creative commons
COMMONS DEED

저작자표시-비영리-변경금지 2.0 대한민국

이용자는 아래의 조건을 따르는 경우에 한하여 자유롭게

- 이 저작물을 복제, 배포, 전송, 전시, 공연 및 방송할 수 있습니다.

다음과 같은 조건을 따라야 합니다:

저작자표시. 귀하는 원저작자를 표시하여야 합니다.

비영리. 귀하는 이 저작물을 영리 목적으로 이용할 수 없습니다.

변경금지. 귀하는 이 저작물을 개작, 변형 또는 가공할 수 없습니다.

- 귀하는, 이 저작물의 재이용이나 배포의 경우, 이 저작물에 적용된 이용허락조건을 명확하게 나타내어야 합니다.
- 저작권자로부터 별도의 허가를 받으면 이러한 조건들은 적용되지 않습니다.

저작권법에 따른 이용자의 권리는 위의 내용에 의하여 영향을 받지 않습니다.

이것은 이용허락규약(Legal Code)을 이해하기 쉽게 요약한 것입니다.

Disclaimer

dCollection

전남대학교
CHONNAM NATIONAL UNIVERSITY

임학 석사학위논문

제주도 개가시나무(*Quercus gilva*)의 개체목 특성 및 유전적 다양성

전남대학교 대학원

임 학 과

김 고 운

2017년 8월

임학 석사학위논문

제주도 개가시나무(*Quercus gilva*)의 개체목 특성 및 유전적 다양성

전남대학교 대학원
임 학 과

김 고 운

2017년 8월

제주도 개가시나무(*Quercus gilva*)의 개체목 특성 및 유전적 다양성

이 논문을 임학 석사학위 논문으로 제출함

전남대학교 대학원

임 학 과

김 고 운

지도교수 이 계 한

김고운의 임학 석사 학위논문을 인준함

심사위원장 안 기 완 (인)

심 사 위 원 임 형 탁 (인)

심 사 위 원 이 계 한 (인)

2017년 8월

<목 차>

Ⅰ. 서론 ····· 1

Ⅱ. 재료 및 방법 ····· 5

1. 개체목 특성 조사 ····· 5

가. 연구지 개황 ····· 5

나. 개체목 특성 조사 ····· 9

2. 유전적 다양성 연구 ····· 10

가. 시료채집 및 DNA분리 ····· 10

나. ISSR Primer 선정 및 PCR ····· 12

다. 통계분석 ····· 13

Ⅲ. 결과 ····· 15

1. 개체목 특성 ····· 15

2. 유전적 다양성 연구 ····· 18

가. 유전적 다양성 ····· 18

나. 집단의 유전구조 ····· 20

Ⅳ. 고찰 ····· 23

Ⅴ. 결론 ····· 30

참고문헌 ····· 32

Abstract ····· 39

Appendix ····· 41

감사의 글 ····· 60

List of Figures

Figure 1. 7 threats of biodiversity ····· 2

Figure 2. Meteorological data of each station in Jeju island ····· 7

Figure 3. Survey on individual tree characteristics of *Quercus gilva* ····· 9

Figure 4. Locations of five *Quercus gilva* populations in Jeju island ·· 11

Figure 5. Sprout Characteristics of *Quercus gilva* ····· 16

Figure 6. Number of individuals according to the characteristics of *Quercus gilva* in Jeju island ····· 17

Figure 7. Nei's genetic identity (above diagonal) and genetic distance (below diagonal) ····· 21

Figure 8. Dendrogram using the UPGMA method based on Nei's(1978) genetic distance for five populations of *Quercus gilva* ····· 22

Figure 9. The flow chart for conservation of the threatened species ····· 29

List of Tables

Table 1. Distribution of *Quercus gilva* in Jeju island ····· 6
Table 2. Locations of meteorological station ····· 6
Table 3. Vegetation structures of 4 plots in west site in Jeju island (Gueok-ri and Jeoji-ri) ····· 8
Table 4. Locations and characteristics of five *Quercus gilva* populations in Jeju island ····· 11
Table 5. ISSR primers analyzed for *Quercus gilva* and the sequences and annealing temperatures for PCR ····· 12
Table 6. General design for hierarchical analysis of molecular variance ····· 14
Table 7. Tree Characteristics of *Quercus gilva* in Jeju island 16
Table 8. Genetic variability at 72 ISSR loci in five populations of *Quercus gilva* ····· 19
Table 9. Analysis of molecular variance(AMOVA) at the ISSR in five populations of *Quercus gilva* ····· 20
Table 10. Comparison value with *Quercus* species of the subgenus *Cyclobalanopsis* using RAPD marker ····· 25

제주도 개가시나무(*Quercus gilva*)의 개체목 특성 및 유전적 다양성

김 고 운

전남대학교대학원 임학과

(지도교수 : 이계한)

(국문초록)

본 연구는 제주도에 자생하고 있는 개가시나무(*Quercus gilva* Blume)에 대한 개체목 특성 조사 및 유전적 다양성을 분석하여 보존전략을 수립하기 위한 기초데이터 마련을 목적으로 하였다. 2011년 1월부터 12월까지 12개월 간 제주도 내 개가시나무의 개체목 특성을 조사한 결과 개가시나무의 평균 수고는 12.6±2.7m였으며, 평균 흉고직경은 18.8±8.0cm, 평균 근원직경은 66.5±18.2cm로 관찰되었다. 대부분의 개가시나무는 지상부에서 3~5개로 분지되는 특징을 보였는데, 평균 맹아주 수는 3.4±1.5개였다. 전체지역에서 맹아주의 형태가 아닌 단독 분지형태를 띄는 개체는 4개체로 조사되었으며, 최대 8개로 분지되는 개체도 발견되었다. 2014년 1월부터 2015년 8월까지 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 분석에서 전체 유전변이의 17%가 집단 간 차이, 83%는 집단 내 개체 간에 존재하는 것으로 분석되었으며, F_{st}는 0.169로 큰 유전적 차이를 보여 제주도 개가시나무 개체군 사이에 어느 정도 유의미한 분화가

일어난 것으로 나타났다. 또한 유전적 거리를 분석하였을 때 5개의 집단 중 지리적으로 가장 가까운 저지리-구억리 집단이 유전적으로 가장 가까운 거리를 나타냈으나, 지리적으로 가장 거리가 먼 저지리-하례리 집단보다 하례리-화순리 집단이 유전적으로 가장 먼 것으로 나타나 유전적 거리와 지리적 거리가 일치하지 않는 양상을 보였다. 이와 같은 연구결과를 바탕으로 개가시나무 서식지의 산림유전자원 보호구역 지정 및 지속적인 모니터링, 생육환경의 개선을 통한 치수의 생장력 강화, 현지 외 유전자원 보전 및 현지 외 개체군과의 환경적·유전적 차이 비교를 통한 보전방안을 마련해야할 필요성이 있다.

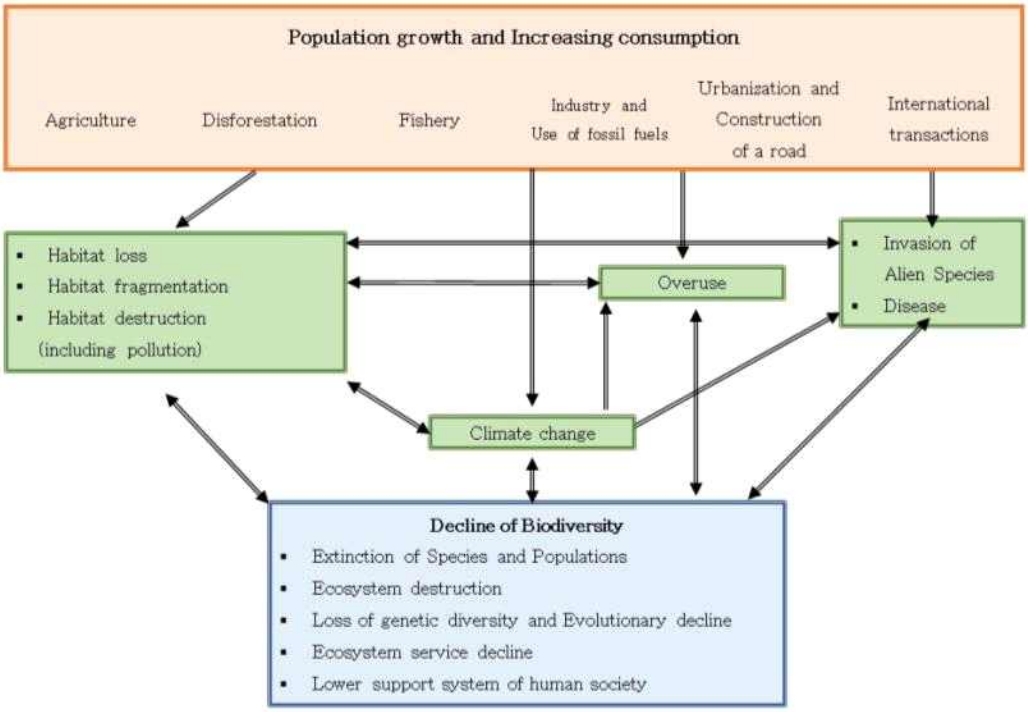
Ⅰ. 서론

건강한 환경 유지는 생태계, 군집, 종, 개체군 그리고 유전적 다양성 같은 다양한 구성요소들을 건강한 상태로 보존하는 것이다. 전 세계에는 약 150만종의 생물들이 분포하고 있는 것으로 알려져 있으며, 이처럼 다양한 생물은 인간이 지구상에 나타나기 훨씬 전부터 지구상에서 생성과 절멸을 끊임없이 반복하며 진화해왔다. 이러한 생물들의 역사는 오랜 시간에 걸쳐 자연의 질서에 따라 진행된 것으로 자연 스스로 완충능력을 보이면서 지구상의 생물다양성을 유지하여 온 것으로 알려져 있다(Richard B. *et al.*, 2014).

지난 150년 간 인구는 폭발적으로 증가해왔고, 인구증가에 의한 자연자원의 이용 증가와 농업지역, 도시, 주거지역, 산업단지 등 자연서식지를 인간의 필요에 맞게 개발함으로 인해 생물다양성의 위협 또한 증가되고 있다(Caro *et al.*, 2012). 급속한 인구증가와 경제발전은 환경의 질적인 쇠퇴와 생물종의 유실로 이어지며, 이로 인한 생태계 파괴와 생물자원의 고갈이 급속해지고 있어 생물자원의 탐색 및 이를 보전·육성하는 것이 세계적인 과제로 부상하고 있다. 생물다양성을 위협하는 데에는 크게 7가지의 원인(서식지 파괴, 파편화, 오염을 포함한 서식지 쇠퇴, 기후변화, 인간에 의한 남용, 외래종 침입, 질병의 확산)이 있는데(Figure 1), 대부분의 위협종은 최소한 2개 이상의 위협에 노출되어 멸종이 가속화 되고 있다. 이러한 원인으로 인하여 환경파괴는 지구 생태계의 생명부양 기능과 작용에 영향을 주고, 그 결과로 여러 생물들이 멸종위기에 처해 있는 등 인간간섭에 의한 멸종이 자연멸종의 4만 배에 달하는 수치를 보인다(MEA, 2005; Forister *et al.* 2010).

1972년 국제환경회의 이후 각종 생물의 멸종방지를 위한 노력들이 이어지고 있는데, 1993년 생물다양성협약(CBC)이 발효된 이후 생물자원의 주권적 권리에 대한 인식이 늘어나고 자국의 생물자원 가치에 대한 중요성이 높아지고 있으며, 우리나라에서도 1994년 생물다양성 협약에 가입한 이후 1998년 개정된 자연환경보전법은 종래의 '특정야생동식물'체계에서 '멸종위기 및 보호야생동식물'체계로 전환하였다. 여러 학자 및 전문가들에 의해 6종류의 보호야생식물 등 총 58종류가 지정되었으며, 2005년도에 다시 야생동식물보호법으로 개정됨에 따라 멸종위기야생

생물 중 육상식물에 대해 Ⅰ급 8종, Ⅱ급 56종류를 지정하였다(환경부, 2006).



<Figure 1> 7 threats of biodiversity.

* Data Source: A prime of conservation biology, 2014; Groom *et al.*, 2006

여러 가지 위협들이 가중되고 복합적으로 나타남으로 인해 생물종은 다양한 위험요인에 직면하고 있으며, 그 중 가장 빈번한 위협으로는 서식지 파괴 및 쇠퇴, 외래종의 유입, 남획 등이 있다(Richard B. *et al.*, 2014). 생물다양성의 위협이 명확하게 이해된다면 생물다양성 보호 및 회복활동의 가능성이 증가할 수 있다.

효율적인 보전방안을 수립하기 위하여 각 생물 종들이 가진 환경, 분포, 생물 간의 상호작용, 형태, 생리, 개체군통계, 행동, 유전, 인간과의 상호작용이라는 9가지 특정한 핵심 사실들이 우선적으로 고려되어야 한다(서민환, 2001; Richard B. *et al.*, 2014).

특히, 유전다양성은 변화하는 환경에 대한 적응력과 질병에 대한 저항력과 크게 직결된다(Laikre *et al.* 2010, Richard B. *et al.*, 2014). 생물은 저마다 다양한 생식활동을 통해 유전다양성을 유지하며, 유성생식을 통해 번식하는 종들의 경우 무작위적인 유전자들의 재조합이 이루어져 무성생식을 통해 번식하는 종들에 비해

큰 유전변이의 폭을 갖기 때문에 환경변화에 적응할 가능성이 높아진다.

한편, 많은 희귀종은 널리 분포하는 종보다 유전적 변이가 적고, 환경 조건이 변화할 때 적응력이 낮으며, 이는 희귀종의 멸종 가능성을 높인다(Frankham *et al.* 2009). 특히 섬과 같이 제한적으로 분포하거나 집단 크기가 작은 종은 개체군이 큰 종들에 비해 유전적 다양성이 손실되기 쉽고, 이로 인해 환경변화에 따른 적응 및 진화능력이 감소되어, 절멸 위험의 가능성은 커지게 된다. 또한 창시자효과 및 강제 집단 병목현상의 가능성이 커지게 된다(Karron, 1991; Waller *et al.*, 1987). 따라서 서식지 복원과 보전을 위한 전략을 세우는데 있어 개체군의 공간 패턴에 대한 이해와 유전적 다양성에 대한 정보는 개체군의 진화잠재력이 저하되는 것을 예방하는데 중요한 역할을 한다(Millar and Libby, 1991).

산림 수종의 유전적 변이에 대한 연구는 지난 20년에 걸쳐 분자마커, 특히 동질효소를 이용하여 개발되어져 왔으며 allozyme과 DNA마커에 대한 오랜 연구에 의해 산림 수종에서의 유전적다양성에 대한 몇몇 일반적인 패턴들이 나타나기 시작했다(Hamrick *et al.*, 1979; Hamrick and Godt, 1989; Hamrick *et al.,* 1992; Nybom and Bartish, 2000). 그 중 내부 단순 반복 염기서열(Inter simple sequence repeats, ISSR)마커는 genome상의 DNA를 무작위로 증폭시키기 때문에 특정부위의 DNA 염기서열이 필요하지 않는 다는 점은 RAPD(Random amplificon of polymorphic DNA) 표지자와 공통점이지만, 재현성이 낮은 RAPD 표지자에 비해 PCR 수행 시 primer와 주형 DNA간의 결합조건을 훨씬 복잡하게 만들어 줌으로써 오류가 적어 그 재현성이 높다는 장점이 있다(김용률 등, 2005; 윤성일, 2008; 최고은, 2013). 또한 유전변이를 정밀하게 분석할 수 있으나 고비용이 소요되는 AFLP(Amplified fragment length polymorphism) 표지자, 특정부위의 DNA염기서열을 이용하는 점으로 인해 밴드의 재현성은 높지만, 이를 위한 마커 개발을 위한 시간과 비용이 많이 드는 SSR(Simple sequence repeats) 표지자에 비하여 저비용으로 다양한 식물 종에서 적용이 가능하여 최근 식물의 유전연구에서 일반적인 방법으로 이용되고 있다(Barth *et al.*, 2002; Esayas *et al.*, 2005; 김은혜, 2011).

본 연구의 재료가 되는 개가시나무(*Quercus gilva* Blume.)는 참나무과(Fagaceae) 참나무속(*Quercus*)에 속하는 상록성 교목으로 수고는 20~30m, 직경

은 1.5～2m까지 자란다. 흑갈색의 수피가 다소 조각으로 벗겨지고, 잎은 도란형 또는 도피침형으로 잎의 뒷면에 황갈색 성모가 밀생하는 것이 특징이며, 가시나무류 중에서도 가장 수명이 길고 거목인 것으로 알려져 있다(이창복, 2003; 신현철 외, 2006).

일본과 중국, 타이완과 한국의 남부도서지역에 주로 분포하고, 이전부터 가구재, 기계재, 신탄재 등의 목재자원으로 이용되어 왔으며, 일본에서는 이미 조경수로 각광받고 있을 뿐만 아니라 가지에 catechin, tyrosol과 같은 항산화성분을 함유하고 있어 천연 항산화제로의 개발 가능성도 있다(문미연, 2010). 또한 우리나라의 우점종인 소나무, 은행나무, 난대림의 우점종인 종가시나무 보다 지구온난화 조건에서 지상부 생장이 유리하여, 지구온난화에서 생장이 유리하다는 연구결과가 발표된 바 있다(장래하 외, 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.

국내 개가시나무 개체의 대부분은 제주도 일부 저지대 상록활엽수림을 중심으로 자생하고 있는데, 그 중에서도 특히 서남부지역인 한경면과 안덕면 일대의 상록활엽수림에 집중 분포한다(김철수, 2007; 김찬수, 2007). 환경부가 지정한 식물구계학적 특정식물의 V등급(생태적 환경 등의 이유로 고립하거나 불연속적으로 분포하는 분류군)에 해당하며, 대규모 개발에 의한 서식지 파괴 등의 위협요인으로 개체수가 크게 감소될 것으로 우려되어 멸종위기야생식물 Ⅱ급으로 지정되어있다(환경부, 2012).

국내 뿐만 아니라 일본의 여러 지역에서도 생육지 파괴 등으로 인하여 집단 크기가 감소하였으며, 2004년 Kagawa현 등에서 멸종위기종으로 보고되기도 하였다(Momohara, 1997; Sugiura *et al.*, 2015).

이에 따라 개가시나무에 대한 분포 및 동태에 대한 연구(현화자 외, 2014)와 생태 및 유전적 특성을 고려한 보전전략에 대한 연구(서민환 외, 2001)가 이루어졌다. 그러나 분포와 생태에 대한 연구에 비해 유전적 다양성에 관한 연구는 한경면 일대에 한정되어 부분적으로 이루어져있다. 따라서 본 연구는 제주도에 자생하고 있는 개가시나무에 대한 서식지환경을 조사하고 유전적 다양성을 분석하여 향후 보전전략을 수립하기 위한 기초데이터 마련을 목적으로 하였다.

Ⅱ. 재료 및 방법

1. 개체목 특성 조사

가. 연구지 개황

개체목 특성 조사는 2011년 1월부터 12월까지 12개월에 거쳐 시행되었다. 국내 개가시나무의 최대 자생지인 제주도 내의 분포를 현지 관계자에게 탐문조사를 실시하여 파악하고 조사목의 경우 GPS(Garmain 600s)를 이용하여 위치와 해발고를 측정하였다. 그 결과, 제주도 내 개가시나무는 고도 103~323m 범위의 서부지역(구억리, 저지리, 청수리), 남서부지역(화순리), 남부지역(하례리), 북동부지역(선흘리)에 분포하고 있으며, 대부분의 개체가 서부지역(구억리, 저지리)에 집단으로 분포하고 있었다(Table 1).

기상자료는 기상청 관측소(제주기상청, 고산기상대, 서귀포기상대)의 자료를 이용하였으며 해당 관측소의 위치는 Table 2.과 같다. 제주기상청과 서귀포기상대의 기상자료는 30년(1982~2011년), 고산기상대의 기상자료는 20년(1992~2011년)의 자료를 이용하였다. 제주기상청의 경우 연평균기온 14.7~17.0℃, 연간총강수량 873~2,526mm, 최저기온은 -4.5~0.8℃였고, 서귀포시 관측소는 연평균기온 15.6~17.8℃, 연간총강수량 1,146~3,244mm, 최저기온 -4.2~1.2℃로 나타나 서귀포시가 제주시보다 연평균 0.9℃ 높고, 강수량은 440mm, 최저기온은 0.3℃정도 더 높은 것으로 관측되었다. 개가시나무가 집단을 이루고 있는 한경면에 가까운 고산기상대의 경우 연평균기온은 14.9~16.3℃, 연간총강수량 828~1,875mm, 최저기온은 -4.5~0.9℃로 관측되었다(Figure 2).

주요 자생지역인 구억리와 저지리의 조사구에 출현한 식물은 총 23과 30속 3변종 1품종 30종 34분류군이며 주요 식생으로는 교목층에 생달나무, 종가시나무 등이 아교목층에는 종가시나무, 팽나무, 아왜나무가 관목층에는 생달나무, 육박나무, 쥐똥나무 등이 초본층에는 곰비늘고사리, 가는쇠고사리 등이 있었으며 특히, 나무

의 수간을 덩굴류가 덮고 있는 특징이 있었다(Table 3, Appendix 1).

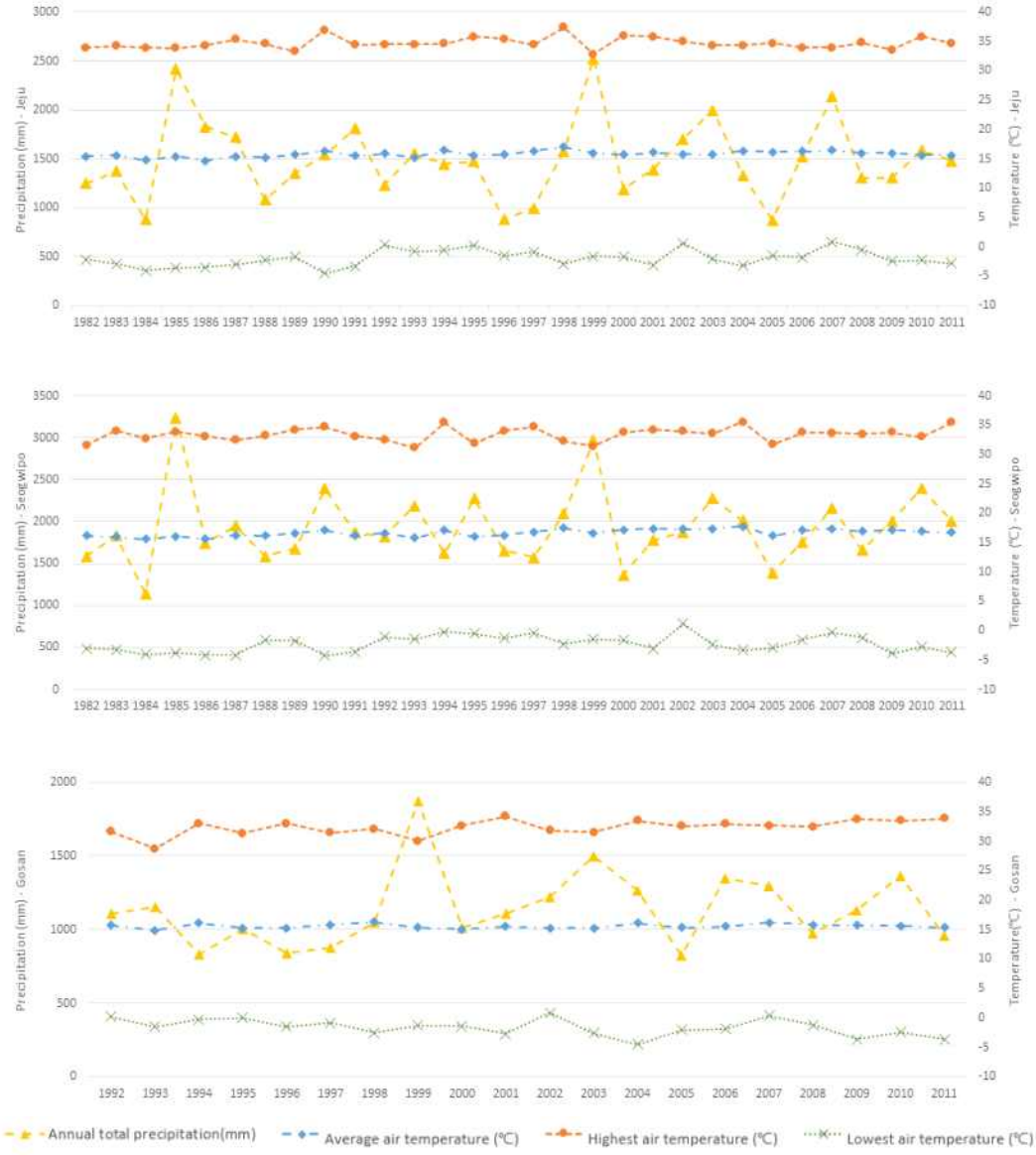
<Table 1> Distribution of *Quercus gilva* in Jeju island.

Population	Latitude	Longitude	Direction	Altitude (m)	Area (㎡)
Jeoji-ri	126°16'49.41"	33°18'40.50"	W	135 - 154	533,559
Cheongsu-ri	126°16'37.13"	33°18'8.87"	W	115 - 127	105,075
Gueok-ri	126°17'3.12"	33°17'49.71"	W	127 - 140	282,681
Seonheul-ri	126°43′23.87″	33°30′39.10″	NE	103 - 149	398,213
Harye-ri	126°35'52.58"	33°19'15.17"	S	218 - 326	394,614
Hwasun-ri	126°19'50.90"	33°15'53.38"	SW	120 - 127	19,031

<Table 2> Locations of meteorological station.

Station	Lat.(N)	Long.(E)	H (m)	ht (m)	ha (m)	hr (m)
Jeju	33°30'	126°31'	19.9	1.8	12.3	0.5
Gosan	33°17'	126°09'	70.9	1.8	10	0.5
Seogwipo	33°14'	126°33'	50.4	1.8	10	1.5

H: Height of observation field above mean sea level, ht: Height of thermometer above the ground, ha: Height of anemometer above the ground, hr: Height of raingauge above the ground.



<Figure 2> Meteorological data of each station in Jeju island.

* The highest and lowest temperature data mean limiting value in a day.
* Data Source: www.kma.go.kr

<Table 3> Vegetation structures of 4 plots in west site in Jeju island (Gueok-ri and Jeoji-ri).

Plot No.		1	2	3	4
Tree layer	Mean height(m)	7.5	9.5	8.5	8.8
	Mean DBH(cm)	11.3	14.7	12.7	14.5
	Cover rate(%)	80	70	80	70
	No. of species	6	4	5	3
	dominant species	*Quercus glauca*	*Quercus glauca*	*Quercus gilva*	*Quercus gilva*
Subtree layer	Mean height(m)	3.7	4.3	4.9	5
	Mean DBH(cm)	4.7	4.1	5	5.3
	Cover rate(%)	20	10	10	10
	No. of species	2	3	2	1
	dominant species	*Quercus glauca*	*Quercus glauca*	*Quercus glauca*	*Quercus glauca*
Shrub layer	Cover rate(%)	10	10	30	15
	No. of species	5	3	7	4
	dominant species	*Actinodaphne lancifolia*	*Neolitsea sericea*	*Cinnamomum yabunikkei*	*Cinnamomum yabunikkei*
Herbaceous layer	Cover rate(%)	80	40	40	30
	No. of species	12	18	13	15
	dominant species	*Dryopteris uniformis*	*Dryopteris uniformis*	*Dryopteris uniformis*	*Dryopteris uniformis*

나. 개체목 특성 조사

각 개체목의 특성을 파악하기 위하여 수고, 근원경, 맹아 수, 맹아주의 형태, 맹아주 흉고직경 등을 측정하여 각 지역별 개체목 특성을 파악하였다(Figure 3).

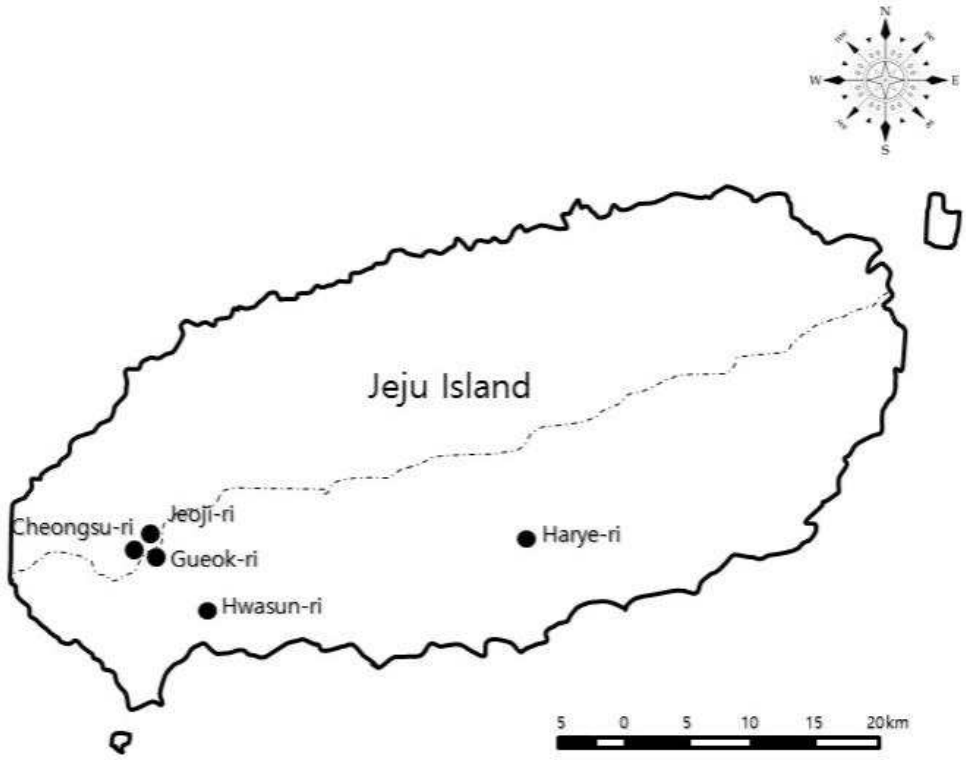
<Figure 3> Survey on individual tree characteristics of *Quercus gilva*.

2. 유전적 다양성 연구

가. 시료 채집 및 DNA 분리

생태적 특성 조사지 중 3개체 이상이 존재하는 조사지를 1.5km 이상의 지리적 거리를 기준으로 총 5개 집단(구억리, 저지리, 청수리, 하례리, 화순리)으로 구분하고, 총 80개체의 성목에서 유전적 다양성을 분석하기 위해 소량의 잎을 채집하였다(Figure 4, Table 4).

채집된 시료의 DNA를 분리하기 위하여 시료의 소량과 액체질소를 막자사발에 넣고 곱게 갈아 준 후, CTAB buffer 800㎕와 mercapto 100㎕를 첨가하고 1.5㎖ 튜브에 옮겨 60℃에서 1시간 중탕 처리하였다. 그 후 chloroform:isoamyl alcohol(24:1) 500㎕를 혼합하여 원심분리(14,600rpm, 3분)하였다. 상등액 400㎕를 1.5㎖튜브에 옮겨 담아 isopropanol 400㎕를 혼합하여 -20℃에서 침전 처리한 후 원심분리(14,600rpm, 10분)시키고 상등액을 제거하여 얻어진 DNA pellet을 10분간 건조시켰다. 이를 Distilled water 100㎕에 녹이고 sodium acetate(pH 4.8)10㎕와 95% EtOH 250㎕를 첨가하여 혼합 후 다시 원심분리(10,000rpm, 5분)하였다. 상등액을 제거하고 DNA pellet을 70% Ethanol로 세척시켜 상등액을 제거 한 후 1시간 동안 건조시켰다. 이와 같은 과정을 통해 얻어낸 DNA는 1xTE buffer 100㎕에 녹여 실험에 사용하기 전까지 -20℃에서 냉동보관 하였다.



<Figure 4> Locations of five *Quercus gilva* populations in Jeju island.

<Table 4> Locations and characteristics of five *Quercus gilva* populations in Jeju island.

Population	Latitude	Longitude	Altitude (m)	Area (㎡)	Sample size*
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

*Sample size = number of individuals

나. ISSR Primer 선정 및 PCR

총 72개의 primer(UBC biotechnology laboratory primers, University of British Columbia)를 사용하여 예비실험을 실시한 결과 재현성이 높은 6개의 primer를 선정하여 실험에 사용하였다(Table 5). PCR 증폭반응은 template DNA 10ng, 0.1mM dNTPs, 1X PCR Buffer, 0.6μM primer, 0.0025% BSA, 0.6 unit Taq DNA polymerase에 총 15volume이 되도록 증류수를 첨가한 반응액을 94℃에서 1분 30초간 전처리 단계를 거친 후 94℃에서 40초, 50℃에서 45초, 72℃에서 1분 30초의 과정을 35회 반복하여 72℃에서 5분 간 최종 증폭시켰다. PCR을 통한 증폭 산물은 1.5%로 제조한 agarose gel에 주입한 후 1xTBE buffer(89mM Tris base + 89mM Boric acid + 2mM EDTA pH8.0)가 들어있는 전기영동 kit 안에서 전압 160V로 고정하여 2시간 30분 간 전기영동 시켰다.

이 후 gel을 ethidium bromide 용액에 20분간 정색하여 UV trans-illuminator 상에서 촬영하였다. 발현 된 증폭 산물은 GeneRuler™100bp Plus DNA Ladder(Thermo Scientific™, USA)를 기준으로 특정 base pair(3,000bp~100bp)에서 발현된 밴드의 유무를 판정해 data matrix를 작성하였다.

<Table 5> ISSR primers analyzed for *Quercus gilva* and the sequences and annealing temperatures for PCR.

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

다. 자료분석

UV trans-illuminator에서 촬영한 사진 자료를 기반으로 gel의 일정한 위치에 재현성이 높게 나타나는 ISSR band의 유/무에 따라 1과 0으로 자료를 정리하여 유전분석을 시행하였다.

POPGENE ver. 1.31 program(Yeh *et al.*, 1999)을 이용하여 다형적 유전자좌의 비율(*P*), 유효 대립유전자의 수(effective number of alleles, A_e), Shannon's information index(*S.I.*; Shannon and Weaver, 1949), Nei의 유전자 다양성(*h*; Nei, 1973) 등을 다음과 같이 계산하였으며 계산식은 다음과 같다.

- $P = n_{pj}/n_{total}$
  (n_{pj} : 다형적 유전자좌의 수, n_{total} = 조사된 전체 유전자좌의 수)

- $A_e = 1/\sum p_i^2$
  (p_i : 한 유전자좌에서 i번째 대립유전자의 빈도)

- $h = 1-\sum p_i^2$

- $S.I. = -\sum p_i ln p_i$
  (ln : 자연로그)

Nei의 유전적 거리(Nei, 1978)를 토대로 PHYLIP ver. 3.5(Felsenstein, 1993)의 NEIGHBOR 프로그램을 통해 UMPGA(Sneath and sokal, 1973)으로 유집한 후 Dendrogram으로 나타내었다. 또한 Arlequin 3.1(Excoffier and Schneider, 2005)를 이용하여 유전변이의 분화정도를 알아보기 위한 AMOVA(analysis of molecular variance)분석을 수행하였다(Table 6).

<Table 6> General design for hierarchical analysis of molecular variance.

Source of variation	Degrees of freedom(d.f.)	Sum of squares (SSD)	Expected mean squares
Among Populations	$P - 1$	SSD(AP)	$n\sigma^2_a + \sigma^2_b$
Within Populations	$N - P$	SSD(WP)	σ^2_b
Total	$N - 1$	SSD(T)	σ^2_T

P : Total number of populations, N : Total number of individuals for genotypic data or total nubmer of gene copies for haplotypic data, SSD(AP): Sum of squared deviations among populations, SSD(WP): Sum of squared deviations within populations, SSD(T): Total sum of squared deviations.

Ⅲ. 결과

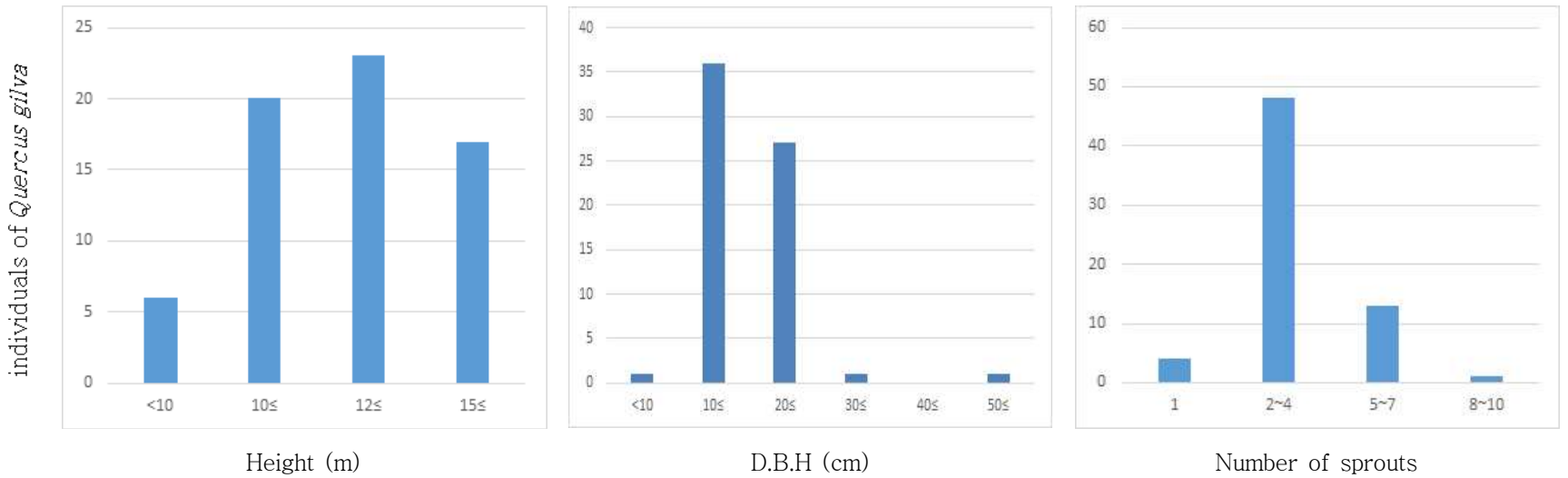
1. 개체목 특성

제주도에 자생하는 개가시나무 66개체를 대상으로 형질을 분석한 결과, 수고 범위 8.5~17.0m, 평균수고는 12.6±2.7m 였으며, 흉고직경 범위는 3.2~50.0cm, 평균 흉고직경은 18.8±8.0cm였다. 근원직경은 29.5~104.0cm 범위로 나타났으며, 평균 근원직경은 66.5±18.2cm로 조사되었다. 또한 대부분의 개가시나무는 맹아주 형태로 자라고 있는데 평균 3.4±1.5개로, 붉가시나무의 경우 흉고부위에서 분지가 되는 반면 개가시나무의 경우 지상부에서 3~5개로 분지하며 최대로 8개로 분지하는 경우도 있었다(Figure 5). 맹아주의 특징을 보면 일시적으로 형성된 맹아가 아닌 순차적으로 발생된 맹아의 형태를 보여주었다. 저지리, 구억리, 청수리의 경우 지리적으로 3km반경 내에서 자생하고 있지만 분지특성으로 청수리의 경우 대부분이 5개 내외 분지를 하는 반면 구억리와 저지리의 경우 3개 내외의 분지형태를 보이고 있다. 또한 제주도 전체지역에서 맹아주가 아닌 단독 분지형태를 띠는 개체목은 4개체만 본 조사에서 발견되었으며, 구억리에 3개체, 선흘리에 1개체가 조사되었다(Table 7, Figure 6). 가장 많은 분지수를 보인 개체는 구억리의 개체로 8개로 분지되는 것으로 나타났다(Appendix 2).

<Figure 5> Characteristic of sprouts of *Quercus gilva*

<Table 7> Tree Characteristics of *Quercus gilva* in Jeju island.

	Height(m)	D.B.H.(cm)	Root diameter(cm)	Number of sprouts
Max.	17.0	50.0	104.0	8
Mean.	12.6 ± 2.7	18.8 ± 8.0	66.5 ± 18.2	3.4 ± 1.5
Min.	8.5	3.2	29.5	1



<Figure 6> The number of individuals according to the characteristics of *Quercus gilva* in Jeju island.

2. 유전적 다양성 연구

가. 유전적 다양성

6개 primer를 이용하여 얻어진 증폭산물 중 재현이 뚜렷한 72개의 증폭산물을 분석 대상으로 하여 분석한 결과 전 개체에서 모두 관찰된 5개의 산물을 제외한 67개의 유전자좌가 다형성이 있는 것으로 나타났다.

종 수준에서 개가시나무의 다형적 유전자좌의 비율(P)은 약93%로 나타났으며, 각 집단에서 계산된 평균은 약 48%로 나타났다. 5개 집단의 전체 유전자좌당 평균 대립유전자수(A)와 유효대립유전자수(A_e)는 각각 1.93, 1.39의 값이 나타났으며, 각 집단별로 비교하였을 때 구억리 집단이 가장 높았고(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 나타났으며, 집단 수준에서의 평균은 각각 0.237, 0.156으로 나타났다. 집단별로는 구억리($S.I.$=0.364, h=0.234)와 저지리($S.I.$=0.333, h=0.215)집단이 다른 집단에 비해 비교적 높은 값을 나타내었다(Table 8).

<Table 8> Genetic variability at 72 ISSR loci in five populations of *Quercus gilva*.

Population	*N*	*P*	*A*	A_e	*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	19.00	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 polymerphic loci, *A*: number of alleles per locus, A_e: effective number of alleles per locus, *h*: Nei's diversity(Nei, 1973), *S.I.*: Shannon's information index(Shannon and Weaver, 1949)

나. 집단의 유전구조

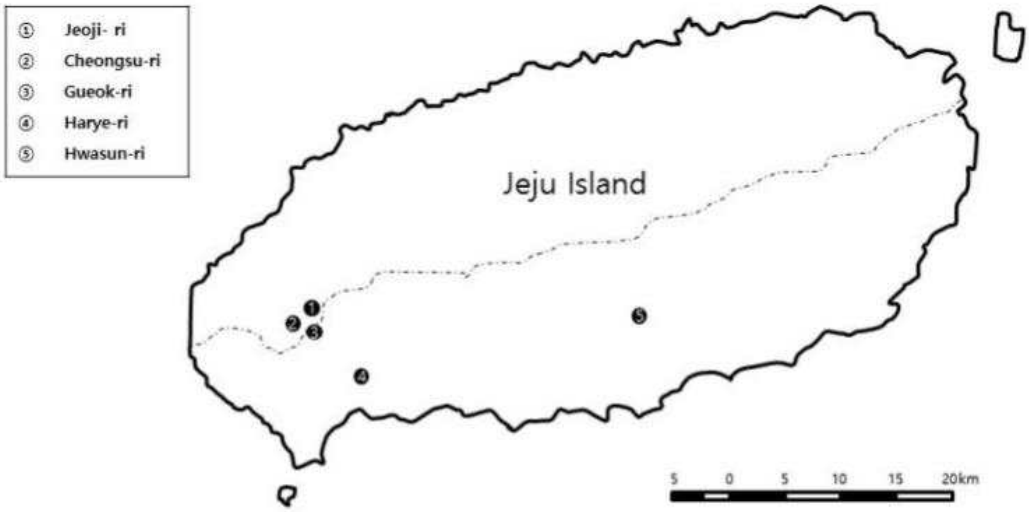
조사된 5개 집단에 대한 AMOVA 분석 결과 전체 유전변이의 약 17%가 집단 간 차이에 기인하고 나머지 83%는 집단 내 개체 간에 존재하는 것으로 산출되었으며, 집단 간 내분화 정도를 의미하는 F_{st}값은 0.169로 나타났다(Table 9).

한편, 하례리 - 화순리 집단의 유전적 거리는 0.3036로 가장 높은 값을 보였으며, 저지리 - 구억리 집단은 0.0337로 가장 낮은 값을 나타내어 유전적 거리가 가장 가까운 것으로 나타났다(Figure 7).

집단 간 유전적 거리를 기초로 UMPGA법에 의한 유집분석을 실시한 결과는 Figure 8.과 같으며 지리적 거리가 다른 집단에 비해 먼 하례리 집단보다 화순리 집단의 유전적 거리가 가장 먼 값을 보여 지리적 거리와 유전적 거리의 상관성은 보이지 않았다.

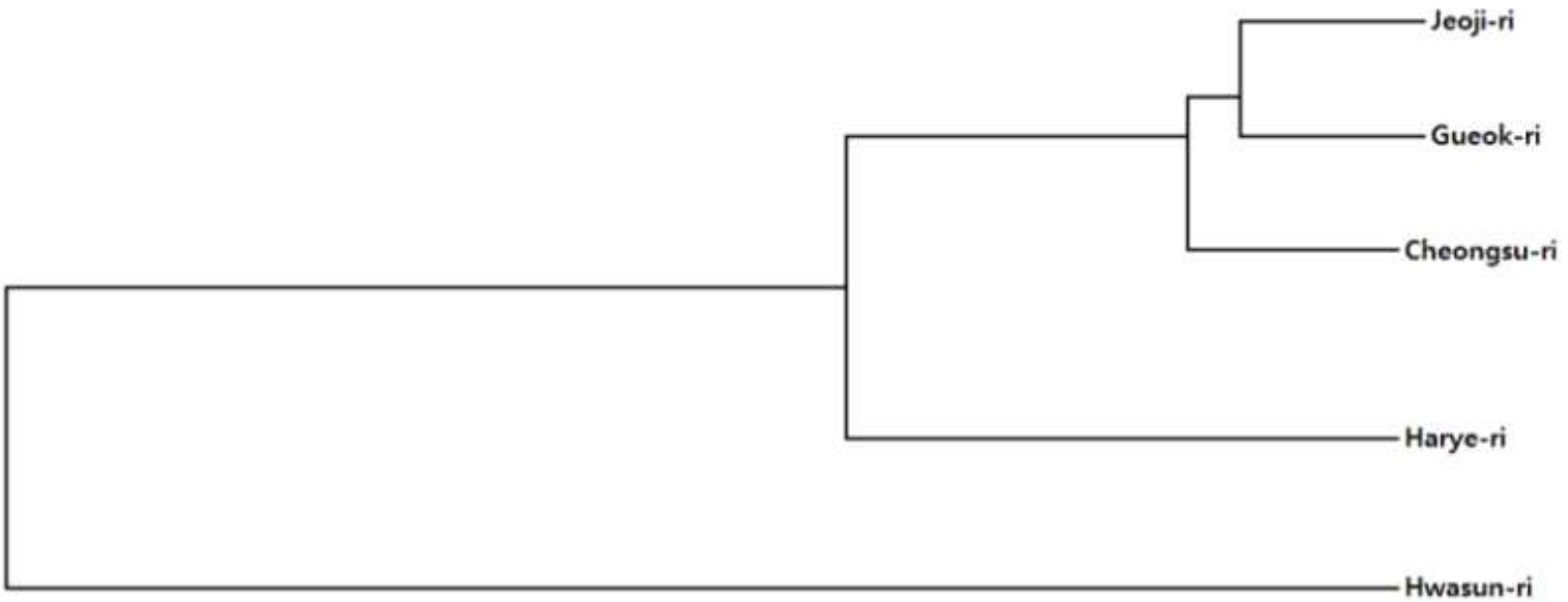
<Table 9> Analysis of molecular variance(AMOVA) at the ISSR in five populations of *Quercus gilva*.

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	



	Jeoji-ri	Cheongsu-ri	Gueok-ri	Harye-ri	Hwasun-ri
1	****	0.9651	0.9669	0.8834	0.7879
2	0.0356	****	0.9562	0.9021	0.7984
3	0.0337	0.0448	****	0.9259	0.7945
4	0.1239	0.1031	0.077	****	0.7382
5	0.2384	0.2252	0.23	0.3036	****

<Figure 7> Nei's genetic identity (above diagonal) and genetic distance (below diagonal).



<Figure 8> Dendrogram using the UPGMA method based on Nei's(1978) genetic distance for five populations of *Quercus gilva*.

Ⅳ. 고찰

1. 개체목 특성

본 연구의 결과 개가시나무 개체목의 가장 특징적인 부분은 대부분의 개체가 지상부에서 3~8개의 맹아지로 분지되며, 이는 연차에 의해 순차적으로 발생된 것으로 보이는 것이었다. 참나무속 수종들은 종자, 맹아주 등 유성번식과 무성번식 두 가지 방법을 모두 이용하여 번식하는 수종이며(Paysen *et al.*, 1991), 특히 난대상록활엽수림 내에서 산불이나 벌채 등의 교란이 나타나면 수목은 종자를 비롯하여 맹아에 의한 갱신이 활발한 것으로 알려져 있다(Conard, 1987; Paysen and Narog, 1993; 서민환, 2001). 1960년대 이전까지 개가시나무를 비롯한 참나무속의 식물들은 숯을 만드는 재료로서 인간에 의해 많이 사용되었으며, 이러한 지속적인 벌목으로 인하여 자생지 내 교란이 일어난 후 2차림으로 갱신되었을 것으로 보인다(정광중 외, 2013). 참나무과 수종의 경우 광도가 낮아지면 엽록소 함량도 낮아져 수목의 생장에 지대한 영향을 미치는 것으로 알려져 있다(권기원, 2003). 특히 개가시나무의 경우 치수가 발생한 임지에서 수광량을 좋게 해주어야 성장이 촉진되는 특성이 있다(신현철, 2006). 상록활엽수림과 같이 수관이 발달한 숲에서는 광도가 낮아 하층부에 발생한 유묘가 생장이 어려웠을 것이라 판단되며 이에 맹아를 통한 번식이 이루어졌을 것으로 사료된다.

2. 유전적 다양성

가. 유전적 다양성

최고은 등(2015)은 댕댕이나무가 적은 개체수로 고산지역에 제한된 분포화, 난대성 식생대의 확장으로 인한 생육범위의 협소화, 개체 수에 따른 유전 변이량을 근거로 적은 개체수가 낮은 유전다양성에 영향을 미친다고 판단하였으며, 이석우 등(2002)과 김상용 등(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 구억리, 저지리 집단과 비교하여 낮은 유전적 다양성을 보이고, 그 중에서도 특히 협소한 지역에 개체가 모여있는 화순리 집단의 유전다양성이 가장 낮은 것으로 보아 적은 개체 수와 협소한 분포조건이 낮은 유전 다양성에 영향을 미치는 것으로 생각된다.

최태봉(2001)과 서민환 등(2001)이 발표한 RAPD marker로 분석한 참나무과 가시나무류에 속하는 수종(붉가시나무, 종가시나무, 참가시나무, 개가시나무)과 비교했을 때, 다형적 유전자좌의 비율(*P*)은 붉가시나무, 종가시나무, 참가시나무 보다는 낮은 것으로 나타났으며, 기존 개가시나무 성목 집단의 결과보다는 높았다. Nei의 유전다양성(*h*)과 Shannon's information index(*S.I.*)를 비교한 결과는 세 수종보다 높은 수치를 나타냈으며, 기존의 개가시나무 성목집단을 연구한 결과보다는 낮으나 비슷한 양상을 보였다(Table 10). 이와 같은 결과는 기존연구와 본 연구에서 사용된 marker가 RAPD와 ISSR로 상이하고, 서민환 등(2001)은 한경면 집단 내 개가시나무 개체들을 아집단으로 구분하여 분석하였으나, 본 연구는 한경면 집단 이외의 하례리와 화순리의 집단까지 포함하여 분석하였기 때문으로 사료된다.

ISSR PCR을 이용한 유전적 다양성 분석 결과를 다른 목본성 수종과 비교해 보았을 때 가침박달(*S.I.*=0.531), 전나무(*S.I.*=0.429)보다는 낮게 나타났으나, 국내 희귀식물이거나 제한된 분포를 띄는 줄댕강나무(*S.I.*=0.336), 만리화(*S.I.*=0.243), 물황철나무(*S.I.*=0.230)보다는 높은 값을 나타내었다(홍경낙 외, 2013; 김영미 외,

2014; 정지희 외, 2007; 김상용 외, 2009; 신수경 외, 2014). 한편 한국특산식물인 꼬리말발도리(*h*=0.271, *S.I.*=0.429)는 개가시나무보다 높은 값을 나타냈는데, 손성원 등(2013)은 식물의 유전다양성은 분포범위 외에도 교배양식이나 생물학적 특성으로 인해 다양한 수준을 보이기도 하며, 특히 분포역이 매우 좁은 일부식물들의 경우에도 교배양식 또는 집단의 진화역사에 따라 매우 높은 유전적 변이가 나타난다는 결과들을 근거로 분포역이 좁은 꼬리말발도리가 완전한 타가수정을 하기 때문에 유전자 이동에 의한 재조합으로 인하여 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; 김휘, 2003; Nybom and Bartish, 2000).

이처럼 유성번식을 하는 종들은 대립유전자의 무작위적인 재조합의 결과로 유전적 변이가 증가한다고 알려져 있다. 개가시나무의 경우 꼬리말발도리와 같이 타가수정하는 풍매화이지만 자생지 내의 개체수가 적고, 치수가 피압에 의해 고사하는 경우가 많아 유묘의 수가 매우 드물며, 맹아로 인한 무성번식의 개체가 많은 것으로 보았을 때 완전 타가수정하는 꼬리말발도리보다는 낮은 유전적다양성을 띄는 것으로 보여진다.

Table 10. Comparison value with *Quercus* species of the subgenus *Cyclobalanopsis* using RAPD marker.

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

- *P*: percent of polymerphic loci, *h*: Nei's diversity(Nei, 1973), *S.I.*: Shannon's information index(Shannon and Weaver, 1949)
- Data Source: *서민환 외(2001), **최태봉(2001)

나. 집단의 군집구조

개체군 조각들 사이의 분화정도는 전반적으로 개체군 내와 개체군 간으로 구분하여 설명할 수 있으며 이것을 F 통계값이라 하며, 그 중 F_{st}는 내교배에 미치는 개체군 분활에 따른 효과를 의미하며 0~1의 값으로 나타낸다. F_{st}는 일반적으로 분산능력과 역관계를 보이는데, 조각들 사이에 유전자 흐름이 높을 경우 낮은 값을 띄며, 조각들 사이 유전자 흐름이 낮다면 개체군은 분화하며 값은 증가한다. 식물의 경우 자가수정하는 종류(F_{st}=0.5)부터 풍매화로 외교배하는 종류(F_{st}=0.1)까지 나타나며, 대체로 F_{st}값이 0.15 이상일 경우 조각들 사이에 유의미한 분화가 일어난 것으로 간주한다(Hedrick, P.W., 2000; Falconer and Mackay, 1996; Hanski and Gilpin, 1997).

개가시나무의 종내 집단 간 유전적 분화도는 16.93%로 서민환 등이 2001년에 한경면지역의 개가시나무의 분화도를 조사한 수치(11.9%)보다는 높은 값을 나타내었다(서민환 외, 2001). 이는 지리적으로 매우 인접해있는 한경면과 안덕면 지역을 포함하여 지리적 거리가 있는 화순리, 하례리의 집단을 추가로 연구한 결과로 보여진다. 또한 서민환 등이 조사한 자료에 인용된 최태봉(2001)의 연구결과와 비교해보면 참가시나무(18.6%)보다는 낮은 값을 나타내지만, 붉가시나무(13.9%)와 종가시나무(13.1%)의 수치보다는 높은 값을 띄었다. 이어 개가시나무의 F_{st}값은 0.169로 어느 정도 개체군 사이에 유의미한 분화가 일어난 것으로 나타났다. 개가시나무와 같이 섬에 한정되어 분포하는 종은 서식하는 면적이 극히 제한되어 있고, 개체군의 크기가 작으며 개체군의 수가 적어 제한된 환경에서 진화된 경우가 많다. 이로 인해 유전적 부동, 병목현상과 같은 현상이 일어나게 되는데, 이와 같은 원인으로 보았을 때 개가시나무는 바다로 둘러싸인 제주도에 국한되어 분포하기 때문에 일본, 중국 등 다른 지역에 분포하는 개가시나무 집단과 유전적 교류가 일어나기 어려우며, 분포범위가 제주도로 한정되어 협소하다는 것을 고려한다면 어느 정도의 유전적 분화가 이루어진 것으로 판단된다(Regnier *et al.*, 2009; Clavero *et al.*, 2009; 서민환 외, 2001).

또한 지리적 거리와 유전적 거리의 상관관계가 선행연구들과 달리, 본 연구의 결

과는 일치하지 않는 것으로 나타났다(김은혜, 2011; 최고은 2013). 서민환 등(2001)의 연구에서도 이와 같은 결과가 나타났는데, 이는 제주도라는 지역이 선행 연구들의 연구지와는 달리 협소한 면적을 띄는 제한된 공간이며, 그 면적이 우리나라 전체면적의 1.9%로 대단히 넓지 않아 지리적 거리 간에 뚜렷한 차이가 보이지 않는 것으로 사료된다.

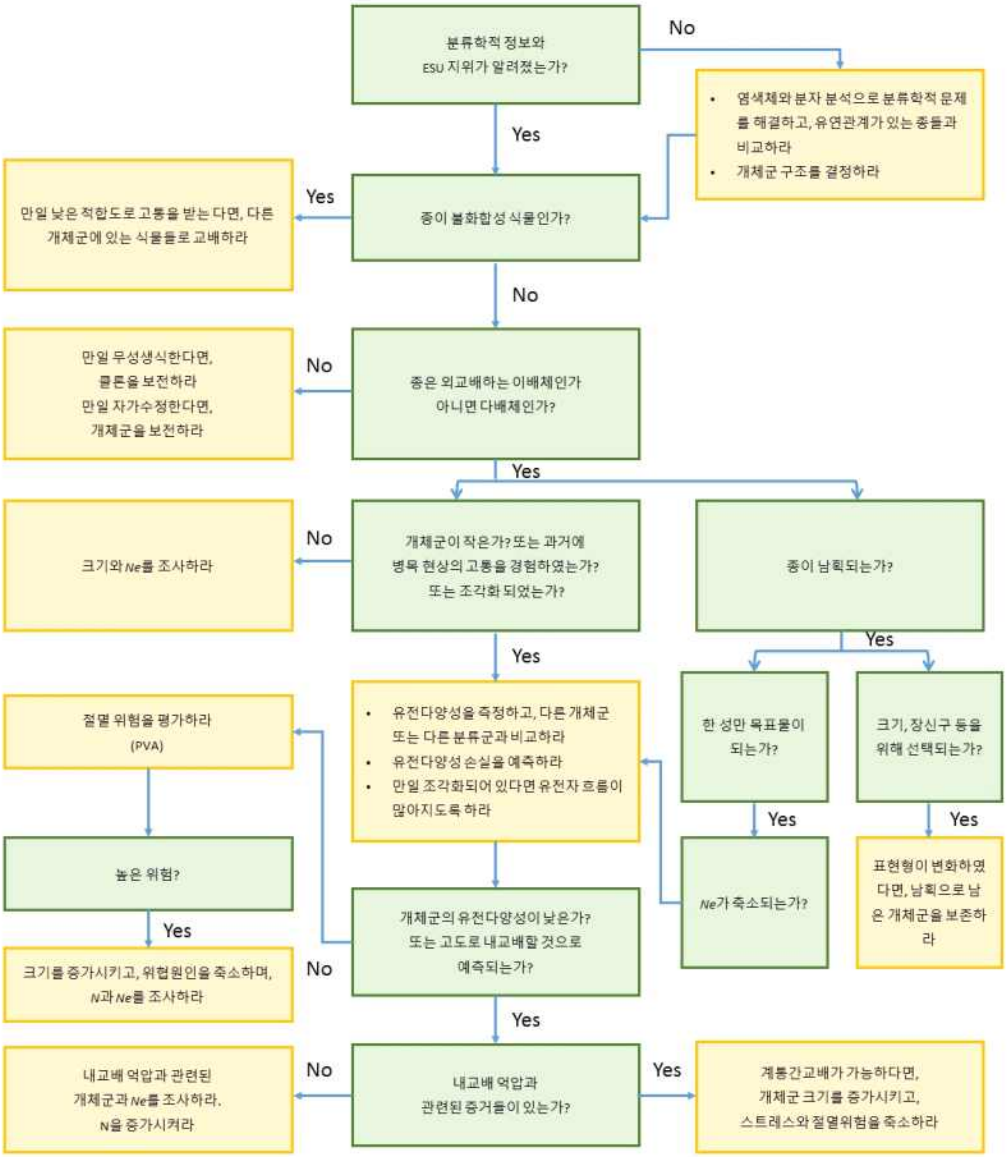
3. 보전방안에 대한 제언

본 연구는 제주도내 생육하는 멸종위기야생식물 Ⅱ급에 해당하는 개가시나무의 보전전략 수립에 대한 기초자료를 제공하고자 개체목 특성 조사 및 유전적 다양성에 대한 분석을 수행하였다. Frankham 등은 멸종위기에 처한 종들에 대해 유전적으로 관리하는 방안을 수립하는 과정을 Figure 9.와 같이 제시하였다(R. Frankham *et al.*, 2014). 이를 바탕으로 개가시나무에 대한 보전방안을 간략히 제언하고자 한다.

산림청에서는 「산림보호법」 제2조·제7조에 의거하여 산림에서 생활환경·경관의 보호와 수원 함양, 재해 방지 및 산림유전자원의 보전·증진이 특별히 필요한 곳을 산림보호구역으로 지정하여 산림을 체계적으로 보전·관리하고 있다. 산림보호구역은 생활환경보호구역, 경관보호구역, 수원함양보호구역, 재해방지보호구역, 산림유전자원보호구역으로 구분하는데, 여기서 산림유전자원보호구역이란 산림에 있는 식물의 유전자와 종 또는 산림생태계의 보전을 위하여 필요하다고 인정되는 구역이다. 이에 따라 환경부지정 멸종위기 육상식물 Ⅱ급에 해당하는 개가시나무의 최소개체군을 위지하기 위하여 현재 생육하는 지역을 산림유전자원보호구역으로 지정하고 더 이상 서식지의 훼손 및 개체군의 감소가 일어나지 않도록 지속적인 모니터링을 유지하여야 하며, 맹아에 의한 갱신이 아닌 치수에 의한 개체목 증가를 위해 치수가 원활하게 생장할 수 있도록 주변의 생육환경을 개선할 필요가 있다.

또한, 개가시나무의 유전다양성을 높이기 위하여 생육하고 있는 개체에서 유전자원을 확보 후 현지 외 보전을 통해 우수한 유전자원을 새로운 환경에 적응시켜 유전분화를 높일 필요가 있다.

더불어 추후 추가적인 자생지 생육환경의 조사를 통해 제주도 내에서도 한경-안덕면 지역에만 개가시나무가 집단적으로 생육하는 원인을 규명하고 전체 개체목을 대상으로 한 유전분석과 현지 외 개체군과의 생태적, 유전적 차이에 대한 연구가 이루어져야 할 것이며, 본 연구결과는 그에 대한 기초자료로 이용되어 효율적인 보전전략을 수립하는데 활용될 수 있을 것이다.



<Figure 9> The flow chart for conservation of the threatened species.

Ⅴ. 결론

본 연구는 제주도 내 개가시나무의 보전방안의 기초데이터를 수립하기 위하여 개체목 특성에 대한 조사와 유전다양성에 분석을 시행하였다. 개체목 특성에 관한 조사는 2011년 1월부터 당해 12월까지 12개월 간 이루어졌으며, 유전적다양성에 관한 연구는 2014년 1월부터 2015년 8월까지 수행하였다.

1. 개가시나무의 수고는 평균 12.6 ± 2.7m, 흉고직경 평균은 18.8 ± 8.0cm, 근원직경 평균은 66.5 ± 18.2cm로 나타났으며, 대부분의 개체가 지상부에서 맹아주의 형태로 분지되는 특성을 보였는데 평균적으로 3.4 ± 1.5개로 분지되며, 최대 8개로 분지되는 형태(구억리 1개체)것으로 관찰되었다. 또한 맹아주가 아닌 단독 분지형태를 띄는 개체는 총 4개체로 조사되었다.

2. 제주도 내 개가시나무의 유전적 다양성을 ISSR 표지자를 이용하여 분석한 결과 총 72개의 증폭산물이 관찰되었고 그 중 67개의 유전자좌에서 다형성이 있는 것으로 나타났다. 종 수준에서 개가시나무의 다형적 유전자좌의 비율(P)은 93%, 집단간 평균은 43%로 나타났으며, 종 수준에서의 유전적 다양성을 나타내는 Shannon's index information값과 Nei의 유전적 다양성지수는 각각 0.390, 0.248의 값을 보였다. 집단별로는 구억리와 저지리 집단에서 다른 집단에 비해 비교적 높은 값이 측정되었다.

3. 5개 집단의 유전구조 분석결과 전체 유전변이의 약 17%가 집단 간 차이에 기인하고 나머지 83%는 집단 내 개체간에 존재하는 것으로 산출되었으며, 집단간 분화 정도를 의미하는 F_{st}값은 0.169의 수치를 보여 개체군의 유의미한 분화가 일어났음을 볼 수 있었다.

4. 유전적 거리는 저지리 – 구억리 집단이 가장 가까운 것으로 나타났으며, 화순리 – 하례리 집단이 유전적으로 가장 먼 것으로 나타났다. Nei의 유전적 거리를 기

초로 UMPGA법에 의한 유집분석을 Dendrogram으로 나타낸 결과 지리적 거리가 다른 집단에 비해 먼 하례리 집단보다 화순리 집단의 유전적 거리가 가장 먼 값을 보여 집단 간 지리적 거리와 유전적거리가 일치하지 않는 것으로 분석되었다.

우리나라 개가시나무는 제주도라는 한정된 지역에 적은 개체수로 분포하며, 개체군 사이의 유의미한 분화가 진행된 것으로 보인다. 이렇게 한정적인 공간에 작은 개체군의 크기로 생육하는 종의 경우 급격한 환경변화에 취약하여 멸종에 이르기 쉬운 특징을 보인다. 더불어, 현재 개가시나무가 집단적으로 생육하는 한경면의 경우 최근 대규모 개발에 의한 서식지 파괴가 우려되어 유전자원의 보호 필요성이 매우 높다고 할 수 있다.

추후 개가시나무 서식지에 대한 산림유전자원보호구역 지정과 장기적인 모니터링, 생육환경에 대한 개선, 현지 외의 유전자원 보전 그리고 현지 외 개체군과의 환경적, 유전적 차이에 대한 연구를 통해 보전전략을 수립하여야 할 것으로 판단되며, 본 연구는 그에 있어 기초자료로 활용될 것으로 기대된다.

참고문헌

권기원, 최정호, 송호경 & 강병식. (2003). 임분내 광환경의 차이에 따른 주요 참나무 수종의 생장과 엽록소 함량 변화에 관한 연구. 산림바이오에너지, 22(3): 20-28.

김상용, 김영동, 김진석, 양병훈, 김성희 & 이병천. (2009). ISSR 자료에 기초한 만리화(물푸레나무과)의 유전적 다양성. 식물분류학회지, 39(1): 48-54.

김영미, 홍경낙, 이제완 & 양병훈. (2014). ISSR 분석에 의한 전나무 집단의 유전변이. 한국임학회지, 103(2): 182-188.

김용률, 홍용표 & 김두현. (2005). DNA marker 분석과 QTL mappping. 국립산림과학원. pp. 21-38.

김은혜. (2011). 국망봉 금강초롱꽃 집단의 유전변이 분화. 고려대학교 대학원. (국내석사학위논문).

김찬수, 손석규, 도재화, 김지은, 황석인 & 정진현. (2007). 제주도 목본식물자원의 분포특성. 한국자원식물학회지, 20(5): 424-436.

김철수. (2007). 제주도내 멸종위기야생식물의 분포와 식생. 제주대학교 대학원. (국내박사학위논문).

김휘. (2003). 한국산 말발도리속의 형태분류와 유전다양성. 서울대학교 대학원. (국내박사학위논문).

문미연. (2008). 개가시나무, 산딸나무 및 볏붉은잎의 활성성분 규명. 제주대학교 대학원. (국내석사학위논문).

서민환, 고강석, 구연봉, 길지현, 오현경, 서상욱, 이덕길, 현정오, 신현철 &고정군. (2001). 생태·유전적 특성을 고려한 멸종위기 및 보호야생식물의 보전전략 연구(Ⅰ). 국립환경연구원.

손성원, 최경수, 박규태, 김은혜 & 박선주. (2013). 한국자원식물학회지, 26(5): 619-627.

신수경, 이제완, 임효인 & 송정호. (2014). 오대산 물황철나무(Populus koreana) 집단의 유전다양성 및 공간적 유전구조 분석. 한국임학회지, 103(1):

59-64.

신현철, 박남창, 황재홍, 최명섭, 조재형 & 김찬수. (2006). 한국의 난대수종. 국립산림과학원. pp.30-31.

윤성일. (2008). ISSR 표지자를 이용한 한국 꿩의 유전적 다양성 및 아종간의 유연관계 분석. 한국환경식물학회지, 26: 66-75.

이석우, 김영모, 김원우 & 정재민. (2002). 희귀, 멸종위기 수종 땃두릅나무의 I-SSR 유전변이. 한국임학회지, 91(5): 565-573.

이창복. (2003). 원색 대한식물도감. 향문사. pp.210.

장래하, 김해란 & 유영한. (2013). CO_2농도와 온도증가가 목본성 수종 3종과 멸종위기 2종의 생육반응에 미치는 영향. 생태와 환경, 46(2): 234-240.

정광중. (2013). 저지-청수곶자왈과 그 주변에서의 숯 생산활동. 문화역사지리, 27(1): 88-111.

정지희, 김규식, 이철호 & 김진수. (2007). 줄댕강나무(*Abelia tyaihyoni*) 집단의 유전다양성 및 공간구조. 한국임학회지, 96(6): 667-675.

최고은. (2013). 댕댕이나무(*Lonicera caerulea* var. *edulis*) 국내 자생 집단의 유전적 다양성. 충북대학교 대학원. (국내석사학위논문).

최고은, 남재익, 김영미 & 박재인. (2015). 댕댕이나무(*Lonicera caerulea* var. *edulis*) 국내 잔존 집단의 유전적 다양성. 한국자원식물학회지, 28(4): 411-418.

최태봉. (2001). 국내 상록성 참나무류의 유전적 구조 및 다양성과 붉가시나무 집단의 보전전략. 서울대학교 대학원. (국내박사학위논문).

현화자, 송국만, 최형순 & 김찬수. (2014). 국내 개가시나무 개체군의 분포 및 동태. 한국환경생태학회지, 28(4): 385-392.

환경부. (2006). 멸종위기 야생동·식물 증식·복원 종합계획 : 2006~2015.

홍경낙, 이제완 & 강진택. (2013). 가침박달 집단의 유전다양성 및 유전구조 분석. 한국임학회지, 102(1): 122-128.

Barth S, Melchinger AE & Lubberstedt TH. (2002). Genetic diversity in Arabidopsis thaliana L. Heynh. Investigated by cleaved amplified polymorphic sequence (CAPS) and Inter-simple sequence repeat

(ISSR) marker. Molecular Ecology. 11: 495-505.

Caro, T., M. Borgerhoff Mulder & M. Moore. (2003). Effects of conservation education on reasons to conserve biological diversity. Biological Conservation 114: 143-152. (9)

Clavero, M., L. Brotons, P. Pons & D. Sol. (2009). Prominent role of invasive species in avian biodiversity loss. Biological Conservation 142(5) : 2043-2049.

Conard, S.G. (1987). First year growth of canyon live oak sprouts following thinning and clear cutting. In : T.R. Plumb and N.H. Pillsbury (eds.), Proceedings of a Symposium on Multi-Use Management of California's Hardwood Resources, pp.439-458. USDA Forest Service, Barkeley, CA.

Esayas A, Endashaw B & Tomas B. (2005). Inter-simple sequence repeat (ISSR) variation in forest coffee trees(Coffea arabica L.) population from Ethiopia. Genetica. 124: 213-221.

Excoffier L, Laval G & Cchneider S. (2005). Arlequin(ver. 3.0): An integrated software package for population genetics data analysis. Evolutionary Bioinformatics Online. 1: 47-50.

Falconer, D.S. & T.F.C. Mackay. (1996). Introduction to Quantitative Genetics, 4th ed. Longman, Harlow, UK.

Felsenstein, J. (1993). PHYLIP v3.5c. Department of Genetics, University of Washington, Seattle.

Forister, M.L., A.C.McCall, N.J.Sanders, J.A. Fordyce, et al. (2010). Compounded effects of climate change and habitat alteration shift patterns of butterfly diversity. Proceedings of the National Academy of Sciences USA 107: 2088-2092. (4)

Frankham, R., J.D.Ballou & D.A.Briscoe. (2009). Introduction to conservation genetics, 2nd ed. Cambridge University Press, Cambridge, UK. (2, 5)

Groom, M.J., G.K.Meffe & C.R.Carroll(eds.). (2006). Principles of

conservation Biology, 3rd ed. Sinauer Associates, Sunderland, MA. (2,3,4,5)

Hanski, I. & M. Gilpin. (eds.) (1997). Metapopulation Biology: Ecology, Genetics and Evolution. Academic Press, San Diego, CA.

Hamrick, J.L. & M.J.W. Godt. (1989). Allozyme diversity in plants. pp. 43-63. In : A.H.D. Brown, M.T. Clegg, A.L. Kahler & B.S. Weir, eds. Plant population genetics, breeding, and genetic resource. Sinauer, Sunderland, Massachusetts, U.S.A.

Hamrick, J.L., Y.B. Linhart & J.B. Mitton. (1979). Relationships between life history characteristics and electrophoretically detectable genetic variation in plants. Annual Review of Ecology and Systematics 10: 173-200.

Hamrick, J.L., M.J.W. Godt & S.L. Sherman-Broyles. (1992). Factors influencing levels of genetic diversity in woody plant species. New Forests 6 : 95-124.

Hedrick, P.W. (2000). Genetics of Populations, 2nd edn. Jones&Bartlett, Boston, MA.

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.

Laikre, L., F.W.Allendorf, L.C.Aroner, C.S.Baker, et al. (2010), Neglect of genetic diversity in implementation of the convention on biological diversity. Conservation Biology 24: 86-88. (2)

Lewis, P.O. & D.J. Crawford. (1995). Pleistocene refugium endimic exhibit greater allozyme diversity than widespread congeners in the genus *Polygonella*(Polygonaceae). Am. J. Bot. 82 : 141-149.

Luan, S., T.Y. Chiang & X. Gong. (2006). High genetic diversity vs. low genetic differentiation in Nouelia insignis(Asteraceae), a narrowly

distributed and endemic species in China, revealed by ISSR fingerprinting. Ann. Bot. 98 : 583-589.

Sugiura, Nami; Dingqin Tang,; Hiroyuki Kurokochi,; Yoko Saito, & Yuji Ide,. (2015). Genetic Structure of Quercus Gilva Blume in Japan as Revealed by Chloroplast DNA Sequences. Botany. NRC Research Press.

Nei M. (1973). Analysis of gene diversity in subdivided populations. Proc Natl Acad Sci USA 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. & I.V. Bartish. (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.

Maezono, Y., R. Kobayashi, M. Kusahara & T. Miyashita. (2005). Direct and indirect effects of exotic bass and bluegill on exotic and native organisms in farm ponds. Ecological Applications 15: 638-650. (4)

Maki & Asada. (1998). High genetic variability revealed by allozymic loci in the narrow endemic fern *Polystichum otomasui*(Dryopteridaceae). Heredity 80 : 604-610.

Millar, C.I., & W.J. Libby. (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.

Momohara A. (1997). *Quercus gilva* forest in the middle part of Boso Penisula in them latest Yayoi - earliest Kofun period. Tech Bull Fac Hort China Univ 51:127-136. In : Nami Sugiura, Hiroyuki Kurokochi, Engkong Tan, Shuichi Asakawa, Naoki Sato, Yoko Saito, Yuji Ide. (2014). Development of 13 polymorphic chloroplast DNA markers in

Quercus gilva, a regionally endemic species in Japan. Conservation Genet Resource. 6:961-965.

Ohba, H. (1989). Fagaceae. Wild Flowers of Japan - Woody plants, Heibonsha Ltd., Publishers, Tokyo, 66-78. (in Japan)

Paysen, T.E., M.G. Narog, R.G. Tissell & M.A. Lardner. (1991). Trunk and root sproutings on residual trees after thinning a *Quercus chrysolepsis* stand. Forest Science 37:17-27.

Paysen, T.E. & M.G. Narog. (1993). Tree mortality 6 years after burning a thinned *Quercus chrysolepsis* stand. Canadian journal of Forest Research 23 : 2236-2241.

Ranker, T.A. (1994). Evolution of high genetic variability in the rare Hawaiian fern Adenophorus periens and implications for conservation management. Biol. Conserv. 70: 19-24.

Regnier, C., B. Fontaine & P. Bouchet. (2009). Not knowings, not recordings, not listening: Numerous unnoticed mollusk extinctions. Conservation Biology 23(5,6) : 1214-1221.

R. Frankham, J. D. Ballou, D. A. Briscoe, H.C. Shin. (2013). A Primer of Conservation Genetics. World science (in Korea). In: R. Frankham, J. D. Ballou, D. A. Briscoe. (2004). A Primer of Conservation Genetics. Cambridge University Press (U.K.).

Richard B. Primack, S.D. Lee, H.S. Kang, H.J. Kang & J.G. Kim. (2014). A Prime of Conservation Biology. World science.

Shannon C.E. & W. Weaver. (1949). The mathematical theory of communication. University of Illinois Press, Urbana, Illinois (USA).

Sneath, P.H.A. & R.R. Sokal. (1973). Numerical Taxonomy, Freeman San Francisco, CA (USA) pp. 573.

Waller, D.M., D.M. O'Malley & S.C. Gawler. (1987). Genetic variation in the extreme endemic Pedicularis furbishiae (Scrophulariaceae). Conservation Biology 1 : 335-340.

Xue, D.W., X.J. Ge, G. Hao & C.Q. Zhang. (2004). High genetic diversity in a rare, narrowly endemic Primrose species: Primula interjacens by ISSR analysis. Acta Botanica Sinica 46 : 1163-1169.

Yeh FC, Yang RC & 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.

환경부. (2012). http://eng.me.go.kr

기상청홈페이지. http://www.kma.go.kr

Individual Tree Characteristics and Genetic diversity of *Quercus gilva* in Jeju island

Go Un Kim

Department of Forestry
Graduate School Chonnam National University
(Supervised by Professor Kye-han Lee)

(Abstract)

This study was to analyze the individual characteristics and genetic diversity of *Quercus gilva* Blume growing in Jeju Island to develope conservation strategy. Individual characteristics were surveyed from January to December 2011. The average height was 12.6±2.7 meter and average diameter at breast height was 18.8±8.0 centimeter. Most of *Q.gilva* was sprouts from stumps, averagely 3.4±1.5 pieces, deduced by frequent logging. The maximum number of coppice shoots was 8, and number of trees formed single, not coppice shoots, was 4. The genetic diversity was examined for 80 trees distributed among five populations from December 2014 to August 2015. 6 ISSR primers were used for analysis and 67 polymorphic ISSR amplicons were investigated. The average of proportion of polymorphic loci were 93%, and average level in the population was 0.237(*S.I.*), 0.156(*h*). From the result of AMOVA, F_{st} was 0.169 indicating there was a great genetic differentiation and about 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 genetic distance was closest between Jeoji-ri and Gueok-ri that was geographically closest. On the other hand, Harye-ri and Hwasun-ri was farthest genetically unlike geographically. Therefore, The correlation between genetic distance and geographical

distance had differences. Based on these results, the conservation 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 conservation of genetic resources, and comparing the differences of environmental and genetic characteristic with population in ex situ.

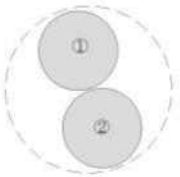
Appendix 1. List of appearance species.

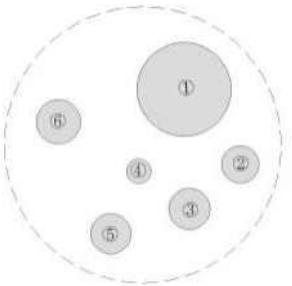
Family	Genus	Species	Plot No.			
			1	2	3	4
Apocynaceae	*Trachelospermum*	*Trachelospermum asiaticum* (Siebold & Zucc.) Nakai	√	√	√	√
Araliaceae	*Hedera*	*Hedera rhombea* (Miq.) Siebold & Zucc. ex Bean	√	√	√	√
Caprifoliaceae	*Viburnum*	*Viburnum odoratissimum* var. *awabuki* (K.Koch) Zabel ex Rümpler	√	√		
Caprifoliaceae	*Lonicera*	*Lonicera japonica* Thunb.		√		
Cornaceae	*Cornus*	*Cornus kousa*	√	√	√	
Cyperaceae	*Carex*	*Carex lanceolata* Boott	√		√	√
Cyperaceae	*Carex*	*Carex fernaldiana* H.Lév. & Vaniot		√	√	
Dennstaedtiaceae	*Lemmaphyllum*	*Lemmaphyllum microphyllum* C.Presl		√		
Dryopteridaceae	*Arachniodes*	*Arachniodes aristata* (G.Forst.) Tindale	√	√	√	
Dryopteridaceae	*Dryopteris*	*Dryopteris uniformis* (Makino) Makino	√	√	√	√
Dryopteridaceae	*Cyrtomium*	*Cyrtomium falcatum* (L.f.) C.Presl	√	√	√	√
Elaeagnaceae	*Elaeagnus*	*Elaeagnus glabra* Thunb.		√		
Fagaceae	*Quercus*	*Quercus gilva* Blume	√	√	√	√
Fagaceae	*Quercus*	*Quercus glauca* Thunb.	√	√	√	√
Fagaceae	*Quercus*	*Quercus salicina* Blume				√
Lardizabalaceae	*Akebia*	*Akebia quinata* (Houtt.) Decne.	√			√
Lauraceae	*Neolitsea*	*Neolitsea aciculata* (Blume) Koidz.	√		√	
Lauraceae	*Cinnamomum*	*Cinnamomum yabunikkei* H.Ohba	√		√	√
Lauraceae	*Actinodaphne*	*Actinodaphne lancifolia* (Siebold & Zucc.) Meisn.	√	√	√	√

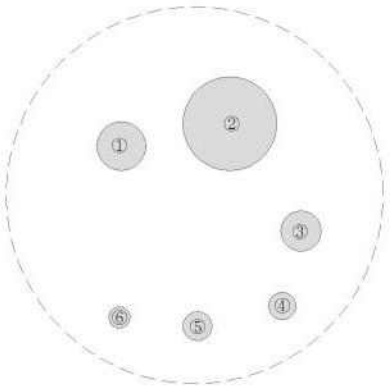
Appendix 1. (Continuously)

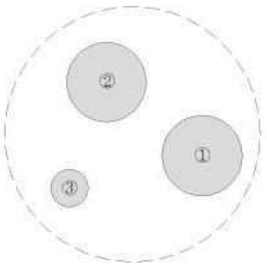
Family	Genus	Species	Plot No.			
			1	2	3	4
Lauraceae	*Neolitsea*	*Neolitsea sericea* (Blume) Koidz.	√	√	√	√
Liliaceae	*Liriope*	*Liriope platyphylla* F.T.Wang & T.Tang			√	
Myrsinaceae	*Ardisia*	*Ardisia japonica* (Thunb.) Blume	√	√	√	√
Oleaceae	*Ligustrum*	*Ligustrum obtusifolium* Siebold & Zucc.	√	√	√	√
Orchidaceae	*Calanthe*	*Calanthe discolor* Lindl.			√	√
Ranunculaceae	*Thalictrum*	*Thalictrum aquilegifolium* var. *sibiricum* Regel & Tiling		√		√
Rosaceae	*Prunus*	*Prunus sargentii* Rehder			√	
Rosaceae	*Spiraea*	*Spiraea prunifolia* f. *simpliciflora* Nakai		√		
Rosaceae	*Rosa*	*Rosa multiflora* Thunb.		√		
Rubiaceae	*Paederia*	*Paederia scandens* (Lour.) Merr. var. *scandens*				√
Schisandraceae	*Kadsura*	*Kadsura japonica* (L.) Dunal			√	√
Thymelaeaceae	*Daphne*	*Daphne kiusiana* Miq.	√		√	
Ulmaceae	*Celtis*	*Celtis sinensis* Pers.	√	√	√	√
Verbenaceae	*Callicarpa*	*Callicarpa japonica* Thunb.			√	
Vitaceae	*Vitis*	*Vitis coignetiae* Pulliat ex Planch.	√			
Total number of species			20	21	23	19
Number of *Quercus gilva*			3	6	7	3

Appendix 2. Characteristic of sprouts of *Quercus gilva* in Jeju island.

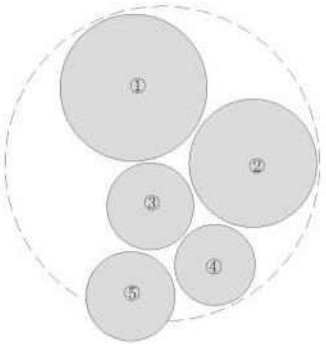
개체목 분지 특성	개체번호	1
	근원직경	43.0
	분지번호	흉고직경
	①	21.0
	②	22.0
	③	
	④	
	⑤	
	⑥	
	⑦	
	⑧	

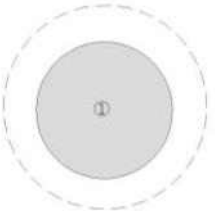
개체목 분지 특성	개체번호	2
	근원직경	72.5
	분지번호	흉고직경
	①	24.8
	②	10.0
	③	11.1
	④	6.5
	⑤	3.2
	⑥	11.7
	⑦	
	⑧	

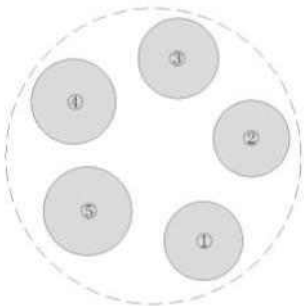
개체목 분지 특성	개체번호	3
	근원직경	99.0
	분지번호	흉고직경
	①	12.9
	②	12.4
	③	10.7
	④	7.3
	⑤	7.7
	⑥	5.7
	⑦	
	⑧	

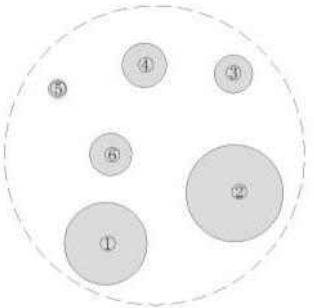
개체목 분지 특성	개체번호	4
	근원직경	67.0
	분지번호	흉고직경
	①	21.2
	②	20.9
	③	9.9
	④	
	⑤	
	⑥	
	⑦	
	⑧	

Appendix 2. (Continuously)

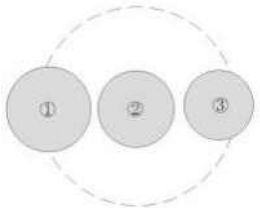
개체목 분지 특성	개체번호	5
	근원직경	82.7
	분지번호	흉고직경
	①	38.8
	②	33.8
	③	23.0
	④	21.4
	⑤	23.6
	⑥	
	⑦	
	⑧	

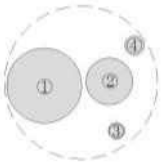
개체목 분지 특성	개체번호	6
	근원직경	36.0
	분지번호	흉고직경
	①	26.7
	②	
	③	
	④	
	⑤	
	⑥	
	⑦	
	⑧	

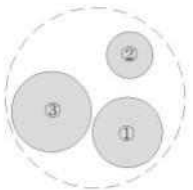
개체목 분지 특성	개체번호	7
	근원직경	77.5
	분지번호	흉고직경
	①	20.7
	②	20.2
	③	21.1
	④	22.4
	⑤	23.3
	⑥	4.9
	⑦	
	⑧	

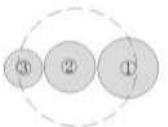
개체목 분지 특성	개체번호	8
	근원직경	78.5
	분지번호	흉고직경
	①	21.7
	②	25.6
	③	10.1
	④	11.7
	⑤	5.0
	⑥	11.1
	⑦	
	⑧	

Appendix 2. (Continuously)

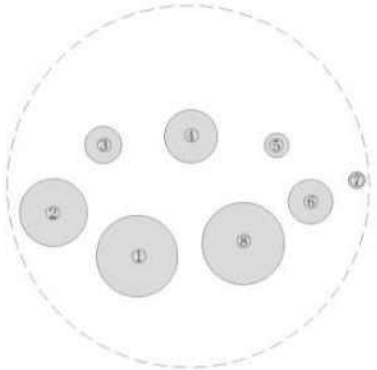
개체목 분지 특성	개체번호	9
	근원직경	51.9
	분지번호	흉고직경
	①	22.4
	②	20.2
	③	18.3
	④	
	⑤	
	⑥	
	⑦	
	⑧	

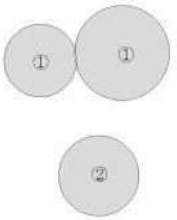
개체목 분지 특성	개체번호	10
	근원직경	40.0
	분지번호	흉고직경
	①	19.7
	②	12.4
	③	4.3(고사)
	④	5.1
	⑤	
	⑥	
	⑦	
	⑧	

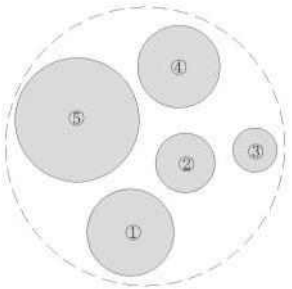
개체목 분지 특성	개체번호	11
	근원직경	47.2
	분지번호	흉고직경
	①	18.5
	②	12.4
	③	21.1
	④	
	⑤	
	⑥	
	⑦	
	⑧	

개체목 분지 특성	개체번호	12
	근원직경	31.0
	분지번호	흉고직경
	①	16.0
	②	13.5
	③	10.1
	④	
	⑤	
	⑥	
	⑦	
	⑧	

Appendix 2. (Continuously)

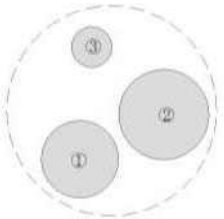
개체목 분지 특성	개체번호	13
	근원직경	104.0
	분지번호	흉고직경
	①	23.5
	②	19.5
	③	10.8
	④	15.4
	⑤	7.1
	⑥	12.9
	⑦	5.0
	⑧	23.9

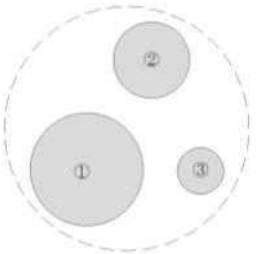
개체목 분지 특성	개체번호	14
	근원직경	9.5
	분지번호	흉고직경
	①	19.2
	②	25.0
	③	21.2
	④	
	⑤	
	⑥	
	⑦	
	⑧	

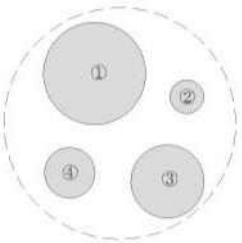
개체목 분지 특성	개체번호	15
	근원직경	73.8
	분지번호	흉고직경
	①	23.0
	②	15.8
	③	11.7
	④	21.7
	⑤	32.7
	⑥	
	⑦	
	⑧	

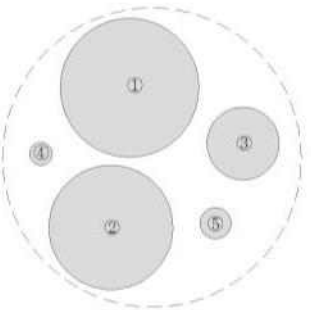
개체목 분지 특성	개체번호	16
	근원직경	40.0
	분지번호	흉고직경
	①	23.5
	②	7.4
	③	
	④	
	⑤	
	⑥	
	⑦	
	⑧	

Appendix 2. (Continuously)

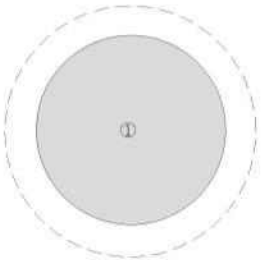
개체목 분지 특성	개체번호	17
	근원직경	55.0
	분지번호	흉고직경
	①	20.3
	②	23.7
	③	10.8
	④	
	⑤	
	⑥	
	⑦	
	⑧	

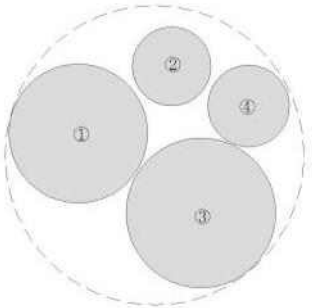
개체목 분지 특성	개체번호	18
	근원직경	64.2
	분지번호	흉고직경
	①	29.8
	②	20.2
	③	12.3
	④	
	⑤	
	⑥	
	⑦	
	⑧	

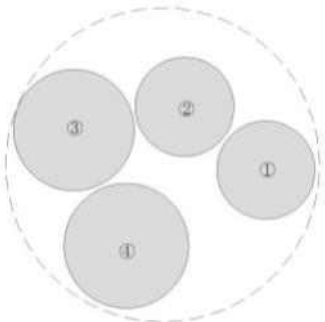
개체목 분지 특성	개체번호	19
	근원직경	60.7
	분지번호	흉고직경
	①	27.0
	②	9.0
	③	19.3
	④	13.4
	⑤	
	⑥	
	⑦	
	⑧	

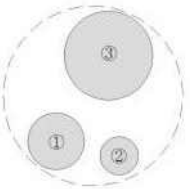
개체목 분지 특성	개체번호	20
	근원직경	78.5
	분지번호	흉고직경
	①	36.5
	②	32.8
	③	19.2
	④	6.2
	⑤	8.4
	⑥	
	⑦	
	⑧	

Appendix 2. (Continuously)

개체목 분지 특성	개체번호	21
	근원직경	66.0
	분지번호	흉고직경
	①	50.0
	②	
	③	
	④	
	⑤	
	⑥	
	⑦	
	⑧	

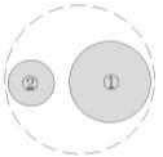
개체목 분지 특성	개체번호	22
	근원직경	78.4
	분지번호	흉고직경
	①	36.5
	②	20.8
	③	39.3
	④	21.5
	⑤	
	⑥	
	⑦	
	⑧	

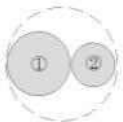
개체목 분지 특성	개체번호	23
	근원직경	82.5
	분지번호	흉고직경
	①	25.9
	②	26.2
	③	32.0
	④	33.0
	⑤	
	⑥	
	⑦	
	⑧	

개체목 분지 특성	개체번호	24
	근원직경	47.0
	분지번호	흉고직경
	①	15.0
	②	10.2
	③	23.3
	④	
	⑤	
	⑥	
	⑦	
	⑧	

Appendix 2. (Continuously)

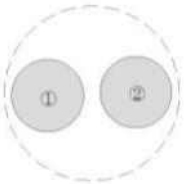
개체목 분지 특성	개체번호	25
	근원직경	29.8
	분지번호	흉고직경
	①	14.8
	②	10.2
	③	
	④	
	⑤	
	⑥	
	⑦	
	⑧	

개체목 분지 특성	개체번호	26
	근원직경	39.0
	분지번호	흉고직경
	①	21.3
	②	12.2
	③	
	④	
	⑤	
	⑥	
	⑦	
	⑧	

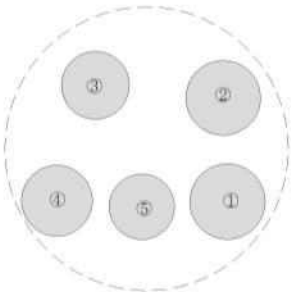
개체목 분지 특성	개체번호	27
	근원직경	29.5
	분지번호	흉고직경
	①	16.8
	②	11.5
	③	
	④	
	⑤	
	⑥	
	⑦	
	⑧	

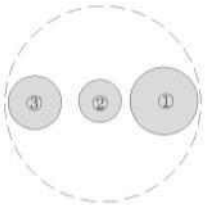
개체목 분지 특성	개체번호	28
	근원직경	31.0
	분지번호	흉고직경
	①	16.2
	②	6.6
	③	
	④	
	⑤	
	⑥	
	⑦	
	⑧	

Appendix 2. (Continuously)

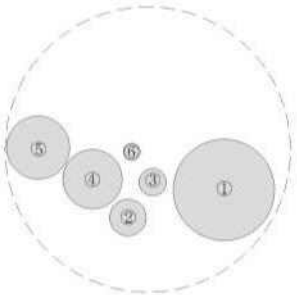
개체목 분지 특성	개체번호	29
	근원직경	46.0
	분지번호	흉고직경
	①	19.2
	②	19.0
	③	
	④	
	⑤	
	⑥	
	⑦	
	⑧	

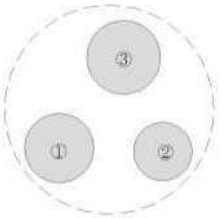
개체목 분지 특성	개체번호	30
	근원직경	32.0
	분지번호	흉고직경
	①	23.4
	②	32.0
	③	
	④	
	⑤	
	⑥	
	⑦	
	⑧	

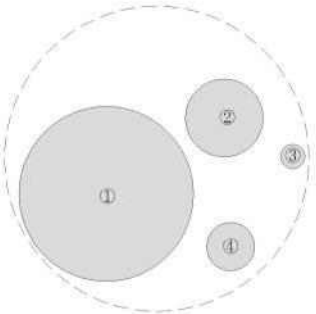
개체목 분지 특성	개체번호	31
	근원직경	74.5
	분지번호	흉고직경
	①	20.0
	②	19.8
	③	18.0
	④	18.8
	⑤	17.3
	⑥	
	⑦	
	⑧	

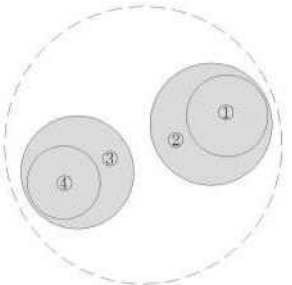
개체목 분지 특성	개체번호	32
	근원직경	51.5
	분지번호	흉고직경
	①	18.0
	②	11.3
	③	14.2
	④	
	⑤	
	⑥	
	⑦	
	⑧	

Appendix 2. (Continuously)

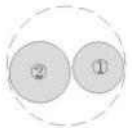
개체목 분지 특성	개체번호	33
	근원직경	75.0
	분지번호	흉고직경
	①	26.8
	②	9.8
	③	7.4
	④	15.8
	⑤	16.7
	⑥	4.6
	⑦	
	⑧	

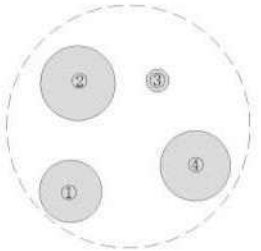
개체목 분지 특성	개체번호	34
	근원직경	54.5
	분지번호	흉고직경
	①	18.2
	②	15.3
	③	19.3
	④	
	⑤	
	⑥	
	⑦	
	⑧	

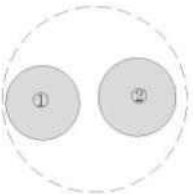
개체목 분지 특성	개체번호	35
	근원직경	80.0
	분지번호	흉고직경
	①	46.0
	②	20.6
	③	6.5
	④	12.8
	⑤	
	⑥	
	⑦	
	⑧	

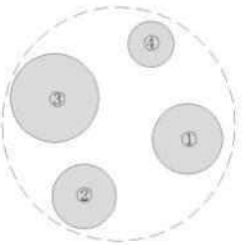
개체목 분지 특성	개체번호	36
	근원직경	10.0
	분지번호	흉고직경
	①	21.5
	②	32.2
	③	29.8
	④	19.3
	⑤	
	⑥	
	⑦	
	⑧	

Appendix 2. (Continuously)

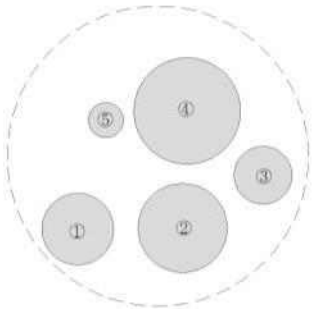
개체목 분지 특성	개체번호	37
	근원직경	31.3
	분지번호	흉고직경
	①	13.5
	②	16.2
	③	
	④	
	⑤	
	⑥	
	⑦	
	⑧	

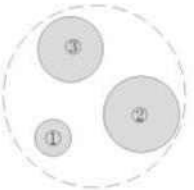
개체목 분지 특성	개체번호	38
	근원직경	63.8
	분지번호	흉고직경
	①	16.5
	②	19.8
	③	6.2
	④	18.6
	⑤	
	⑥	
	⑦	
	⑧	

개체목 분지 특성	개체번호	39
	근원직경	48.6
	분지번호	흉고직경
	①	19.6
	②	20.6
	③	
	④	
	⑤	
	⑥	
	⑦	
	⑧	

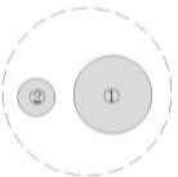
개체목 분지 특성	개체번호	40
	근원직경	61.3
	분지번호	흉고직경
	①	18.5
	②	17.0
	③	23.3
	④	12.2
	⑤	
	⑥	
	⑦	
	⑧	

Appendix 2. (Continuously)

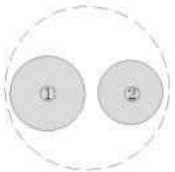
개체목 분지 특성	개체번호	41
	근원직경	79.0
	분지번호	흉고직경
	①	18.9
	②	23.5
	③	15.3
	④	28.1
	⑤	9.4
	⑥	
	⑦	
	⑧	

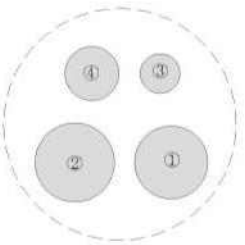
개체목 분지 특성	개체번호	42
	근원직경	48.0
	분지번호	흉고직경
	①	9.7
	②	20.2
	③	17.3
	④	
	⑤	
	⑥	
	⑦	
	⑧	

개체목 분지 특성	개체번호	43
	근원직경	
	분지번호	흉고직경
	①	28.4
	②	
	③	
	④	
	⑤	
	⑥	
	⑦	
	⑧	

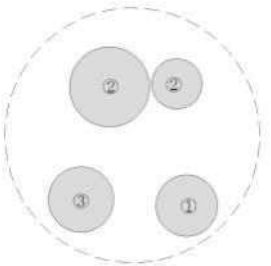
개체목 분지 특성	개체번호	44
	근원직경	44.0
	분지번호	흉고직경
	①	20.5
	②	9.9
	③	
	④	
	⑤	
	⑥	
	⑦	
	⑧	

Appendix 2. (Continuously)

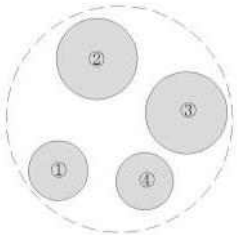
개체목 분지 특성	개체번호	45
	근원직경	43.0
	분지번호	흉고직경
	①	19.8
	②	17.0
	③	
	④	
	⑤	
	⑥	
	⑦	
	⑧	

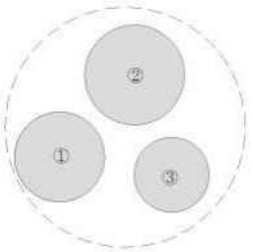
개체목 분지 특성	개체번호	46
	근원직경	61.0
	분지번호	흉고직경
	①	19.4
	②	21.0
	③	10.6
	④	14.3
	⑤	
	⑥	
	⑦	
	⑧	

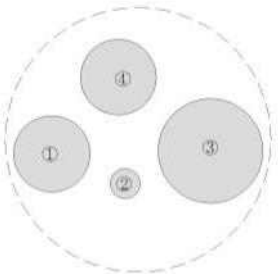
개체목 분지 특성	개체번호	47
	근원직경	39.8
	분지번호	흉고직경
	①	29.0
	②	
	③	
	④	
	⑤	
	⑥	
	⑦	
	⑧	

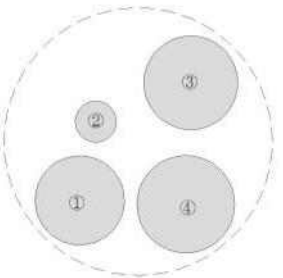
개체목 분지 특성	개체번호	48
	근원직경	67.0
	분지번호	흉고직경
	①	16.3
	②	13.4
	③	21.2
	④	17.4
	⑤	
	⑥	
	⑦	
	⑧	

Appendix 2. (Continuously)

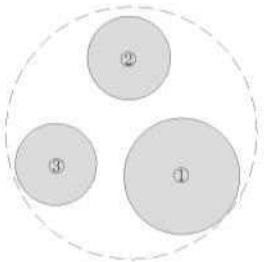
개체목 분지 특성	개체번호	49
	근원직경	59.2
	분지번호	흉고직경
	①	15.7
	②	21.4
	③	21.6
	④	15.2
	⑤	
	⑥	
	⑦	
	⑧	

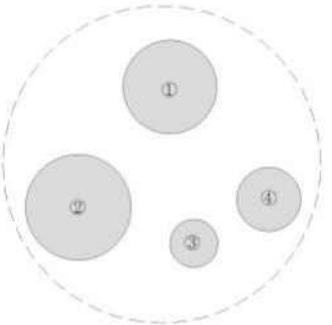
개체목 분지 특성	개체번호	50
	근원직경	63.0
	분지번호	흉고직경
	①	23.8
	②	26.3
	③	19.7
	④	
	⑤	
	⑥	
	⑦	
	⑧	

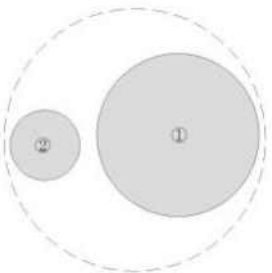
개체목 분지 특성	개체번호	51
	근원직경	69.5
	분지번호	흉고직경
	①	20.1
	②	7.9
	③	27.5
	④	20.0
	⑤	
	⑥	
	⑦	
	⑧	

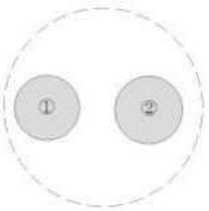
개체목 분지 특성	개체번호	52
	근원직경	70.3
	분지번호	흉고직경
	①	23.6
	②	10.9
	③	24.8
	④	25.8
	⑤	
	⑥	
	⑦	
	⑧	

Appendix 2. (Continuously)

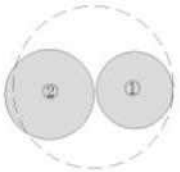
개체목 분지 특성	개체번호	53
	근원직경	66.0
	분지번호	흉고직경
	①	30.5
	②	22.0
	③	21.5
	④	
	⑤	
	⑥	
	⑦	
	⑧	

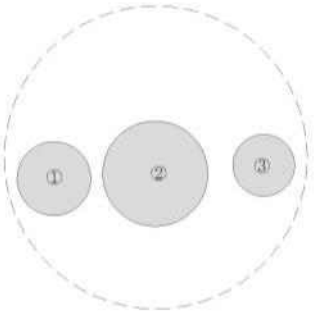
개체목 분지 특성	개체번호	54
	근원직경	83.5
	분지번호	흉고직경
	①	24.8
	②	27.9
	③	12.7
	④	17.0
	⑤	
	⑥	
	⑦	
	⑧	

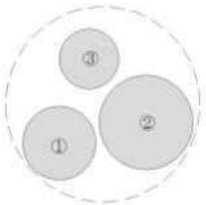
개체목 분지 특성	개체번호	55
	근원직경	69.0
	분지번호	흉고직경
	①	43.0
	②	18.5
	③	
	④	
	⑤	
	⑥	
	⑦	
	⑧	

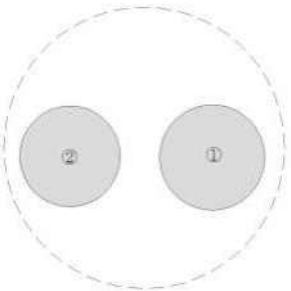
개체목 분지 특성	개체번호	56
	근원직경	52.2
	분지번호	흉고직경
	①	17.2
	②	18.0
	③	
	④	
	⑤	
	⑥	
	⑦	
	⑧	

Appendix 2. (Continuously)

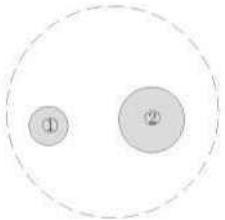
개체목 분지 특성	개체번호	57
	근원직경	42.5
	분지번호	흉고직경
	①	20.3
	②	23.7
	③	
	④	
	⑤	
	⑥	
	⑦	
	⑧	

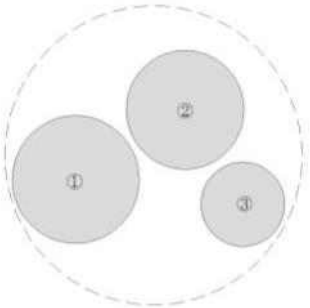
개체목 분지 특성	개체번호	58
	근원직경	79.5
	분지번호	흉고직경
	①	19.5
	②	27.8
	③	16.3
	④	
	⑤	
	⑥	
	⑦	
	⑧	

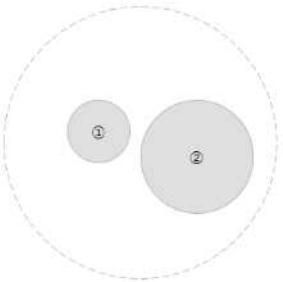
개체목 분지 특성	개체번호	59
	근원직경	51.0
	분지번호	흉고직경
	①	19.4
	②	24.8
	③	15.7
	④	
	⑤	
	⑥	
	⑦	
	⑧	

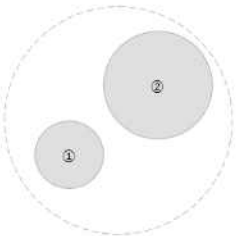
개체목 분지 특성	개체번호	60
	근원직경	73.8
	분지번호	흉고직경
	①	27.8
	②	26.6
	③	
	④	
	⑤	
	⑥	
	⑦	
	⑧	

Appendix 2. (Continuously)

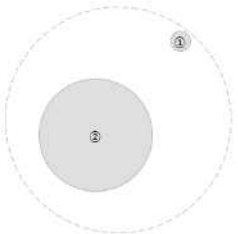
개체목 분지 특성	개체번호	61
	근원직경	55.5
	분지번호	흉고직경
	①	10.3
	②	17.4
	③	
	④	
	⑤	
	⑥	
	⑦	
	⑧	

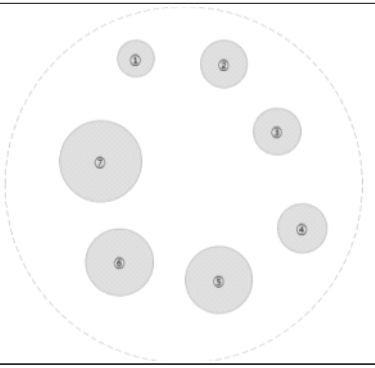
개체목 분지 특성	개체번호	62
	근원직경	78.2
	분지번호	흉고직경
	①	33.5
	②	31.2
	③	22.2
	④	
	⑤	
	⑥	
	⑦	
	⑧	

개체목 분지 특성	개체번호	63
	근원직경	62.2
	분지번호	흉고직경
	①	14.2
	②	25.8
	③	
	④	
	⑤	
	⑥	
	⑦	
	⑧	

개체목 분지 특성	개체번호	64
	근원직경	53.2
	분지번호	흉고직경
	①	16
	②	25.3
	③	
	④	
	⑤	
	⑥	
	⑦	
	⑧	

Appendix 2. (Continuously)

개체목 분지 특성	개체번호	65
	근원직경	58.2
	분지번호	흉고직경
	①	5.2
	②	29.1
	③	
	④	
	⑤	
	⑥	
	⑦	
	⑧	

개체목 분지 특성	개체번호	66
	근원직경	94.8
	분지번호	흉고직경
	①	9.8
	②	12.5
	③	12.5
	④	13.3
	⑤	17.8
	⑥	18
	⑦	21.8
	⑧	

감사의 글

논문을 마무리하고 졸업을 앞둔 지금, 학부생으로서의 대학생활을 마치고 처음으로 대학원생으로서 연구실에 발을 딛던 날이 떠오릅니다. 대학원생이라는 입장이 되어 얼떨떨한 기분으로 문을 열고 들어왔을 때가 어제만 같은데 석사과정을 마치고 또 다른 세상으로 출발을 앞두고 있습니다. 학부생활을 포함한 6년 반이라는 시간동안 참 많은 일이 있었고, 소중한 사람들을 많이 만났고, 많은 것을 배울 수 있었던 시간이었습니다. 이렇게 제 인생에 있어서 잊지 못할 시간을 보내는 동안 함께 해주신 많은 분들께 감사인사를 드리고자 합니다.

우선 학부생 때부터 제가 하는 모든 일에 늘 인자하신 얼굴로 지도해주신 이계한 교수님께 정말 큰 감사를 드립니다. 전공연계프로그램으로 베트남을 다녀왔던 것부터 완도수목원, 국립수목원이라는 기관에서 실습했던 경험까지 교수님의 따뜻한 보살핌 아래 더욱 큰 세상을 볼 수 있었고 오늘날 제가 있을 수 있었습니다. 그 모든 경험들을 바탕으로 앞으로 더 큰 세상에서 큰 사람이 되어 교수님의 은혜에 보답하도록 하겠습니다. 그리고 항상 웃는 얼굴로 여러 가지 일에 아낌없이 도움을 주시고 바쁘신 와중에도 많은 지도를 해주신 안기완 교수님, 임형탁 교수님께도 감사드립니다. 그리고 많은 격려를 보내주신 안영상 교수님과 김종영 선생님께도 감사드립니다.

국립수목원에서 연구를 할 수 있도록 도움주신 신창호 선배님, 이철호 과장님을 비롯하여 낯선 환경에서 잘 적응 할 수 있도록 도와주신 많은 관계자분들께 진심으로 감사드립니다. 그 중에서도 유전의 'ㅇ'자도 모르던 저에게 바쁜 와중에도 하나부터 열까지 세심하게 알려주시고 따뜻하게 보살펴주신 은혜언니, 언니는 저의 인생에 있어 정말 큰 선생님이고 제가 너무 좋아하는 언니입니다. 자주 연락 못해서 죄송하고 감사합니다.

제가 식물공부에 재미를 붙일 수 있도록 도와주시고 많은 가르침을 주신 오찬진

박사님, 유한춘 박사님께 감사 말씀 드립니다. 그리고 추운 겨울에 저의 시료를 위해 눈보라 맞아가며 발 벗고 뛰어 준 오빠들 덕에 무사히 실험을 마칠 수 있었습니다. 감사합니다. 논문 쓰는 것을 포함하여 일상생활에서도 어려운 일이 있을 때 마다 아낌없는 조언을 해준 영원한 실험실장 장깨비 경수오빠, 항상 대학원 막내인 저를 잘 보살펴주고 응원해준 큰언니 민희언니, 같이 조사 다니면서 고민 상담을 할 때마다 자기 일처럼 진지하게 같이 고민해준 인채오빠, 바쁠텐데도 먼저 자주 연락해주고 챙겨주는 동준오빠, 츤츤거리지만 결국 데레인 종회오빠, 친동생처럼 아껴주고 챙겨주는 수진언니, 예나언니, 같은 학·석사 연계과정으로 대학원에 들어와 힘들 때마다 의지한 천은오빠에게 감사합니다. 그리고 함께 논문 쓰면서 서로 많이 의지하면서 힘이 되어 준 지수언니, 외로울 때 마음의 안식처가 되어준 라애언니, 가까이 있을 때나 멀리 있을 때나 응원해주고 다독여준 친언니 같은 혜린언니에게 감사의 말을 전하고 싶습니다.

지쳐서 쓰러질 때 마다 다시 힘낼 수 있도록 많은 의지가 되어준 평생 친구 하늘이, 현경이, 영혼의 동반자인 꽃보다 아름다운 여덟 명의 자매들 담진, 나래, 상아, 희선, 보람, 영화, 소라와 여섯 명의 자매들 민선, 지선, 지연, 현아, 은지, 지선이, 그리고 늘 보고 싶은 우리 솔이언니, 친오빠 같이 앞에서 이끌어주고 뒤에서 받쳐주는 동한오빠, 유성오빠, 준석오빠, 도형오빠, 재근오빠, 항상 먼저 안부 물어주는 유기, 항상 지지해주는 예림이, 은영이, 지혜, 세미, 성경이, 단비, 지인이, 석오, 강휘, 정우, 성현이, 경훈이, 병권이, 경훈이를 비롯하여 많은 선·후배 및 응원해주신 여러분들께 감사의 말 전합니다.

마지막으로 제 평생을 가장 가까이에서 제 편이 되어 항상 응원해주시고 뒷받침해주시는 소중한 부모님과, 철없는 언니 보살피느라 고생하는 세상 하나뿐인 고맙고 미안한 동생 슬기에게 늘 고맙고 사랑한다는 말을 전하고 싶습니다.