3.1 개체군 내 유전적 다양성

5개의 무작위 프라이머를 이용한 RAPD-PCR에서 총 25개의 밴드 좌위가 나타났으며, 이 중 14개(56%) 좌위가 다형성을 나타내었다. 전체 유전적 다양성은 Nei's genetic diversity (h) = 0.1552, Shannon's diversity index (I) = 0.2370으로 나타났으며, 각 개체군 내에서 유전적 다양성의 값은 0.0607 ~ 0.1491 (h), 0.0819 ~ 0.1759 (I) 범위에서 나타났다(Fig. 2). 가평 개체군(GP)에서 가장 높은 개체군 내 유전적 다양성이 나타났으며($h = 0.1491$; $I = 0.1759$), 청주 개체군(CJ)에서 가장 낮은 유전적 다양성이 나타났다.

각 쥐방울덩굴 개체군 내의 유전적 다양성은 선행 연구에서 유사한 RAPD 마커를 이용하여 도출된 다른 습지식물에 비해 낮은 것으로 나타났다. 종자로만 번식하는 일년생 습지식물 고마리(h : 0.2381 ~ 0.2761; I : 0.3592 ~ 0.4100)에 비해 현저히 낮았으며(Nam et al., 2016), 유성생식과 지하경을 이용한 무성생식 전략을 동시에 활용하는 습지식물인 애기부들(h : 0.0962 ~ 0.2392; I : 0.1419 ~ 0.3512)의 개체군 내 유전적 다양성 범위에서 낮은 값의 범위에 해당하였다(Min et al., 2012). 이는 쥐방울덩굴 개체군 발달 과정에 있어 무성생식의 기여가 상대적으로 큰 특성 때문인 것으로 보여진다. Nakonechnaya et al. (2012)의 선행 연구에서도 쥐방울덩굴의 유전적 다양성이 매우 낮은 편으로 나타난 바 있으며, 낮은 다양성의 요인을 무성생식기관을 이용한 번식(clonal growth)과 무수정종자(apomixis)의 형성 확률로 보았다. 이는 쥐방울덩굴 서식지 조성 혹은 복원 시 장기적으로 개체군의 유전적 다양성이 점진적으로 감소할 가능성이 있음을 시사한다.

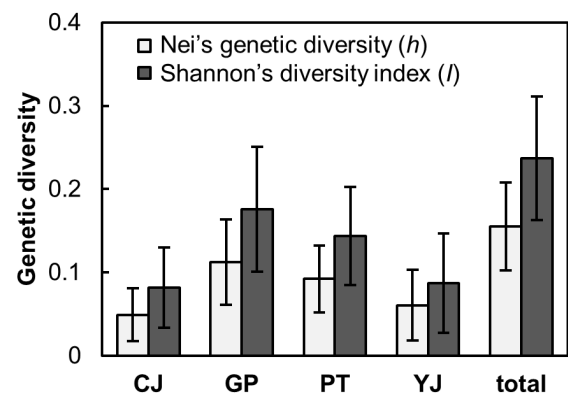


Fig. 2. Genetic diversity (h : Nei's genetic diversity; I : Shannon's diversity index) within each of four studied populations and whole individuals. CJ (Cheongju; $n = 13$); GP (Gapyeong; $n = 11$); PT (Pyeongtaek; $n = 16$); YJ (Yeoju; $n = 14$).

3.2 개체군간 유전적 거리

개체군간 유전적 거리(Nei's genetic distance)는 0.0495 ~ 0.1699 사이의 값으로 나타났다. 지리적 거리와 무관하게 여주 개체군(YJ)과 청주 개체군(CJ)의 유전적 거리가 가장 가깝게(0.0495) 나타났으며, 가평 개체군(GP)의 경우 다른 개체군들과의 유전적 거리가 큰 편으로 나타났다(PT ~ GP: 0.1699; Fig. 3). 다형성 밴드 출현 유무에 따른 주 성분분석(principal component analysis)에서도 가평 개체군(GP)이 다른 개체군들로부터 분화된 형태를 나타냈다(Fig. 4).

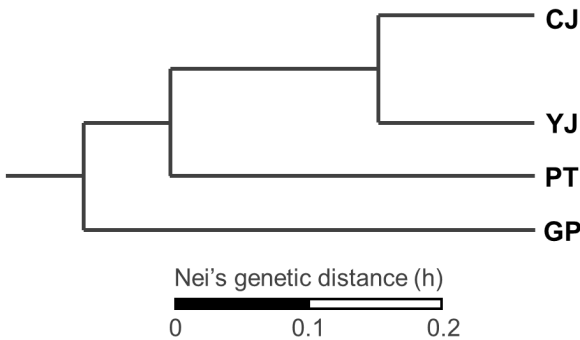


Fig. 3. UPGMA dendrogram based on Nei's genetic diversity among four studied populations. CJ (Cheongju; $n = 13$); GP (Gapyeong; $n = 11$); PT (Pyeongtaek; $n = 16$); YJ (Yeoju; $n = 14$).

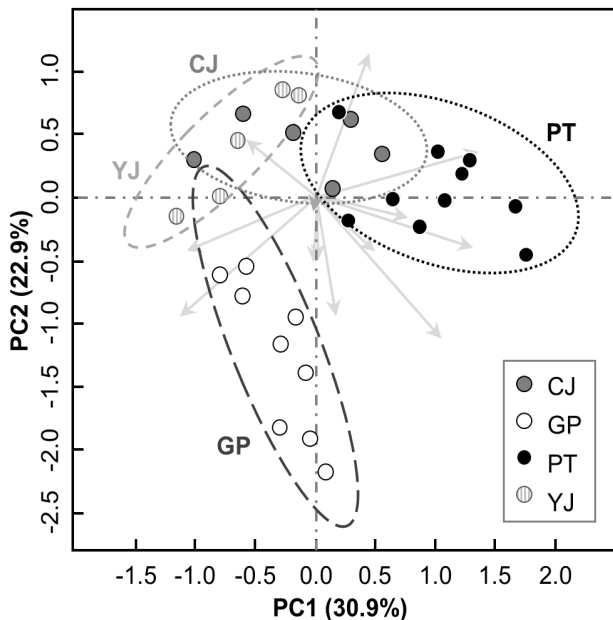


Fig. 4. 2-D plot of principal component analysis (PCA) of 54 *A. contorta* individuals with the presence and absence of 14 polymorphic loci from RAPD. Values in parenthesis indicate the relative eigenvalue of each axis. Dotted ellipses indicate the 95% range of standard deviation of each population. CJ (Cheongju; $n = 13$); GP (Gapyeong; $n = 11$); PT (Pyeongtaek; $n = 16$); YJ (Yeoju; $n = 14$).

3.3 쥐방울덩굴의 유전적 다양성과 서식지 보전에의 시사점

쥐방울덩굴 개체군은 전반적으로 낮은 유전적 다양성을 보였으며, 이는 쥐방울덩굴 개체군 형성 시 초기 정착 이후 유성생식보다 뿌리썩, 무수정종자 등의 무성생식이 주로 이루어진 결과로 간주할 수 있다(Nakonechnaya et al., 2012). 쥐방울덩굴은 적절한 차광과 물리적 지지가 가능한 환경에서 활발한 생육을 보이며 개화 가능하다(Park et al., 2019). 따라서 쥐방울덩굴 개체군의 유성생식 비중을 높이고 개체군 내 유전적 다양성을 증진시키기 위해서는 서식지의 적절한 생육 조건을 유지해야 한다.

가평(GP)에 위치한 개체군에서 개체군 내 유전적 다양성이 가장 높았는데, 해당 서식지에서 쥐방울덩굴 개체군은 초본, 관목, 교목에 고루 지지하여 분포하고 있다(Park et al., 2019). 덩굴성 식물의 경우 지나치게 지름이 큰 지주를 감고 성장하기 어려우며, 적절한 지주의 지름은 같은 종 내에서도 식물체의 연령이나 상태에 따라 달라진다(DeWalt et al., 2000). 초본, 관목, 교목이 혼재한 서식지에서 쥐방울덩굴은 저연령 시기에는 초본 식물을 지지하며, 이후 연령과 줄기 직경이 증가함에 따라 인접한 관목, 교목을 지지하며 안정적으로 정착할 수 있다. 이러한 환경은 종자로부터 발아한 개체들이 정착 가능하도록 하여 개체군의 유전적 다양성을 증진시킬 수 있다. 따라서 개체군의 성공적인 정착을 위해서는 쥐방울덩굴 개체가 성장하며 연령대별로 감을 수 있는 다양한 형태의 지주식물 혹은 인공 구조물이 동반되어야 할 것으로 보인다.

개체군간 유전적 거리는 지리적 거리와 비례하지 않는 것으로 나타났다(Fig. 3). 특히 가평(GP) 개체군의 경우 다른 세 개체군에 비해 유전적으로 분화된 개체군 형태로 나타났으며, 이는 쥐방울덩굴의 좁은 서식 범위에 의한 서식지 파편화와 더불어 높은 무성생식 비중에 의해 개체군 간 유전적 분화가 일어난 결과로 추정된다. 쥐방울덩굴의 낮은 개체군 내 유전적 다양성을 보완하기 위하여 현지 외 보전 시 출처 개체군을 다양하게 혼합하여 조성하는 방법으로 보전 대상 개체군의 유전적 다양성을 확보할 수 있을 것이다(Lesica and Allendorf, 1999). 또한, 유전적 다양성 확보와 더불어 취약종 꼬리명주나비 서식처 복원 관점에서 먹이식물로서의 충분한 양적 성장을 이루기 위해서는 쥐방울덩굴의 현지 내 혹은 현지 외 보전 시 쥐방울덩굴에 적절한 생육 환경을 조사하려는 노력 또한 필요할 것이다(Park et al., 2020).

4. 결론 및 제언

본 연구에서 조사한 국내 쥐방울덩굴 개체군들의 개체군 내 유전적 다양성은 다른 식물종들에 비해 낮은 편으로 나타났다. 이는 쥐방울덩굴 개체군 보전 및 복원 시 고려되어야 할 사항이다. 적절한 성장과 유전적 다양성 증진을 위

해서 다양한 형태와 크기의 물리적 지지가 제공되어야 하며, 적절한 환경이 유지되어야 할 것이다. 또한 지리적 거리와 무관하게 개체군간 유전적 거리가 형성되어 특정 개체군이 분화된 형태를 보이고 있었다. 이로부터 현지 외 보전 시 유전적 다양성 증진을 위하여 유전적 거리를 보이는 여러 개체군으로부터 개체를 혼합 식재 하는 방법을 고려할 수 있다. 현지 외 보전을 통해 성공적으로 정착한 취방울덩굴 개체군은 취약종 꼬리명주나비 개체군 보전에 기여함과 더불어 수변생태계와 육상생태계 사이의 횡적 생태축 연결에 기여할 수 있을 것이다.

사 사

본 연구는 2020년도 정부(과학기술정보통신부)의 재원으로 한국연구재단의 지원을 받아 수행된 연구이다(No. 2018R1A2B2002267).

References

- DeWalt, SJ, Schnitzer, SA and Denslow, JS (2000). Density and diversity of lianas along a chronosequence in a central Panamanian lowland forest, *J. of Tropical Ecology*, 16, pp. 1–9. [DOI: [10.1017/S0266467400001231](https://doi.org/10.1017/S0266467400001231)]
- Gamfeldt, L and Källström, B (2007). Increasing intraspecific diversity increases predictability in population survival in the face of perturbations, *Oikos*, 116(4), pp. 700–705. [DOI: [10.1111/j.0030-1299.2007.15382.x](https://doi.org/10.1111/j.0030-1299.2007.15382.x)]
- Global Biodiversity Information Facility (GBIF) (2020). <http://data.gbif.org/>.
- Hegarty, EE (1989). Canopy dynamics of lianes and trees in subtropical rainforest. *Australian Journal of Ecology*, 14(4), pp. 559–560. [DOI: [10.1111/j.1442-9993.1989.tb01461.x](https://doi.org/10.1111/j.1442-9993.1989.tb01461.x)]
- Lesica, P and Allendorf, FW (1999). Ecological genetics and the restoration of plant communities: mix or match?, *Restoration Ecology*, 7(1), pp. 42–50. [DOI: [10.1046/j.1526-100X.1999.07105.x](https://doi.org/10.1046/j.1526-100X.1999.07105.x)]
- Min, SJ, Kim, H-T and Kim, JG (2012). Assessment of genetic diversity of *Typha angustifolia* in the development of cattail stands, *J. of Ecology and Field Biology*, 35(1), pp. 27–34. [DOI: [10.5141/JEFB.2012.004](https://doi.org/10.5141/JEFB.2012.004)]
- Naiman, RJ, Bechtold, JS, Drake, DC, Latterell, JJ, O'Keefe, TC, Balian and EV (2005). Origins, patterns, and importance of heterogeneity in riparian systems. In *Ecosystem Function in Heterogeneous Landscapes*, GM Lovett, MG Turner and KC Weather (eds.), Springer, New York, NY, pp. 279–309.
- Nakonechnaya, OV, Kholina, AB, Koren, OG and Zhuravlev, YN (2012). Genetic diversity of a rare species *Aristolochia contorta* Bunge (Aristolochiaceae) in Primorsky Krai, *Russian J. of Genetics*, 48(2), pp. 152–162. [DOI: [10.1134/S1022795411120088](https://doi.org/10.1134/S1022795411120088)]
- Nam, BE, Nam, JM and Kim, JG (2016). Effects of habitat differences on the genetic diversity of *Persicaria thunbergii*, *J. of Ecology and Environment*, 40, p. 11. [DOI: [10.1186/s41610-016-0012-1](https://doi.org/10.1186/s41610-016-0012-1)]
- Nei, M (1973). Analysis of gene diversity in subdivided populations, *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 70, pp. 3321–3323. [DOI: [10.1073/pnas.70.12.3321](https://doi.org/10.1073/pnas.70.12.3321)]
- Oksanen J, Blanchet, FG, Kindt, R, Legendre, P, Minchin, PR, O'Hara, RB, Simpson, GL, Solymos, P, Stevens, MHH and Wagner, H (2013). *Package 'vegan'*. [<http://cran.r-project.org/web/packages/vegan/index.html>]
- Park, H and Kim, JG (2020). Temporal and spatial variations of vegetation in a riparian zone of South Korea, *J. of Ecology and Environment*, 44, p. 9. [DOI: [10.1186/s41610-020-00152-z](https://doi.org/10.1186/s41610-020-00152-z)]
- Park, SH, Nam, BE and Kim, JG (2019). Shade and physical support are necessary for conserving the *Aristolochia contorta* population, *Ecological Engineering*, 135, pp. 108–115. [DOI: [10.1016/j.ecoleng.2019.05.019](https://doi.org/10.1016/j.ecoleng.2019.05.019)]
- Park, HJ, Park, H, Son, GY, Nam, BE and Kim, JG (2020). Biotic and abiotic effects on the growth and reproduction of *Aristolochia contorta*, *J. of Wetlands Research*, 22(2), pp. 113–120. [Korean Literature] [DOI: [10.17663/JWR.2020.22.2.113](https://doi.org/10.17663/JWR.2020.22.2.113)]
- R Core Team (2019). *R: A Language and Environment and Statistical Computing*, R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. <https://www.R-project.org>.
- Soykan, CU, Brand, LA, Ries, L, Stromberg, JC, Hass, C, Simmons Jr., DA, Patterson, WJD and Sabo, JL (2012). Multitaxonomic diversity patterns along a desert riparian–upland gradient, *PLoS ONE*, 7(1), p. e28235. [DOI: [10.1371/journal.pone.0028235](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0028235)]
- Vidon, PGF and Hill, AR (2004). Landscape controls on the hydrology of stream riparian zones. *J. of Hydrology*, 292, pp. 210–228. [DOI: [10.1016/j.jhydrol.2004.01.005](https://doi.org/10.1016/j.jhydrol.2004.01.005)]
- Voronkova, NM, Kholina, AB, Koldaeva, MN, Nakonechnaya, OV and Nechaev, VA (2018). Morphophysiological dormancy, germination, and cryopreservation in *Aristolochia contorta* seeds, *Plant Ecology and Evolution*, 151(1), pp. 77–86. [DOI: [10.5091/plevevo.2018.1351](https://doi.org/10.5091/plevevo.2018.1351)]
- Wimp, GM, Young, WP, Woolbright, SA, Martinsen, GD, Keim, P and Whitham, TG (2004). Conserving plant genetic diversity for dependent animal communities, *Ecology Letters*, 7, pp. 776–780. [DOI: [10.1111/j.1461-0248.2004.00635.x](https://doi.org/10.1111/j.1461-0248.2004.00635.x)]
- Williams, JGK, Kubelik, AR, Livak, KJ, Rafalski, JA and Tingey, SV (1990). DNA polymorphisms amplified by arbitrary

- primers are useful as genetic markers, *Nucleic Acids Research*, 18, pp. 6531–6535. [DOI: [10.1093/nar/18.22.6531](https://doi.org/10.1093/nar/18.22.6531)]
- Yeh, FC and Boyle, TJB (1997). Population genetic analysis of codominant and dominant markers and quantitative traits, *Belgian J. of Botany*, 129, pp. 157–163.
- Zhou, J, Chen, X, Cui, Y, Sun, W, Li, Y, Wang, Y, Song, J and Yao, H (2017). Molecular structure and phylogenetic analyses of complete chloroplast genomes of two *Aristolochia* medicinal species, *International J. of Molecular Sciences*, 18, p. 1839. [DOI: [10.3390/ijms18091839](https://doi.org/10.3390/ijms18091839)]