

한라산 고유 고산식물 3종과 근연종의 분류 및 계통지리

Taxonomy and phylogeography of 3 endemic alpine species and related in Mt. Halla

주관연구기관	인하대학교 산학협력단
연구책임자	최병희
발행년월	2013-05
주관부처	교육과학기술부
사업관리기관	한국연구재단
NDSL URL	http://www.ndsl.kr/ndsl/search/detail/report/reportSearchResultDetail.do?cn=TRKO201300033886
IP/ID	14.49.138.138
이용시간	2017/11/03 12:54:56

저작권 안내

- ① NDSL에서 제공하는 모든 저작물의 저작권은 원저작자에게 있으며, KISTI는 복제/배포/전송권을 확보하고 있습니다.
- ② NDSL에서 제공하는 콘텐츠를 상업적 및 기타 영리목적으로 복제/배포/전송할 경우 사전에 KISTI의 허락을 받아야 합니다.
- ③ NDSL에서 제공하는 콘텐츠를 보도, 비평, 교육, 연구 등을 위하여 정당한 범위 안에서 공정한 관행에 합치되게 인용할 수 있습니다.
- ④ NDSL에서 제공하는 콘텐츠를 무단 복제, 전송, 배포 기타 저작권법에 위반되는 방법으로 이용할 경우 저작권법 제136조에 따라 5년 이하의 징역 또는 5천만 원 이하의 벌금에 처해질 수 있습니다.

일반연구자지원사업 최종(결과)보고서

								양식A101
① 부처사업명(대)	기초연구사업			보안등급(보안, 일반)			일반	
② 사업명(중)	일반연구자지원사업			공개가능여부(공개, 비공개)			공개	
③ 세부사업명(소)	기본연구(유형 I)							
④ 과제성격(기초, 응용, 개발)	기초	④-1 실용화 대상여부(실용화, 비실용화)						
⑤ 과 제 명	국 문	한라산 고유 고산식물 3종과 근연종의 분류 및 계통지리						
	영 문	Taxonomy and phylogeography of 3 endemic alpine species and related in Mt. Halla						
⑥ 주관연구기관	인하대학교 산학협력단							
⑦ 협동연구기관								
⑧ 주관연구책임자	성 명	최병희		직급(직위)	교수			
	소속부서	생명해양과학부		진 공	식물분류/계통			
⑨ 연구개발비 및 참여연구원수 (단위: 천원, M·Y)								
년 도	정부출연금 (A)	기업체부담금			정부의 출연금 (B)	상대국 부담금 (F)	합계 G=(A+B+E)	참여 연구원수
		현금 (C)	현물 (D)	소계 E=(C+D)				
1차년도	59,547			0			59,547	6
2차년도	59,999			0			59,999	6
3차년도	59,999			0			59,999	4
4차년도				0			0	
5차년도				0			0	
합계	179,545	0	0	0	0	0	179,545	16
⑩ 총연구기간	2010. 05. 01 ~ 2013. 04. 30 (36개월)							
⑪ 다년도협약연구기간	기재하지 않음							
⑫ 당해연도연구기간	2012. 05. 01 ~ 2013. 04. 30(12개월)							
⑬ 참여기업	중소기업수		대기업수		기타		계	
							0	
⑭ 국제공동연구	상대국연구기관수		상대국연구개발비		상대국연구책임자수			
<p>관계 규정과 모든 지시사항을 준수하면서 국가연구개발사업에 따라 수행 중인 연구개발과제의 최종보고서를 붙임과 같이 제출 합니다.</p> <p style="text-align: center;">2013 년 5월 13일</p> <p style="text-align: center;">주관연구책임자 : 최 병 희</p> <p style="text-align: center;">주관연구기관장 : 인하대학교 산학협력단장</p> <p style="text-align: center;">교 육 과 학 기 술 부 장 관 귀 하</p>								

※ 전자접수이므로 주관연구책임자 및 주관연구기관장 서명(인, 직인)은 생략

【주요항목 작성요령】

- ①, 부처사업명(대), ② 사업명(중), 보안등급(일반), 공개가능여부(공개)는 수정하지 않음
- ③ 세부사업명(소)은 기본연구(유형 I), 기본연구(개인), 기본연구(모험), 기본연구(커리어), 신진연구, 신진연구(연구비), 신진연구(연구장비), 여성과학자, 지역대학우수과학자 중 택일
- ④ 과제성격 및 ④-1 실용화 대상여부는 수정하지 않음
- ⑤ 과제명은 당초 연구과제명(과제명 변경을 재단에서 승인받은 경우는 승인된 과제명)을 기재함
- ⑥ 주관연구기관은 한국업적통합정보(KRI)에 입력된 기관명과 동일해야 하며 약어를 사용하지 않음(서울대→서울대학교)
- ⑦ 협동연구기관은 본 사업과 관련이 없으므로 기재하지 않음
- ⑧ 연구책임자의 인적사항 기재
- ⑨ 정부출연금은 전체연구기간동안 기 지원받은 연도별 총 연구비(간접비 포함)를 기재하며, 참여연구원은 연구책임자를 제외한 참여 연구인력(연구보조원 포함) 인원수를 기재함
- ⑩ 총연구기간은 연구시작일부터 연구종료일까지의 총연구기간 및 개월 수를 기재함
⇒ 아래의 연구기간 적용안내 참조
- ⑪,⑫,⑬,⑭는 기재하지 않음

「일반연구자지원사업 연구기간 적용 안내」

선정연도	연구기간	총 연구기간	다년도 협약기간	당해연도 연구기간	비고
2010년	36개월	2010.05.01~2013.04.30	기재하지 않음	기입력(수정하지 않음)	
2011년	24개월	2011.05.01~2013.04.30	기재하지 않음	기입력(수정하지 않음)	
2012년	12개월	2012.05.01~2013.04.30	기재하지 않음	기입력(수정하지 않음)	

< 목 차 >

I. 연구결과 요약문

II. 연구내용 및 결과

1. 연구과제의 개요 5
2. 국내·외 기술개발 현황 5
3. 연구수행 내용 및 결과 6
4. 목표 달성도 및 관련 분야에의 기여도 7
5. 연구결과의 활용 계획 7
6. 연구과정에서 수집한 해외 과학기술 정보 7

III. 연구성과

I. 연구결과 요약문

한라산을 지리적 남방한계선으로 가지고 있는 여러 고산식물들은 온난화에 대한 피난처를 찾지 못하고 사라질 위기에 처해 있다. 이들에 대한 체계적인 종 보존 전략을 위해서는 유전적다양성 확보와 함께 그 종의 분포 역사에 대한 연구가 선행되어야 할 것으로 판단된다. 본 연구는 유사한 분포패턴을 보이는 한라산 고산식물을 예로 제주도 및 한반도 고산식물의 분포기원과 종 형성 과정을 밝히고자 하였다. 따라서 본 연구에서는 한라산 특산인 3종: 한라솜다리(1차년도), 한라송이풀(2차년도), 제주황기(3차년도)를 대상으로 유전적 다양성 및 분류학적 위치를 고찰하였다.

1차년도에는 한라솜다리와 근연종인 왜솜다리에 대한 조사를 실시하였으며, 왜솜다리의 유전적다양성을 기초로 과거 기후변동에 따른 한반도내 피난처 및 이동경로를 유추하고자 하였다. 한국, 중국 및 일본의 11집단을 대상으로 엽록체DNA(*trnL/F*, *rps16* and *rpl16*)의 염기서열 변이를 조사하고, 10개의 microsatellite loci 마커를 개발하여, 집단의 유전적구조를 파악하였다. 조사된 엽록체DNA에서 모두 10개의 엽록체 DNA haplotype이 확인되었으며 각 지역별로 고유한 haplotype이 확인되었다. 중국집단은 가장 많은 7개의 haplotype이 발견되어 높은 다양성을 보인 반면, 한국집단에서는 2가지 haplotype만 나타났으며, STRUCTURE 프로그램을 이용하여 새로 개발된 microsatellite 마커에 대한 각 집단의 유전적 구조를 분석한 결과 한반도 집단은 중국과 일본과는 뚜렷이 나누어 졌다. 이를 통해 한반도에 자생하는 집단은 중국, 일본 집단과는 오랫동안 격리되어 피난처(refugia)를 형성한 것으로 판단된다. 또한 개발된 microsatellite marker는 솜다리속의 분자계통학과 보존생물학 등 분야에 있어서 유용하게 사용될 것이다.

2차년도에는 한라송이풀과 근연종인 이삭송이풀에 대한 조사를 실시하였다. 외부형태 및 핵리보솜 DNA 염기서열을 조사하여 한라송이풀의 분류학적 위치를 확인하고 근연종인 이삭송이풀 및 구름송이풀과의 유연관계를 파악하였다. 조사 결과 한라송이풀은 동북아에 분포하는 이삭송이풀과 뚜렷이 구별되지 않아 이삭송이풀로 통합되는 것을 지지하였다. 또한 이들의 종형성과정 및 분포기원을 파악하기 위해 국내·외 집단에서 수집된 이삭송이풀과 한라송이풀에 대해 엽록체DNA의 non-coding regions에 대한 유전적 다양성을 분석하였다. 이에 따라 제주도 집단(한라송이풀)을 포함한 국내·외 5 집단의 57개체가 분석되었고 *trnT-L*지역과 *trnS-psbS*지역의 총 1006bp에서 7개의 haplotype이 존재하는 것으로 확인되었다. 또한 이삭송이풀은 두 개의 그룹으로 나뉘었으며, 지리적 거리가 먼 중국의 태백산 집단과 가야산 집단에서 같은 타입이 나타났다. 이는 상당히 오래전에 한반도에 이삭송이풀이 유입되었을 가능성을 제시하였다.

3차년도에는 제주황기 (*A. nakaianus*)의 분류학적 위치를 명확히 하고 한국산 재배황기(*A. mongholicus* cultivar)와의 유연관계를 명확히 하고자 외부형태형질과 ITS 그리고 5구간의 cp non-coding DNA의 염기서열을 조사하였다. 또한 9개의 마이크로새털라이트 마커를 개발하여 3집단 61개체에 대한 유전적 구조가 분석되었다. 그 결과, 외부형태적으로 남한산 재배황기와 *A. mongholicus* var. *dahuricus* 사이에서는 차이점이 없는 반면, 제주황기는 *A. mongholicus* var. *mongholicus* 그리고 var. *dahuricus* 와 줄기의 습성, 식물체의 길이, 엽축의 길이 등에서 차이를 보였다. 분자분석 결과에서도 남한산 재배황기와 *A. mongholicus* var. *dahuricus* 사이에서는 차이점이 없었다. 하지만 마이크로새털라이트 분석에서 제주황기와 남한산 재배황기 간에 뚜렷하게 구분된 구조를 보였다. 한국산 재배황기는 *A. mongholicus* var. *dahuricus*로 처리해야 하며 제주황기는 *A. mongholicus* 의 변종으로서 취급되어야 할 것으로 판단되며, *A. mongholicus* var. *nakaianus* (Y.N.Lee) I.S.Choi & B.H.Choi로 학명을 부여하였다.

본 연구 수행 결과들은 국제학술지 및 국내학술지에 총 3편이 게재 되었으며, 이를 토대로 한라산과 한반도내 고산 고유 식물의 역사적 분포 기원을 종합적으로 추론할 것이다. 또한 본 연구를 통해 확인된 고산 식물 3종의 유전적다양성은 이들의 보존전략 수립과 같은 정책 지원 연구등에서 유용하게 활용될 것이다.

II. 연구내용 및 결과

- ◎ 1. 연구과제의 개요 ~ 6 기타사항을 항목에 따라 작성함
- ◎ 제목 14point, 소제목 12point, 본문내용은 10point로 작성하며, 줄 간 간격은 조정 가능함
- ◎ 내용 작성과 관련한 설명내용(청색 박스로 표시된 부분)은 내용 작성 시 제거하고 기술함

※ II. 연구내용 및 결과의 작성분량은 3페이지 내외로 핵심내용 중심으로 간결하게 작성함

1. 연구과제의 개요

우리나라의 고산식물은 백두대간을 중심으로 북부지역(백두산등)과 중부지역 산정, 그리고 한라산에 일부 분포한다. 특히 한라산의 아고산대에는 46과 146종의 고산식물이 분포하며 이중 제주 특산종은 33종, 한라산을 남방한계지로 갖는 종은 56종이 분포하고 있다(제주도, 2006). 한라산의 고산식물 가운데 70%정도가 한반도의 고산지대나 일본열도와 관련된 것으로 밝혀졌으며 이들은 기후가 한랭했던 빙하기에 동북아시아에서 한반도를 경유하여 제주도로 유입되었고 일부는 일본열도에 전파된 것으로 보인다. 하지만 현재의 고산식물 식물상에 대한 연구는 활발히 이루어지고 있는 반면, 분자생물학적인 방법에 기초한 한라산 및 한반도 고산식물상의 성립과정에 대한 연구는 미미하다.

우리나라 멸종위기식물로 발표된 식물 229분류군중 고산식물은 93분류군 (41%)으로 알려져 있으며, 지구 온난화가 지속되면 정상의 좁은 지역에 분포하는 고산식물들은 멸종될 가능성이 높다(Kong, 2007). 특히 제주도 한라산을 지리적 남방한계선으로 가지고 있는 여러 고산식물들은 온난화에 대한 피난처를 찾지 못하고 사라질 위기에 처해 있으며 이에 대한 보존대책 수립이 요구된다. 이들에 대한 체계적인 종 보존 전략을 위해서는 유전적다양성 확보와 함께 그 종의 분포 역사에 대한 연구가 선행되어야 한다.

2. 국내외 기술개발 현황

1. 식물 종들의 분포와 역사적 이동경로에 대한 연구 현황

분자계통지리(phylogeography)는 분자생물학적 마커를 이용하여 종 또는 근연종 집단들의 지리적 분포 기원과 이동과정을 밝히는 학문으로(Avise, 2000), 주로 과거 기후변동에 따른 종들의 이동경로 추적, 피난처(refugia) 존재유무 및 종형성과정 등을 연구한다. 이는 과거 제한된 화분화석자료에만 의존했던 것에서 벗어나 최근 크게 발달한 분자마커를 사용함으로써 다양한 대상종들에 대한 연구에 적용할 수 있으며, 기존의 계통분류학, 집단유전학, 생물지리학 등과 밀접한 연관성이 있다. 특히, 동아시아에서는 해수면의 높이 변동에 따른 육지 형태에 다양한 변화가 생겨났으며, 식물종들은 현재 일본, 한반도와 중국에 격리 분포하고 있는 양상을 보인다. 또한 제주도에 분포하고 분류군들의 경우, 한반도 내륙 및 중국, 일본에 분포하는 종들과 근연관계에 있으며, 지리적 고립에 의해 분화된 것으로 여겨지고 있다. 하지만 대부분의 연구는 중국과 일본 각각의 지역에 대해 독립적으로 이루어졌으며(Cheng et al., 2005; Wang et al., 2005; Aoki et al., 2006), 또는 중국과 일본간의 관계를 다루는데 초점이 맞추어져 있을 뿐 한반도를 포함하는 연구는 거의 이루어지지 않았다.

2. 식물 집단의 역사적 이동과정 추적을 위한 분자 마커

엽록체 DNA 마커의 이용: 대부분의 속씨식물에서 organelle DNA(엽록체 DNA와 미토콘드리아 DNA)는 모계유전을 하기 때문에 유전자 유동은 종자 산포에 의해서만 이루어지는 특징을 갖는다(Palmer, 1985). 이

러한 이유로 식물의 경우, 엽록체 DNA의 haplotype을 분석하여 집단 간 또는 집단 내 유전적 다양성을 밝히고 종내 지리적변이나 분포 이동에 관한 다수의 연구가 수행되고 있으며, 특히 엽록체 DNA haplotype을 이용한 분자계통지리연구는 빙하기의 종의 분포 역사를 밝히는데 자주 사용된다(Mohanty et al., 2001; Aoki et al., 2006; Fujii, 2008).

Microsatellite 마커 개발 및 이용: Microsatellite DNA는 1~6개의 짧은 반복 배열 구조를 가지는 염기서열로서 고도의 다형성을 갖는다. 또한 기존의 RAPD, RFLP 또는 AFLP 마커등과 비교하였을 때 실험적 재현성이 뛰어나며, 비교적 간단한 PCR 기술을 통해 분석이 가능하다(Yun et al., 2011). 이에 따라 최근에는 계통분류학, 보존생물학, 계통지리학, 집단유전학, 생태학 등 다양한 분야에 활용되고 있다. 그러나 국내에서는 일부 재배작물을 제외한 야생식물에 대해서는 마커의 개발이 거의 이루어지지 않고 있으며 이에 대한 연구는 미흡한 실정이다.

3. 연구수행 내용 및 결과

1차년도 연구: 한라솨다리(*Leontopodium hallaisanense* Hand. -Mzt.)과 근연종

한라산에만 자생하는 한라솨다리(*Leontopodium hallaisanense* Hand.-Mzt.)의 기후변동에 따른 피난처 및 역사적 이동경로를 추적하기 위하여, cpDNA 및 마이크로세틀라이트 마커의 개발을 통해 유전적 다양성을 분석하였다. 이를 통해 근연종인 왜솨다리에서 총 10개의 마이크로세틀라이트 마커가 개발되었다(Lee et al., 2012). 제주도 한라산을 포함한 한반도 6집단이 조사되었으며, 중국 2집단과 일본 3집단에 대한 현지조사가 이루어졌고 이를 통해 총 10개의 haplotype이 확인되어 집단의 유전적구조가 파악되었다. 조사결과, 한반도 집단은 중국과 일본 집단과는 유전적으로 거리가 먼 것으로 나타났다(그림 1). 이러한 결과는 중국과 일본 집단간에는 gene flow가 최근까지 일어났으며 한반도 집단은 오랜 기간동안 고립되어 유전적 교류가 없었던 것으로 판단된다. 특히 한반도내에서 현저히 낮은 유전적 다양성은 이들의 현재 분포가 한번의 확산에 의해서 이루어진 것을 나타내며 한라산에 고립 분포하는 한라솨다리는 지리적 격리에 의한 유전적 부동에 의한 중분화 단계에 있는 것으로 판단된다.

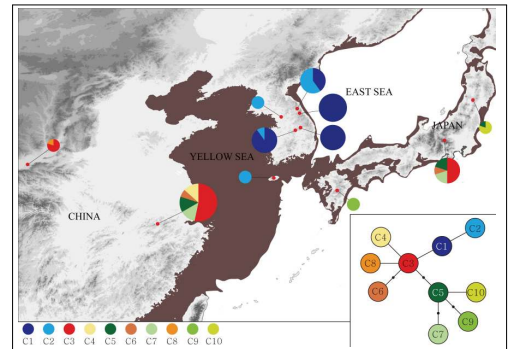


그림 1. 왜솨다리에서 확인된 cpDNA haplotypes의 지리적 분포

2차년도 연구: 한라솨이풀(*Pedicularis hallaisanensis* Hurusawa)과 근연종

한라솨이풀과 이삭솨이풀의 계통지리학적 연구를 수행하기 위해 외부형태 및 핵리보솨 DNA 염기서열을 조사하여 한라솨이풀의 분류학적 위치를 확인하고 근연종인 이삭솨이풀 및 구름솨이풀과의 유전관계를 파악하였다. 한라솨이풀은 외부형태 및 ITS 염기서열에서 동북아에 분포하는 이삭솨이풀과 뚜렷이 구별되지 않아 이삭솨이풀로 통합되는 것을 지지하였다. 또한 이들의 중형성과정 및 분포기원을 파악하기 위해 국내·외 집단에서 수집된 이삭솨이풀과 한라솨이풀에 대해 엽록체DNA의 non-coding regions (*trnT-L*, *trnS-psbS*)을 이용하여 중국 1집단을 포함한 5집단 57개체에 대한 유전적 다양성을 분

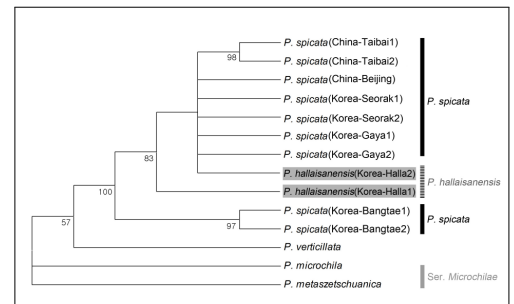


그림 2. 한라솨이풀과 근연종들의 ITS염기서열 분석결과

석하였다. 그 결과 총 7개의 haplotype이 확인되었고 두 개의 주된 haplotype 그룹으로 나뉘었으며, Hd와 Pi 값은 전체 level에서 각각 0.7914, 0.000453으로 나타났다. AMOVA분석은 집단간에 높은 유전적 다양성을 보여줬으나 집단내에서는 낮은 변이를 보여줬다. 각 집단에서 독특한 haplotype들이 발견되었으며 제주도를 제외한 한반도에서 공통적으로 분포하는 타입이 나타났다. 이러한 결과는 한반도 고산지역과 제주도가 빙하기 동안 이삭송이풀의 피난처로 작용하였다는 가설을 제안하였다.

3차년도 연구: 제주황기(*Astragalus nakaianus* Y.N.Lee)과 근연종

한라산 고유종인 제주황기(*A. nakaianus*)와 한국산 재배황기(*A. mongholicus* cultivar)의 분류학적 유연관계를 밝히고 분류학적 위치를 명확히 하고자 외부형태 및 분자분석을 하였다. 또한 9개의 마이크로새털라이트 마커를 이용하여 3집단 61개체에 대한 유전적 구조가 분석되었다. 그 결과, 남한산 재배황기와 *A. mongholicus* var. *dahuricus* 사이에서는 외부형태와 ITS 염기서열상에서 유의한 차이점이 없었다. 반면, 제주황기는 *A. mongholicus* var. *mongholicus* 그리고 var. *dahuricus* 와

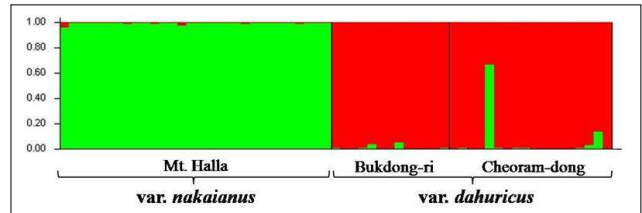


그림 3. 9개의 마이크로새털라이트 마커를 이용한 유전적 구조 분석결과

줄기의 습성, 식물체의 길이, 엽축의 길이, 소엽의 길이 등에서 형태적으로 차이를 보였다. 또한 ITS와 cp non-coding 구간 염기서열에서는 황기(*A. mongholicus*)와 차이점을 보이지 않았지만, 마이크로새털라이트 분석에서 제주황기와 남한산 재배황기 간에 뚜렷하게 구분된 구조를 보였다. 따라서 한국산 재배황기는 *A. mongholicus* var. *dahuricus*로 처리해야 하며 제주황기는 *A. mongholicus*의 변종으로서 취급되어야 할 것으로 판단되었다.

4. 목표 달성도 및 관련 분야에의 기여도

- 1) 과거 기후변화에 따른 한반도 고산식물 집단의 이동역사가 추론되었다.
- 2) 한라산 고산 고유종과 근연분류군의 분류학적 위치가 재검토되었다.
- 3) 한반도 고산식물의 집단내 또는 집단간 유전적 다양성 분석 및 종분화 현상이 규명되었다.
- 4) 주요 고산식물군들의 마이크로새털라이트 마커가 개발되었다.
- 5) 분자마커를 사용한 분석방법은 추후 관련 연구에서 활용 될 것이다.

5. 연구결과의 활용계획

- 1) 한라산과 한반도내 고산 고유식물의 역사적 분포 기원을 추론 할 수 있을 것이다.
- 2) 유전적 다양성에 기초한 고산식물의 보존 대책수립 정책 지원 연구에 활용 될 것이다.
- 3) 개발된 마이크로새털라이트 마커는 보존생물학, 계통지리학, 생태학등 다양한 분야에서 활용 될 것이다.
- 4) 계통지리 및 마이크로새털라이트 개발 분야의 인적자원 양성에 기여 할 수 있다.

6. 연구과정에서 수집한 해외과학기술정보

기존의 계통지리학적 연구는 외부형태 및 분자데이터(엽록체DNA)를 기초로 한 종의 역사를 탐구해오던 학문이었다. 하지만 최근에는 환경정보 및 이들의 분포정보를 이용하여 과거, 현재와 미래의 분포를 예측하여 보여주는 "Ecological Niche Modeling (ENM)"이 많은 연구에서 이용되고 있다(Beatty *et al.*, 2012; Chen *et al.*, 2012; Sakaguchi *et al.*, 2012). 이러한 생태적 자료와의 융합은 기후변화에 따른 종들의 분포 변화를 보다 더 자세하게 예측 가능하도록 한다.

기존의 마이크로세텔라이트 마커의 개발은 주로 생물체에서 추출된 genomic DNA를 제한효소로 짧게 단편화하여 microsatellite 부위가 있는 찾아내는 Selective hybridization protocol (bead method)이 사용되었다. 하지만 최근에는 차세대 염기서열 분석(Next Generation Sequencing, NGS)이 이용되고 있다. 이 방법은 기존의 전통적인 방법들에 비해 저비용, 대용량으로 DNA의 염기서열 정보의 획득이 가능하다. 또한 염색체DNA와 같은 특정 부위만을 추출할 수도 있다는 장점을 갖는다. 이에 따라 보다 다양한 식물종들에 대한 마커의 개발 및 이용이 가능해질 것으로 판단된다.

Ⅲ. 연구성과

사업명	기본연구지원사업	연구책임자	최병희	주관기관	인하대학교 산학협력단
과제번호	2010-0010411	과제명	한라산 고유 고산식물 3종과 근연종의 분류 및 계통지리		

과학기술/학술적 연구성과(단위 : 건)													
전문학술지 논문게재				초청 강연 실적	학술대회 논문발표		지식재산권				수상 실적	출판실적	
국내논문		국외논문			국내	국제	출원		등록			저역서	보고서
SCI	비SCI	SCI	비SCI				국내	국외	국내	국외			
0	2	1	0	0	5	2	0	0	0	0	0	0	0

인력양성 및 연구시설(단위 : 명,건)							
학위배출		국내외 연수지원				산학강좌	연구기자재
박사	석사	장기		단기			
		국내	국외	국내	국외		
1	3	0	0	0	0	0	0