

## 울릉도 희귀·특산 식물 섬현호색의 유전적 다양성과 구조

김진석·양병훈<sup>1</sup>·정재민\*·이병천·이재천<sup>1</sup>  
국립수목원, <sup>1</sup>국립산림과학원 산림유전자원부

### Genetic Diversity and Structure of a Rare and Endemic, Spring Ephemeral Plant *Corydalis filistipes* Nakai of Ullung Island in Korea

Kim Jin Seok, Byeong Hoon Yang<sup>1</sup>, Jae Min Chung\*, Byeong Cheon Lee and Jae Cheon Lee<sup>1</sup>

Division of Plant Conservation, Korea National Arboretum, Pocheon 487-821, Korea

<sup>1</sup>Division of Genetic Resources, Korea Forestry Research Institute, Suwon 440-350, Korea

**ABSTRACT:** For the spring ephemeral and myrmecochorous perennial, *Corydalis filistipes* Nakai (Fumariaceae), rare and narrow endemic to Ullung Island in Korea, genetic diversity and structure of 4 subpopulations of the species were investigated with allozyme markers. Levels of genetic diversity ( $A=1.73$ ,  $P_{95\%}=61.2\%$ ,  $H_o=0.201$ ,  $H_e=0.167$ ) were relatively lower than those of other endemic species with widespread distribution range, but considerably higher than other endemic species with similar life history traits isolated in island. The moderate level of genetic diversity within subpopulations in *C. filistipes* is characteristic of the species with predominantly outcrossing, myrmecochorous seed dispersal by dual function of the elaiosome and mode of sexual and asexual reproduction by the cleistogamy. The analysis of fixation indices showed an overall excess of heterozygotes (mean  $F_{IS}=-0.1889$ ,  $F_{IT}=-0.1226$ ) relative to H-W expectations. About 5.6% of the total genetic variation was found among subpopulations ( $F_{ST}=0.0557$ ). The strategies of reasonable conservation and management, and the maintenance mechanism of genetic diversity of *Corydalis filistipes* Nakai, endemic plant species in Korea were discussed.

**Key words:** Allozyme, *Corydalis filistipes*, Endemic plant species, Genetic structure, Genetic variation, Myrmecochory, Spring ephemeral, Ullung Island

#### 서론

식물종의 지리적 분포역이 유전적 다양성의 수준을 예측할 수 있는 기준은 될 수는 없지만(Karron, 1987), 일반적으로 분포역이 좁거나 특정지역 희귀한 특산종인 경우 넓은 분포역을 갖는 식물 종에 비해 대개 근친 교배나 유전적 부동 등에 의해 유전적 변이가 매우 적은 것으로 알려져 있다(Hamrick and Godt 1989, Ellstrand and Elam 1993). 또한 섬 특산종은 내륙집단에 비해 유전적 다양성이 낮고 유전적 변이의 감소율이 내륙의 특산종에 비해 크기 때문에 소멸되거나 멸종될 가능성이 높다(Frankham 1996). Frankham(1998)은 창시자 효과(founder effect)와 같은 병목 현상과 소집단의 이유 때문에 발생할 수 있는 자식약세(inbreeding depression)를 이러한 현상을 설명할 수 있는 원인으로 꼽았다.

울릉도는 한반도의 동쪽으로 약 137 km 떨어져 있는 면적 7,268 ha의 제 3기에서 제 4기에 화산 활동에 의해 형성된 화산 섬이며, 관속식물은 약 560~650종으로 그중 특산식물은 40여

종이 보고된 바 있다(양 1956, 오 1978).

섬현호색(*Corydalis filistipes* Nakai)은 현호색과(Fumariaceae) 현호색속(*Corydalis*)의 다년생 초본으로서, 우리나라 울릉도에만 국한되어 분포하는 특산식물종이다. 4월에 개화하여 5월에 결실한 후 곧 스러지는 전형적인 춘계 단명성(spring ephemeral) 식물 종으로 곤충에 의해 수분하며, 종자로 번식하나(Min 2003), *Corydalis flavula*(Farnsworth 2001)에서 처럼 일부 개체들은 폐쇄화(cleistogamy)로 결실하기도 한다(Chung and Kim pers. obs.).

현호색속(*Corydalis*) 종자의 부착물인 elaiosome은 종간에 형태와 크기(16.8~182.5 mg)에서 상당한 차이가 있지만(Nakanishi 1994), 개미들이 선호하는 주된 먹이로서 종자의 산포와 매장에 커다란 역할을 하며, 또한 설치류가 기피하는 물질로서 포식에 의한 종자의 손실을 막아주기도 한다(Hanzawa et al. 1985).

섬현호색은 성인봉(a.s.l. 950 m)을 중심으로 남사면과 북사면의 낙엽활엽수림 또는 침.활엽 혼효림 내에 불연속적으로 metapopulation을 이루고 있으며, 주변 식생과의 경쟁에 약하여 천이계열에서 쉽게 쇠퇴되거나 집단의 분획화가 일어날 수 있

\* Corresponding author; Phone: +82-31-540-1062, Fax: +82-, e-mail: rhuso@foa.go.kr

는 잠재적으로 위약종이며, 일부 군락은 등산로 주변에 노출되어 있어 인위적인 교란을 받기 때문에 개체수가 점차 감소되는 추세이다.

하나의 생물종에 대한 보존 대책을 수립하기 위해서는 집단의 demography와 같은 생태적 특성을 고려해야 하지만, 그 종의 유전적 변이의 유지기작에 대한 정보를 얻기 위한 유전적 변이와 구조를 분석하는 노력은 필수적인 선행조건으로 특히, 멸종 위기종이나 희귀 특산종에 대해서는 우선적으로 고려되어야 할 사항이다.

따라서 본 연구는 울릉도의 특산이며, 분포역이 매우 좁은 준계 단명성 희귀식물인 섬현호색의 보존 전략 수립을 위하여 동위효소 marker를 이용하여 아집단내·간 유전적 다양성과 유전적 구조 분석을 수행하였다.

### 재료 및 방법

울릉도에 국한되어 분포하는 특산 식물종인 섬현호색은 다년생 초본으로서 높이 약 40 cm까지 자라며, 섬 내에서도 주로 해발 500~900 m 사이에서 좁은 분포역을 갖는 멸종 위기종이다. 그리고 성인봉을 중심으로 남북 사면 능선부를 따라서 불연속적으로 군락을 형성하여 분포하기 때문에 군락의 크기와 군락간 거리를 고려하여 4개의 아집단(subpopulation)으로 구분하였다(Table 1). 시료는 개체간 혈연을 고려하여 유사한 개체가 선발되지 않도록 충분한 거리를 유지하여 아집단별 30 개체씩을 채취하였다. 그리고 개화기에 개화한 개체들을 대상으로 하였으며, 가능한 물리적인 피해를 줄이기 위해서 실험에 필요한 최소한의 잎만을 채취하였다.

동위 효소 분석은 Lee 등(2003)의 방법에 의하여 완충 용액을 조절하여 사용하였고, gel은 SIGMA starch 12%를 이용하였다. 전기영동을 완료한 gel은 여러 개의 층으로 수평으로 절단한 뒤 각 동위 효소별로 정색액을 이용하여 압상태 37°C에서 반응시켰다. 정색 반응을 시켜서 선명하고 재현성이 있는 band만을 나타내는 동위 효소를 선정하여 실험에 이용하였다. 분석된 9개 동위 효소 및 완충 용액의 명칭은 Table 2에 제시되어 있다.

각 유전자좌에서의 개체별 유전자형 빈도를 토대로 유전자

Table 2. Description of isoenzymes assayed and buffer systems used for electrophoresis

Enzyme	Abbreviation	E.C. No. <sup>a</sup>	Buffer <sup>b</sup>	No. of loci scored
Aspartate aminotransferase	AAT	2.6.1.1	B	1
Glutamate dehydrogenase	GDH	1.4.1.3	B	1
Isocitrate dehydrogenase	IDH	1.1.1.42	E	1
Malate dehydrogenase	MDH	1.1.1.37	E	1
6-Phosphogluconate dehydrogenase	6PGD	1.1.1.44	B	2
Phosphoglucose isomerase	PGI	5.3.1.9	A	2
Phosphoglucomutase	PGM	2.7.5.1	E	1

<sup>a</sup> Enzyme Commission Number: Nomenclature Committee of the International Union of Biochemistry (1984).

<sup>b</sup> A= a lithium borate electrode buffer (pH 8.3) used with a Tris citrate gel buffer (pH 8.3),

B= a sodium borate electrode buffer (pH 8.0) used with a Tris citrate gel buffer (pH 8.8),

E= a morpholine electrode and gel buffer (pH 8.0). For more details, refer to Conkle et al. (1982).

좌당 평균 대립 유전자수(A/L), 다형적 유전자좌의 비율(P), 평균 이형 접합도의 관측치( $H_o$ )와 기대치( $H_e$ )를 산출하였으며, 관찰된 유전자형 빈도와 Hardy-Weinberg 평형 빈도와의 일치 여부는 Levene(1949)의 보정에 의한  $\chi^2$ -test에 의해 판정하였다. 그리고 집단내 근친 교배의 정도와 집단간 유전 구조를 알아보기 위하여 Wright의 F 통계치( $F_{IS}$ ,  $F_{IT}$ ,  $F_{ST}$ )를 구하였다(Wright, 1965).

그리고 Nei(1978)의 유전적 거리를 구한 후 UPGMA법(Sneath and Sokal 1973)에 의한 유집분석을 실시 하였다.

이상의 모든 분석에는 PC용 program인 BIOSYS-1(Swofford and Selander 1989)과 POPGENE 1.31(Yeh et al. 1997)을 이용하였다.

### 결과 및 고찰

#### 대립 유전자 빈도 및 유전적 다양성

울릉도의 섬현호색 4개 아집단에 대해 조사된 9개 유전자좌의 대립 유전자 빈도는 모두 2개의 대립유전자만 관측되었다(Table 3). 그중에서 Aat와 Mdh는 각기 B와 C집단에서만 다형성(polymorphism)을 보였다. 그리고 Gdh와 Idh, 6pgd-1, 6pgd-2, Pgi-2는 4집단 모두에서 다형성을 보였으며, 또한 모든 대립유전자는 0.05이상의 빈도로 분포하였다. 그리고 Gdh와 pgi-2를 제외한 모든 유전자좌에서 주 대립유전자가 명확하게 관측되었다.

Table 1. Location, area and sample size of four subpopulations of *Corydalis filistipes* in Ullung Island

Subpopulations	Altitude (m)	Area (m <sup>2</sup> )	Sample size
A	720~760	15,000	30
B	830~850	60,000	30
C	780~820	20,000	30
D	600~640	12,000	30
Total			120

섬현호색 4개의 아집단에 대한 유전적 다양성 분석 결과는 Table 4와 같았다. 아집단내 유전좌당 대립 유전자수는 1.6~19개 분포로 평균 1.73개였으며, 그리고 유효 대립 유전자 수는 1.15~1.27로 평균 1.20이었다. 그리고 95% 수준에서 다형적 유전자좌의 비율은 55.6-77.8% 범위로서 평균 61.2%였으며, 종내 유전적 다양성으로 대표되는 평균 이형 접합도의 기대치는

Table 3. Allele frequencies observed in 9 loci from four subpopulations of *C. filistipes*.

Locus		Subpopulations			
		A pop.	B pop.	C pop.	D pop.
<i>Aat</i>	<i>a</i>	1.000	0.935	1.000	1.000
	<i>b</i>	0.000	0.065	0.000	0.000
<i>Gdh</i>	<i>a</i>	0.500	0.326	0.500	0.833
	<i>b</i>	0.500	0.674	0.500	0.167
<i>Idh</i>	<i>a</i>	0.950	0.913	0.817	0.900
	<i>b</i>	0.050	0.087	0.183	0.100
<i>Mdh</i>	<i>a</i>	1.000	1.000	0.933	1.000
	<i>b</i>	0.000	0.000	0.067	0.000
<i>6pgd-1</i>	<i>a</i>	0.050	0.022	0.050	0.017
	<i>b</i>	0.950	0.978	0.950	0.983
<i>6pgd-2</i>	<i>a</i>	0.950	0.826	0.883	0.950
	<i>b</i>	0.050	0.174	0.117	0.050
<i>Pgi-1</i>	<i>a</i>	1.000	1.000	0.950	0.950
	<i>b</i>	0.000	0.000	0.050	0.050
<i>Pgi-2</i>	<i>a</i>	0.500	0.500	0.467	0.467
	<i>b</i>	0.500	0.500	0.533	0.533
<i>Pgm</i>	<i>a</i>	1.000	1.000	0.967	0.967
	<i>b</i>	0.000	0.000	0.033	0.033

Table 4. Genetic diversity within four subpopulations of *C. filistipes* in Korea (Standard errors in parentheses)

Subpopulations <sup>a</sup>	<i>A</i>	<i>A<sub>e</sub></i>	<i>P<sub>95</sub></i>	<i>H<sub>o</sub></i> (SE)	<i>H<sub>e</sub></i> (SE)
A	1.6	1.17	55.6	0.256(0.142)	0.146(0.071)
B	1.7	1.21	55.6	0.193(0.109)	0.176(0.066)
C	1.9	1.27	77.8	0.222(0.082)	0.213(0.063)
D	1.7	1.15	55.6	0.133(0.077)	0.133(0.056)
Mean	1.73	1.20	61.2	0.201(0.103)	0.167(0.064)

Note : *A* = number of alleles per locus, *A<sub>e</sub>* = effective number of alleles per locus, *P<sub>95</sub>* = percentage of polymorphic loci at 95% level, *H<sub>o</sub>* = observed heterozygosity, *H<sub>e</sub>* = Nei's unbiased expected heterozygosity.

<sup>a</sup> Numerical codes as in Table 1.

0.133~0.213의 분포로 아집단간에 아집단의 크기와 상관없이 다소의 차이가 있었으며, 평균 0.167로서 평균 관측치 0.201보다 낮은 결과를 보였다.

이러한 섬현호색의 집단내 유전적 다양도 수준은 Chung 등 (1998)의 동위효소분석 결과인 울릉도 자생종인 너도밤나무 (*A*=1.93, *P*=57.14, *H<sub>o</sub>*=0.211, *H<sub>e</sub>*=0.253)보다는 낮았으나, 섬жат나무(*A*=1.48, *P*=33.33, *H<sub>o</sub>*=0.107, *H<sub>e</sub>*=0.149)보다는 다소 높았으며, 울릉도 특산종 섬노루귀(*A*=1.08, *P*=8.70, *H<sub>o</sub>*=0.021, *H<sub>e</sub>*=0.032)와 섬초롱꽃(*A*=1.07, *P*=7.14, *H<sub>o</sub>*=0.014, *H<sub>e</sub>*=0.021), 섬백리향(*A*=1.17, *P*=16.67, *H<sub>o</sub>*=0.044, *H<sub>e</sub>*=0.066)과 회기 멸종 위기종이며 울릉도 고립종인 혈떡이풀(*A*=1.04, *P*=4.00, *H<sub>o</sub>*=0.011, *H<sub>e</sub>*=0.016) 보다는 훨씬 높은 수준이었다. 그러나 Chung(1995)의 제주도 특산종인 *Hosta venusta*(*A*=1.86, *P*=66.67, *H<sub>o</sub>*=0.308, *H<sub>e</sub>*=0.296; ), 이 등(1997)의 한라산에 격리 분포하는 회귀 수종 시로미 (*A*=2.0, *P*=81.82, *H<sub>o</sub>*=0.248, *H<sub>e</sub>*=0.306) 집단 보다 매우 낮은 유전적 다양성을 보였다.

그리고 Francisco-Ortega 등(2000)이 제시한 Canary Islands의 특산식물 18속 69종에 대한 동위효소로 추정된 평균 유전적 다양성(*H<sub>e</sub>*=0.186)과는 유사한 수준이었다.

이상의 결과와 같이 울릉도에 특산종인 섬현호색은 일반적인 예상과 부합되는 결과로서 유전적 다양성이 다소 낮은 수준이지만, 울릉도내 유사한 생활사는 갖는 섬초롱꽃이나 섬백리향, 섬노루귀, 혈떡이풀과 Hamrick과 Godt(1989)가 제시한 특산식물 종(*A*=1.39, *P*=26.3.00, *H<sub>e</sub>*=0.063)과 분포역이 매우 좁은 종(*A*=1.45, *P*=30.6, *H<sub>e</sub>*=0.105)의 평균적인 통계량보다는 매우 높은 수준임을 알 수 있다.

섬현호색이 분포역이 매우 좁고, 잔존성 보다는 울릉도에서 새롭게 분화된 특산종으로 추정한다면 유전적 다양성이 다소 높은 수준으로 판단되는데, 이러한 결과의 원인은 집단이 소집단들로 분획화 되어 있지만, 아직까지 개체수가 절멸되지 않을 수준으로 유지되고 있다. 그리고 곤충을 매개로 하는 충매화로서 타가수정을 주로 하고, 종자의 부착물인 elaisome의 영향으로 곤충(개미)에 의해 종자가 멀리까지 또는 발아하기 유리한 곳으로 이동될 수 있으며(myrmecochorous), 또한 설치류들의 종자 섭식에 의한 피해를 줄여 새로운 유전자형을 갖는 개체의 생산에 유리하기 때문인 것으로 추정 된다(Hanzawa et al. 1985, Nakanishi 1994, Farnsworth, 2001).

또한 유성생식 뿐만 아니라 포쇄화에 의한 무성생식에 의해서도 일부 종자가 생산되기 때문에(Farnsworth 2001), 동일한 유전자형을 갖는 다수의 개체가 자연재해나 자연도태에서 생존할 가능성이 높으므로 유전적 다양성이 적절하게 유지되는데 기여한다고 판단된다(Hamrick and Godt 1989).

유전적 구조 및 분화

섬현호색 4개의 아집단에 대한 유전적 구조를 파악하기 위한 Wright의 *F* 통계 분석 결과는 Table 5와 같다. *F<sub>IS</sub>*는 아집단내 근친 교배 정도를 추정하는 값으로서 유전자형의 빈도가

Table 5. Wright's (1931)  $F$  for polymorphic loci for four subpopulations of *C. filistipes* in Korea

Locus	$F_{IS}$	$F_{ST}$	$F_{IT}$	
<i>Aat</i>	-0.0698	0.0514	-0.0148	0.4778
<i>Gdh</i>	-0.2661	0.1449	-0.0827	1.5990
<i>Idh</i>	0.4482	0.0243	0.4616	9.6360
<i>Mdh</i>	1.0000	0.0482	1.0000	4.6667
<i>6pgd-1</i>	-0.0430	0.0075	-0.0352	34.4980
<i>6pgd-1</i>	-0.1401	0.0286	-0.1075	7.9702
<i>Pgi-2</i>	-0.0526	0.0215	-0.0300	9.5000
<i>Pgi-2</i>	-0.5210	0.0019	-0.5181	132.8519
<i>Pgm</i>	-0.0345	0.0239	-0.0098	9.6667
Mean	-0.1889	0.0557	-0.1226	4.4306

Hardy-Weinberg의 평형상태라면 0값을 가지는데 9개 유전자좌에 대한 통계량의 평균은 -0.1889로서 이형접합체의 빈도가 H-W의 평형구조에 비해 높은 결과를 보였다.  $F_{IT}$ 는 아집단 전체를 하나의 집단으로 간주하고 산출한 근친교배계수는 -0.1226로서 H-W형평빈도에 비해 이형접합체의 빈도가 높게 나타났다. 그러나 조사된 9개의 유전자좌중에 *Mdh*는  $F_{IS}$ 와  $F_{IT}$  값이 모두 1.000으로서 조사된 개체 모두가 동형접합체로 나타났다. *Idh*는 각각 0.4482와 0.4616으로서 동형접합체의 빈도가 평형 구조의 빈도보다 월등히 높았고, 그 외 7개 유전자좌는 모두 이형 접합체의 빈도가 높은 결과를 보였다.

섬현호색 4개의 아집단간 유전적 분화를 추정된 Wright의  $F_{ST}$  통계량은 0.0019(*Pgi-2*)에서 0.1449(*Gdh*)의 분포로 평균 0.0557로서 섬현호색 gene pool중 전체 유전변이의 5.57%만이 아집단간에 기인하고, 나머지 94.43%는 아집단내 개체 간에 분산되어 있는 것으로 나타났다. 이 유전적 분화 정도는 Hamrick과 Godt(1989)이 제시한 Nei의 계층적 구조에 의한 분화 값으로 추정된 다년생 초본( $G_{ST}=0.213$ )과 특산 식물( $G_{ST}=0.248$ ), 희귀 식물( $G_{ST}=0.242$ ), 유.무성 생식 식물( $G_{ST}=0.213$ )의 분화 정도에 비해 매우 낮은 값으로서 아집단간 유전적 분화가 많지 않았음을 의미하는 것이다. 그리고 특산식물이라도 내륙에 남동 해안선을 따라 다소 넓게 분포하는 식물종물인 *Hosta minor*( $G_{ST}=0.198$ ) 보다는 월등히 낮았으나(Chung 1994), 제주도에 고립된 종인 *Hosta venusta*( $G_{ST}=0.0601$ )와는 유사한 결과(Chung 1995)를 보여 대체로 작은 섬에 고립되어 분화한 종들의 집단간 유전적 분화 정도는 낮은 것으로 추정 된다.

집단간 분화 정도가 낮다는 의미는 집단간의 유전자형과 대립유전자 빈도의 차이가 많지 않다는 것이며, 섬현호색의 아집단간 분화정도가 낮은 원인은 전 분포역중 아집단간의 지리적 거리가 2~3 km내로 좁고, 그리고 성인봉을 중심으로 능선을

따라 산발적으로 분포하는 아집단들이 징검다리 역할을 함으로서 개체간 및 아집단간 유전적 교류가 원활이 이루어지기 때문인 것으로 추정된다. 주변 식생과의 경쟁에 약하여 천이계열에서 쉽게 쇠퇴되거나 집단의 분획화가 일어날 수 있는 잠재적으로 취약종이며

그리고 이렇게 좁은 분포역에서 아집단간 5.57%의 분화가 일어나게 된 원인은 성인봉을 중심으로 일부 아집단이 남북사면에 걸쳐서 분포하기 때문에 국소적으로 gene flow가 제한될 수 있으며, 약 40cm 높이의 다년생 초본으로서 생태적 취약종으로 주변 식생과의 경쟁에 약하여 천이계열에서 쇠퇴되어 집단의 분획화가 쉽게 일어나고, 또한 Kudo 등(2004)이 제시한 춘계 단명성(spring ephemeral) 식물의 이른 봄 개화기에 계절변화에 따른 수분매체들의 제한된 활동도 원인이 될 수 있을 것으로 판단된다. 또 하나는 탐방객들의 답압과 같은 인위적인 교란으로 인해 유효 집단 크기의 감소로 아집단내 유전자 부동(genetic drift)에 의한 영향도 추정할 수가 있다.

#### 유전적 거리 및 유집 분석

섬현호색 4개 아집단간 Nei(1978)의 유전적 거리와 동질성을 분석한 결과는 Table 6에 제시되었다. 아집단간 유전적 거리는 0.00~0.034범위로서, A와 C 집단간은 유전적 거리 0.000으로서 동질적이었다. 그리고 A와 B 집단간도 0.002로서 거의 동질에 가까웠으며, B와 C, B와 D집단간이 각기 0.033과 0.034로서 유전적으로 다소 이질적인 관계를 보였다.]

그리고 Nei(1978)의 유전적 동질성을 나타내는 유사도 지수에 의한 UPGMA 유집분석 결과(Fig. 1), 유전적 거리와 같이 A와 C집단이 동질적으로 유집되었으며, B집단이 0.99이상의 동질성으로 2차 그룹으로 유집되었고, D집단은 보다 이질적으로 유집되었다.

아집단간 유전적 거리와 유전적 유사도 지수에 의한 유집 분석 결과는 집단의 지리적 거리 및 위치와는 일치하지 않는 결과를 보였다. 특히, A집단은 4개의 아집단 중 유일하게 성인봉 북서사면에 위치하는데도 불구하고 지리적으로 B집단보다 먼 C집단과 유전적 동질성을 보였으며, 지리적으로 C집단과 가까운 D집단이 유전적 거리가 가장 먼 것으로 나타나 아집단간 유전적 분화정도(5.57%)가 매우 낮은 결과를 보였다.

결론적으로, 울릉도 춘계 단명성 특산식물이며, 좁은 분포

Table 6. Pairwise Nei's genetic distance (above) and identities (below) in four subpopulations of *C. filistipes* in Korea

Subpopulations	A	B	C	D
A	*****	0.002	0.000	0.012
B	0.998	*****	0.033	0.034
C	1.000	0.997	*****	0.013
D	0.988	0.967	0.987	*****

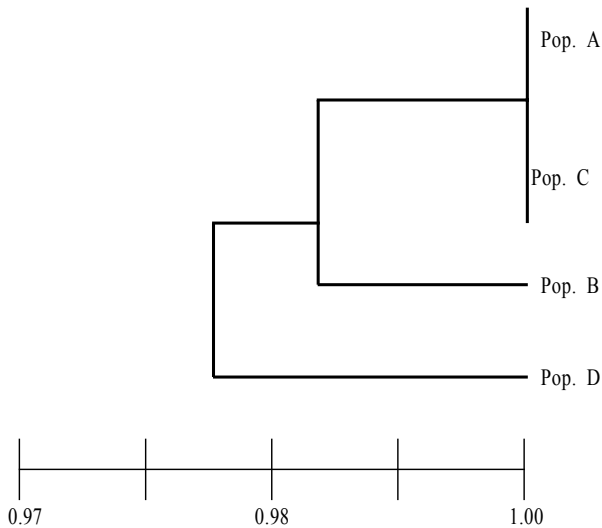


Fig. 1. A UPGMA dendrogram of *C. filistipes* using Nei's unbiased genetic identity.

역을 갖고 있는 섬현호색의 4개 아집단에 대한 동위 효소 marker를 이용하여 유전적 다양성과 구조를 분석한 결과 유전적 다양성은 분포역이 넓은 특산식물 종들에 비해서는 낮은 수준이지만, 섬에 고립된 유사한 생활사를 갖는 특산식물 종들에 비해서는 적절한 유전적 다양도 ( $H_e = 0.167$ )를 유지하고 있었다. 그리고 유전적 구조 분석 결과, 아집단내와 전체 아집단의 근친교배계수는 각각  $F_{IS} = -0.1889$ 와  $F_{IT} = -0.1226$ 로서 H-W의 평형구조 보다 높아 이형 접합자의 빈도가 높았으며, 아집단간 유전적 분화도는 매우 낮은( $F_{ST} = 0.0557$ ) 결과를 보였다. 또한 아집단간 유전적 거리는 매우 가까웠으며, 지리적 거리와 일치하지 않는 결과를 보였다.

따라서 섬현호색의 집단간 유전적 다양성의 유지와 합리적인 보전을 위해서는 집단의 demography 모니터링과 종자의 산포, 공간적 유전 구조와 같은 기초 연구가 필요하며, 또한 집단간 낮은 분화도를 감안하여 유전적 다양성이 높은 아집단을 대상으로 가능한 충분한 개체에서 종자 채취 후 현지내(in situ) 복원이 이루어져야 하고, 멸절과 멸종에 대비하여 현지외(ex situ) 보존원 조성 같은 보다 적극적인 보존 전략이 필요 하다고 판단된다.

적 요

울릉도의 특산 식물종으로서 희귀식물종이며, 춘계 단명성 식물로서 개미에 의해 종자 산포가 이루어지는 섬현호색(*Corydalis filistipes* Nakai) 4개의 아집단에 대하여 합리적인 보전 및 관리 대책 수립을 위하여 9개의 동위효소 marker를 이용하여 유전적 다양성과 구조를 분석하였다.

그 결과 평균 대립 유전자의 수( $A$ )는 1.73개, 95%수준에서 다형적 유전자좌의 비율은( $P$ )은 61.2%, 이형접합체의 평균 관

측치( $H_o$ )는 0.201, 기대치( $H_e$ )는 0.167로서 분포역이 넓은 특산식물 종들에 비해서는 낮은 수준이지만, 섬에 고립된 유사한 생활사를 갖는 특산식물 종들에 비해서는 높은 유전적 다양도를 유지하고 있는데, 그 이유는 소집단이기는 하나 적정수준의 개체수가 유지되고 있고, 타가수정을 주로 하며 개미에 의해 종자 산포가 이루어져 적응력이 높고, 또한 폐쇄화에 의한 유무성 번식 체계를 겸하기 때문인 것으로 판단된다. 그리고 유전적 구조분석 결과 아집단내( $F_{IS}$ )와 전체 아집단( $F_{IT}$ )의 근친교배계수가 각각 -0.1889와 -0.1226로서 H-W의 평형구조에 비해 이형접합자의 빈도가 높았으며, 아집단간 유전적 분화도는 매우 낮은( $F_{ST} = 0.0557$ ) 결과를 보였다. 그리고 우리나라 희귀 및 특산 식물종인 섬현호색의 유전적 변이의 유지 기작과 합리적인 보전과 관리 대책을 논의하였다.

인 용 문 헌

양인석. 1956. 울릉도의 식물. 경북대논문집 1: 245-274.  
 오수영. 1978. 울릉도산 관속식물상에 관한 연구. 경북대논문집 25: 131-201.  
 이석우, 김찬수, 조경진, 최완용. 1997. 희귀 수종 시로미의 유전변이. 한옥지 29: 376-381.  
 Chung HG, JM Chung, MG Chung. 1998. Allozyme variation in six flowering plant species characterizing Ullung Island, Korea. J Jap Bot 73: 241-247.  
 Chung MG. 1994. Genetic variation and population structure in Korean endemic species: III. *Hosta minor* (Liliaceae). J Plant Res 107: 377-383.  
 Chung MG. 1995. Genetic diversity in two Island endemics, *Hosta venusta* and *H. tsushimensis* (Liliaceae). J Jap Bot 70: 322-327.  
 Ellstrand NC, DE Elam. 1993. Population genetic consequences of small population size: Implications for plant conservation. Ann Rev Ecol Syst 24: 217-242.  
 Farnsworth E. 2001. New England Plant Conservation Program, Conservation and Research Plan, *Corydalis flavula* (Raf.) DC Yellow Corydalis. New England wild Flower Society, 180, Hemenway Road, Framingham, MA 01701, 508/877-7630.  
 Francisco-Ortega J, A Santos-Guerra, SC Kim, DJ Crawford. 2000. Plant genetic diversity in the Canary Islands: A conservation perspective. Am J Bot 87: 909-919.  
 Frankham R. 1996. Do island populations have less genetic variation than mainland populations? Heredity 78: 311-327.  
 Frankham R. 1998. Inbreeding and extinction: Island population. Conserv Biol 12: 665-675.  
 Hamrick JL and JW Godt. 1989. Allozyme diversity in plant species. in: Plant Population Genetic Resources (Brown AHD, Clegg MT, Kahler AL, Weir BS eds.). Sinauer Associates Inc. Publishers, Sunderland, MA. pp 43-63.  
 Hanzawa FM, AJ Beattie and A Holmes. 1985. Dual function of the elaiosome of *Corydalis aurea* (Fumariaceae): Attraction of dispersal agents and repulsion of *Peromyscus maniculatus*, a seed predator. Am J Bot 72(11): 1707-1711.  
 Karron JD. 1987. A comparison of levels of genetic polymorphisms

- and self-compatibility in geographically restricted and widespread plant congeners. *Evolutionary Ecology* 1: 47-58.
- Kudo G, Nishikawa Y, Kasagi T, Kosuge S. 2004. Does seed production of spring ephemerals decrease when spring comes early?. *Ecol Res* 19: 255-259.
- Lee SW, Kim YM, Kim WW, Jang SS, Chung JM. 2003. Genetic variation and structure of *Rhododendron brachycarpum* D. Don. a rare and endangered species in Korea. *Silvae Genetica* 51(5-6): 215-219.
- Levene H. 1949. On a matching problem arising in genetics. *Ann Math Stat* 20: 91-94.
- Min BM. 2003. Population's limit of *Corydalis* (Sect. *Pes-gallinacea*) group living in the same area. *Korean J Ecol* 26: 173-180.
- Nakanishi H. 1994. Myrmecochorous adaptations of *Corydalis species* (Papaveraceae) in southern Japan. *Ecol Res* 9: 1-8.
- Nei M. 1978. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics* 89: 583-590.
- Sneath PHA, RR Sokal. 1973. *Numerical taxonomy*. Freeman, San Francisco, Calif.
- Swofford DL, RB Selander. 1989. BIOSYS-1: a computer program for the analysis of allelic variation in population genetics and biochemical systematics. Release 1.7. Illinois Natural History Survey. II.
- Wright S. 1965. The interpretation of population structure by F-statistics with special regard to systems of mating. *Evolution* 15: 395-420.
- Yeh FC, Yang RC, Boyle T. 1997. POPGENE. Microsoft window-based freeware for population genetic analysis. Department of Renewable Resources. University of Alberta, Edmonton, AB, Canada.

(2006년 3월 22일 접수, 2006년 6월 21일 채택)

K C I