

## 울릉도 섬개야광나무의 보전학적 고려

김용식<sup>1\*</sup> · 장진성<sup>2</sup> · 신현택<sup>3</sup> · 김휘<sup>2</sup> · 최도열<sup>2</sup>

영남대학교 자연자원대학 자연자원학부<sup>1</sup>,  
서울대학교 농업생명과학대학 산림자원학과 및 수목원<sup>2</sup>,  
대구대학교 과학기술연구소<sup>3</sup>

섬개야광나무는 울릉도에 제한된 희귀 및 멸종위기식물로서 야생집단에 대한 현황이 알려져 있지 않은 채 환경부지정 멸종위기야생동식물로 지정되어 있다. 본 조사에서 현재 천연기념물로 지정된 도동지역에서는 개체를 확인할 수 없었으며, 대신 남양지역 47개체, 통구미지역에서 37개체 등 모두 84개체를 확인하였다. 위험한 훼손 요인으로는 등산객과 보호 펜스 설치로 인한 자생지의 파괴 등이 있으나 급경사 능선부이기 때문에 강한 바닷바람에 의한 훼손위험 가능성도 존재한다. 13개 동위효소 17개의 분석된 유전자좌위(locus) 중 오직 3개 유전자좌위(CAT-1, MDH-1, MNR-1)에서 다형성을 보였다. 남양지역에서의 다형성비율(P)은 17.46%, 통구미 지역에서는 11.76%를 보였으며 유전자좌당 평균대립유전자수(A)는 1.24, 1.18이었으며 평균 이형접합율(heterozygosity expected)은 각각 0.41, 0.43이었다. 또한, 유전자형을 조사한 결과 남양지역, 통구미지역에서 9개와 7개가 확인되었고 분석된 총 84개 개체에서는 11개의 유전자형이 확인되었다. 섬개야광나무는 과거에는 우리 나라 고유종으로 취급하였으나 최근 연구 결과 중국 내륙에 분포하는 광의의 *C. multiflorus*와 동일 종으로 판단된다. 따라서 기존의 분류학적 처리를 근간으로 한 협의의 개념에서는 적색목록평가에 의하면 위협종(CR)으로 평가되는 반면, 광의의 개념으로는 상대적으로 넓은 분포범위와 많은 개체수로 비위협종(LC)으로 판정되었다. 본 연구결과 울릉도에 자생하는 섬개야광나무는 극히 낮은 유전적 다양성을 유지하고 있는데 그 이유는 생육지의 감소로 인한 집단의 분절화와 분절된 개개 집단의 소멸로 이어지는 희귀화 과정으로 판단된다. 본 속은 무수정생식(apomixis)이 주요 번식전략으로 알려져 있는데 집단 간의 분절화와 개체수의 감소에 의한 유전적부동(genetic drift)은 대립유전자의 고정 혹은 손실이 진행되지만 추정되는 생식전략인 무수정생식방법은 유전 다양성을 일부 유지할 수 있는 기작으로 판단된다. 현재 섬개야광나무 집단의 90% 이상의 유전다양성을 확보하기 위해서는 약 28 개체를 임의로 선택하여 현지의보전하는 방법이 적절하다.

주요어 : 섬개야광나무, 유전다양성, 적색목록, 무수정생식, 현지의보전

\*교신저자 : 전화 (053) 810-2975, 전송 (053) 813-6470, 전자우편 : yskim1@yu.ac.kr

경상북도 울릉도는 육지와 비교하여 제한된 규모의 특징적인 생육지이면서 많은 희귀 및 멸종위기 생물종이 생육하고 있다. 그러나, 이러한 귀중한 생물종의 생육지임에도 불구하고 이를 위한 법률적 보호, 즉 천연기념물과 같은 수동적인 보호대책이외에는 특정 종에 대한 지속적인 집단의 변화추이(inventory 및 monitoring)에 대한 보다 적극적인 노력은 전무하다(임업연구원, 1996). 특히, 울릉도의 특산식물과 희귀 및 멸종위기식물을 포함한 자연 생태계는 관광객의 증가와 소득증대사업에 의해 더욱 급속히 파괴될 위기에 직면해 있으며, 이러한 자연생태계를 중요한 생물 자원이라는 인식 하에 효과적인 보전 관리가 필수적이다.

섬개야광나무는 집단의 규모가 매우 작고 분포가 울릉도로 제한된 희귀 및 멸종위기식물로서 시급하게 보전되어야 할 종으로 알려져 있다(임업연구원, 1996). *Cotoneaster*속은 남한 및 일본에서는 분포하지 않으며(Kitamura and Murata, 1981; Ohwi 1984; Lee, 1980) 아시아에서는 중국과 러시아에 만 알려져 있다. 그러나, 섬개야광나무는 울릉도내 야생집단에 대한 현황이 전혀 알려져 있지 않으며 또한, IUCN기준에 의한 섬개야광나무의 보전상의 지위에 대한 평가도 없으며, 다만 환경부지정 멸종위기야생동식물로 지정되어 있다.

특정 생물종이 장기간 자연 생육지에서 절멸하지 않고 자연 집단으로 유지되는지를 판단하기 위해서는 각 종에 알맞은 생태적 조건과 집단내 개체들의 동태(dynamics)와 집단들의 동태에 대한 이해가 필수적이다. 이와 함께 소멸되거나 줄어드는 특정 생물종의 현지외보전(*ex situ* conservation)과 현지내 보전(*in situ* conservation)을 위해서는 대상종의 유전적 다양성에 따른 적절한 개체 수에 근간을 둔 복원사업이 중요하다(Barrett and Kohn, 1991; Hamrick *et al.* 1991). 따라서, 특정 식물의 집단 유전구조의 분석과 이해는 곧바로 미래 보전전략과 밀접한 관계가 있으며 단순한 집단내 개체의 유전형에 대한 조사보다는 국한된 집단에서 어떠한 유전적 적응을 하고 있으며 과거나 현재의 교란(disturbance)에 의해 유전자부동현상에 의한 유전다양성 소실의 가능성을 예측할 수 있다. 따라서, 국내 일부 집단에만 국한되어 분포하는 희귀식물의 유전적 구조에 대한 이해는 바로 어떻게 식물을 보호할 것인가 하는 대책수립과도 관련이 있다. 집단간 및 집단내에서 유전 변이는 얼마나 존재하며, 집단 내, 집단 간 변이의 분포는 어떠한가, 그리고 집단 내에서의 유효집단의 크기(effective population size)와 집단 간의 유전자이동이 얼마나 되는가에 대한 답을 얻을 수 있다(Given, 1994). 잘 계획된 실험기법에 의해 희귀식물의 천연집단에 대한 복원은 그 성공 가능성이 훨씬 높고(Barrett and Kohn, 1991), 이는 집단 유전분석을 통해 표본추출의 정도를 구체적으로 설정할 수 있다. 특히, 단순한 개체 확보보다는 유전다양성에 근간을 둔 집단복원 방법이 성공할 가능성이 높다.

본 연구는 현재 자생지 내에서 멸종위기에 처한 섬개야광나무의 현지 및 현지의 보전을 위하여 섬개야광나무가 생육하는 지역의 특징과 개체군의 감소원인을 규명하고, 집단유전

분석을 통하여, 섬개야광나무 자생지에서의 보전을 위한 기초자료로 활용하고 아직 보고되지 않은 자생지가 있는지 등을 현지 조사를 통하여 밝히고자 한다.

## 재료 및 방법

섬개야광나무의 현지 보전으로 위하여 현재 천연기념물로 지정 보호되어 있는 울릉도 도동의 섬개야광나무 자생지 이외에 울릉도에서 섬개야광나무 집단에 대한 추가 확인을 위하여 탐문과 현지답사를 병행하였다. 답사결과 기존에 알려진 섬개야광나무 자생지 이외에 두 곳의 섬개야광나무 집단을 발견하였으며(Fig 1.), 주변지역에 대한 식물상과 현재의 군집상태, 토양, 유전자분석 등을 조사하였다. 조사지역에 대한 분포와 개체군에 대한 생태학적 정보를 확보하며, 특히, 정확한 집단분포확인차원에서 정확한 위치를 확인하고 검증표본은 서울대학교 농업생명과학대학 산림자원학과 식물표본관(SNUA)에 보관하였다.

2001년에 제안된 IUCN 赤色目録(IUCN, 2001)의 범주(category)와 평가기준(criteria)을 이용하여 섬개야광나무의 보전지위를 평가하였다. 특히, 섬개야광나무를 IUCN의 5개 평가기준(A-E)에 대해 RAMAS® Red List(Ver. 1.02) 프로그램을 이용하여 분석하였으며 그 결과를 1) 일반기록사항(Information), 2) 결과(Results), 3) 자료(Data) 등으로 나누어 제시하였다(Appendix I). 또한, 본 연구에서 평가된 범주와 환경부(1999)의 '식물구계학적 특정식물종 목록' 및 '멸종위기 동·식물 목록' (이 등, 1996)을 비교 검토하였다.

동위효소를 이용한 유전분석은 울릉도에서 두 개의 지점(남양, 통구미 지역)에서 전수를 채집하여 분석하였다. 남양의 일몰대 뒤쪽 바다를 마주보는 가파른 사면에서 47개체의 잎을 채취하였다(Fig. 1). 각 개체간 거리는 1m-3m정도 떨어져 있었고, 토양은 매우 건조하고, 토심은 얇으면서 주변에 암석이 많았다. 한편, 통구미 향나무 자생지에는 향나무 자생지 보호 철망뒤로 능선지역에 등산로 주변에서 채집되었다. 남양 일몰대와는 다르게 등산로를 따라 3-4 개체씩 나타났으며 모두 37개 개체를 채집하였다. 분포는 바다에 인접한(한쪽은 절벽)능선을 따라 500m에 걸쳐 분포하였다. 이 지역도 토양은 매우 건조하고, 토심은 얇았다.

채집된 시료는 Phosphate-polyvinylpyrrolidone, tris-Hcl grinding buffer를 이용하여 단백질을 추출하여 Whatman chromatography paper로 만든 심지에 흡수시킨 후 -70℃에 보관하였다. 전기영동은 12%의 전분젤을 이용하여 실시되었다. 모두 다섯 가지 조합의 Gel/electrode buffer를 이용하였으며, 조사한 효소는 glutamate oxalacetate transaminase (GOT), glucose 6-phosphate dehydrogenase(G6PDH), leucine amino peptidase(LAP), malate dehydrogenase(MDH), phosphoglucosomerase(PGI),

**Fig. 1.** Allele frequencies for three presumative allozyme loci from two populations of *Cotoneaster wilsonii*.

phosphoglucumutase(PGM), catalase(CAT), acid phosphatase(ACP) isocitrate dehydrogenase(IDH) Menadione reductase (MNR), 6-phosphogluconic acid dehydrogenase(6PGD), aldolase(ALD), alcohol dehydrogenase (ADH)로 모두 13개의 동위효소를 분석하였다.

Gel/electrode buffer의 조합은 다음과 같다; A-Lithium-borate, B-Sodium-borate, C-Tris-citrate, D-Morpholine-citrate, H-Histidine-citrate band의 염색방법은 Conkle등(1982)의 방법을 이용하였고 band에서 나타나는 추정상의 유전자좌(locus)는 가장 양극 쪽으로 이동한 것부터 1, 2로 정하였다. 추정상의 유전자좌의 대립유전자도 또한 가장 양극에 가까운 것부터 A, B, C 등으로 표시하였다. 모든 효소의 구조와 band의 유전적 해석은 Kephart(1990)의 방법을 따랐다.

유전구조에 대한 분석은 BIOSIS-1 program(Swofford, 1989)을 이용하여 다형성(polymorphism)을 보이는 유전자좌의 비율(percentage of polymorphic loci; *P*)과 유전자좌당 평균 대립유전자의 수(mean number of alleles per locus; *A*)를 측정하였고, 다형성을 보이는 유전자좌를 중심으로 각 개체의 유전자형을 조사하였다. 이들 유전자형의 빈도로 유전자형의 다형성을 측정하였고 이를 바탕으로 Brown and Briggs (1991)에서 사용한 무작위 임의추출방식에 의한 현지의 보전을 위한 적정 표본추출량을 측정하였다.

## 결과 및 고찰

생육지특성 및 집단정보 : 기존의 문헌에 의한 기록 외에 생육지가 발견된 울릉도의 남양지역(N 37°27'56.4", E 130°50'06.6")에서는 총 47개체가 확인되었다. 상층식생은 외래 수종인 아까시나무가 주로 우점하고 있으며, 중층식생은 섬피불나무, 아까시나무, 섬댕강나무, 섬단풍 및 우산고로쇠 등이 주로 생육하고 있었다. 하층식생은 해국이 우점을 차지하고 있으며, 그 밖에 섬초롱꽃, 참나리, 섬쑥부쟁이, 사철쑥, 섬대 등이 확인되었다. 이 지역은 고도 115m로, 북서방향에 위치하며, 토양수분은 10%, 토양산도는 pH 6.5이다. 자생지의 토양층은 부엽층이 20cm미만이며, 주로 양토층으로 되어 있었다. 이 지역에서 가장 위험한 훼손 요인은 등산로와 보호 펜스 설치로 인한 자생지의 파괴였다. 앞으로 적절한 통제를 하지 않을 경우 인간의 훼손으로 집단이 멸절될 가능성이 높다. 집단의 분포 면적은 10m×10m 이내의 매우 제한된 분포를 하고 있었다

통구미지역(N 37°27'33.5", E 130°51'27.5")은 현재 천연기념물 제 48호로 지정되어 있는 통구미 향나무 자생지역으로서 섬개야광나무가 본 지역에 자생하고 있는 것을 이번 조사에서 처음 확인하였다. 통구미 지역에 위치한 섬개야광나무 자생지는 사람의 접근이 거의 불가능하기 때문에 다른 지역에 비해서 인위적인 훼손 가능성은 매우 낮지만 자생지가 주로 급경사 능선부이기 때문에 인간에 의한 간섭보다는 강한 바닷바람에 의한 훼손위험의 가능성이 더 높을 것으로 판단된다. 자생지의 고도는 130m정도이며, 경사도는 60%로 매우 가파르며, 토양수분은 10-30%, 토양산도는 pH 5.2-5.6정도로 산성을 띠고 있으며, 부엽층은 10cm미만의 암석지대에 위치하고 있었다. 개체수는 총 37개체로서 여러 군데 골고루 산생 분포하고 있었다. 이 지역은 남양지역과 달리 치수의 생육이 좋고, 열매가 많이 성숙되어 있었으며 상층식생은 존재하지 않았다. 중층식생으로는 섬매말뚝, 짝자래 및 섬국수나무 등이 자생하고 있었으며, 하층식생은 해국이외에 사철쑥, 섬기린초, 땃땃이덩굴, 갯완두 및 참새귀리 등이 생육하고 있었다.

집단의 유전 구조 : 남양과 통구미의 두 개 집단의 84 개체를 대상으로 13개 동위효소를 이용하여 유전 다양성을 추정하였다. 남양지역집단의 유전 조사에서는 총 17개의 유전자 좌위(locus)가 확인되었는데 CAT-1, MDH-1, MNR-1을 제외하고는 모두 단형성(monomorphic)이었다(Fig 1). MDH-1는 남양과 통구미 집단 각각에서 3개의 allele이 모두 확인되었고 CAT-1의 경우에도 2개의 allele이 두 집단에서 각각 확인되었다. MNR-1은 남양집단에서만 2개의 allele을 확인할 수 있었으나, 통구미 집단에서는 MNR-1의 B allele로 고정되었다. 즉, 통구미 집단이 고정된 MNR-1을 제외하고는 두집단의 각 allele의 빈도는 비슷한 값을 보였다(Fig 1). 남양지역에서의 다형성비율(P)은 17.46%, 통구미 지역에서는 11.76%를 보였으며 유전좌당 평균대립유전자수(A)는 1.24, 1.18이었으며 평균 이형접합율(heterozygosity expected)은 0.41, 0.43 이었다. 각 집단내에서

**Table 1.** Fixation indices ( $F$ ) for *C. wilsonii*. The asterisk indicates that fixation indices differs significantly from Hardy-Weinberg expectations ( $P \leq 0.05$ ), a dash indicates that loci were monomorphic in the population.

Locus	Fixation index	
	Namyang	Tongumi
CAT-1	1.000*	0.275
MDH-1	0.245	0.006
MNR-1	0.018	----

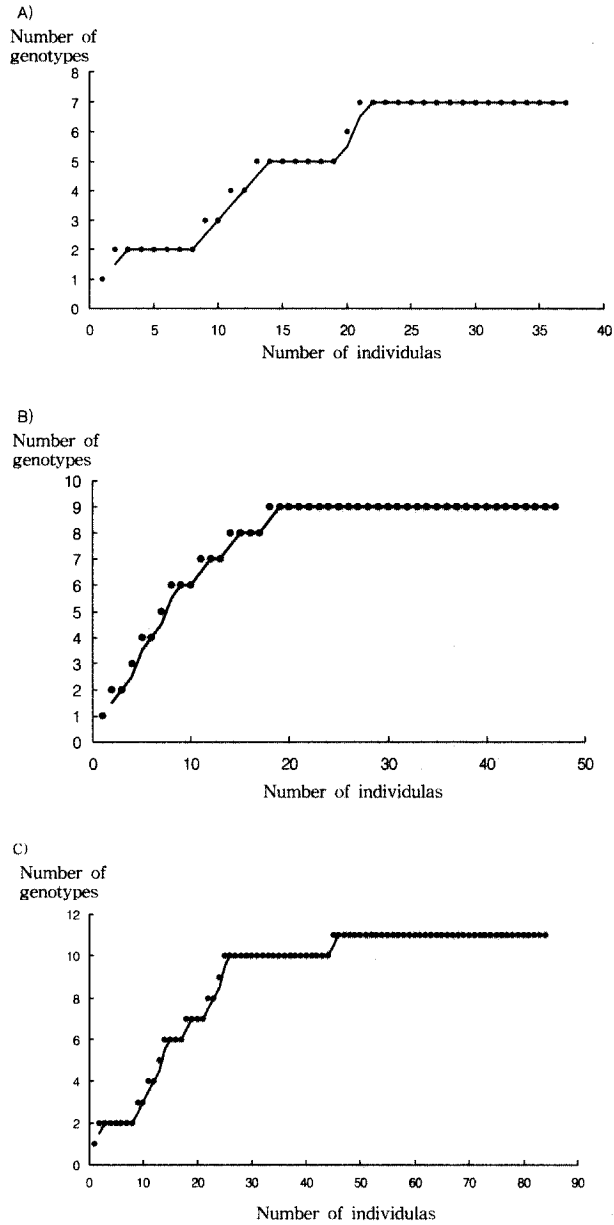
유전자좌위별로 Wright's fixation index 값(Table 1)을 구한 결과 모두 양의 값으로서 이형접합자의 비율이 낮게 나타났다. 즉, 교배가 가능한 개체들로 이루어진 한 개의 집단내에서 allele의 빈도와 유전형의 빈도를 바탕으로 Hardy-Weinberg 법칙에 의한 완전임의 교배가정에 추정된 유전자 빈도에 비해 이형접합률이 낮게 나타난 것을 의미한다.

두 집단에서 유전자좌위(locus)간의 조합으로 인한 유전자형(genotype)을 조사한 결과 남양지역, 통구미 지역에서 각각 9개와 7개가 확인되었다. 또한, 분석된 총 84개 개체에서는 11개의 유전자형이 확인되었다. 이중 2개의 유전형이 가장 우점하였고 대부분 나머지 9개의 유전자형은 최대 8개체에서 최소 1개체씩만 발견되었다. 남양집단의 경우 9개 유전자형중에서 3개 유전자형이 집단 특이적인 유전자형이었으며 통구미지역에는 2개 유전자형이 집단 특이적이었다. 유전자형에 이용하여 전체 개체의 Simpson 다양성지수(diversity index)의 수치는 0.88이었지만 두 개의 집단을 따로 계산 할 경우 통구미지역(0.73)은 남양지역(0.79)보다 낮았다.

본 연구에서 조사된 각 개체의 유전자형을 이용하여 7개 유전형을 확보하기 위해서는 통구미지역의 경우 전체 37개 개체 중 임의로 선택된 21개 개체를 표본 추출해야 하며(Fig. 2A), 남양집단의 경우 9개의 모든 유전형 확보를 위해서는 전체 47개 개체에서 임의로 18개 개체이상을 추출하여야 한다(Fig. 2B). 또한, 울릉도에 있는 모든 개체를 상대로 이와 같은 임의 추출방식을 적용할 경우 11개 유전형중에서 90%이상 즉 10개 이상의 유전형을 확보하기 위해서는 전체 개체 중에서 28개의 개체를 적정 표본추출량을 추정하였다(Fig. 2C).

IUCN Redlist 재평가 : 최근 분류학적 연구에 의하면(Chang and Jeon, 2002) 울릉도의 섬개야광나무(*C. wilsonii* Nakai)는 중국 내륙에 넓게 분포하는 *Cotoneaster multiflorus* Bunge와 형태적으로는 잎의 털의 정도에서 다소 차이가 있을 뿐 다른 주요 형질(화서, 열매의 모양 등)과 화학적 특성(flavonoids)에서 모두 동일하여 섬개야광나무를 별개의 종으로 보는 것은 타당하지 않다고 보고하였다.

IUCN 적색목록 평가에서는 범위를 전 세계 수준에서 실시하는 것을 권장하고 있는데



**Fig. 2.** Sample random capturing curves from two populations of *C. wilsonii*. (A) intrapopulation capturing at Tongumi; 21 individuals were expected to reach 100% of genotypic diversity, (B) intrapopulation capturing at Namyang; 18 individuals were expected to sample total genetic diversity (C) interpopulation capturing; 28 individuals were expected to reach 90% of total genetic diversity.

섬개야광나무가 중국에 분포하는 *C. multiflorus*와 동일종으로 보는 경우와 중국내륙과는 별개의 독립된 종으로 보는 경우 IUCN 적색목록 평가 결과가 상이하게 나올 수 있다. 우선, 섬개야광나무를 *Cotoneaster multiflorus* Bunge와 다른 종으로 볼 경우 IUCN의 평가기준 B1 B2cde B3cd의 기준(IUCN 2001)에 의해 CR(critically endangered)로 평가된다. 즉, 각 집단의 크기가 작고 심하게 분절화되어 있으며 분포 면적 및 점유면적이 매우 적고 현재의 집단의 과거의 집단크기에 비해 현저히 감소한가 그 기준이 된 것이다. 이 기준에 의하면 섬개야광나무는 야생에서 멸종할 가능성이 높은 것을 의미하고 적절한 보전 대책을 필요로 한다. 그러나, 중국 내륙에 분포하는 *C. multiflorus*와 동일종(Chang and Jeon, 2002)으로 보면 IUCN의 비위협종에 해당된다. 즉, *C. multiflorus*는 중국 중북부 내륙(黑龍江, 遼寧, 內蒙古, 河北, 陝西, 甘肅, 青海, 新疆, 四川, 雲南, 西藏)의 산지에 분포하며 분포 면적과 개체군의 크기가 매우 크다. 따라서, 이 경우 IUCN의 적색목록 평가에 의하면 희귀식물에서 제외되게 되지만 우리나라에 분포하는 식물에 대한 지역적 평가기준(regional scale)에서 본다면 CR(멸종위기)로 판정되기 때문에 지역수준에서의 종보전 차원에서는 관심을 가져야 할 종으로 판단된다.

특히, 섬개야광나무는 국내에서 제도적으로 환경부의 멸종위기 야생동식물로 지정되어 법적으로 보호받고 있다. 특히, 국내 ‘멸종위기 야생동식물’ 지정은 법적인 구속력이 있는 중앙정부의 행정적 보호수단임에도 불구하고 멸종이라는 용어를 사용하여 단순히 희귀식물이라는 주관적 잣대로 활용되고 있다. 식물의 분포는 국경과는 무관하며 국경 내에 분포하는 종의 멸절위기를 멸종위기 식물로 규정하여 실제로 전세계 규모에서 보호가 필요한 국내종에 대한 인력과 재정 등의 보전노력의 효율적인 배치를 불가능하게 만들고 있다(Chang, et al., 2001). 따라서, 제한된 자원과 인력을 갖고 있는 상황에서는 전세계규모에서의 멸종위기종(예 : 미선나무, 모데미풀)에 대해서 행정적 및 재정적 우선순위에 먼저 고려해야 하고 섬개야광나무와 같은 종에 대해서는 보호동식물 종으로 지정하는 것이 올바른 방법이라 생각된다.

보전방안 : 생육지의 감소는 가장 대표적인 희귀식물의 위협요인으로 희귀식물종이 특정한 생육, 요구조건을 갖는 경우 생육지의 감소는 결정적인 역할을 한다(Given, 1993). 울릉도라는 협소한 도서지역에 분포하는 섬개야광나무의 경우, 울릉도내에서도 통구미와 남양 지역의 절벽지대에 표고 115~130m에 제한적으로 분포하고 있다. 현재 섬개야광나무가 생육하고 있는 지역의 표고차, 토양조건, 및 식생구조를 바탕으로 한 생태적 지위로는 특정한 생육지 요구조건이 되기보다는 현재 경작, 목축 및 건축 등의 인위적인 훼손행위가 없는 지역에 국한되어 분포하는 것으로 판단된다. 즉, 현재의 집단은 최근에 형성된 집단이기보다는 과거 울릉도내에서 넓게 분포하였던 집단이 인간에 의한 간섭에 의해 대부분 훼손되고 극히 일부분의 집단이 사람들이나 가축동물 등이 접근이 불가능한 지역에서만 생육한 것으로 추정된다. 이는 울릉도내의 솔송나무, 향나무 등의 잔존 집단의 생육



형태와 매우 유사하다고 판단된다(김용식 등, 2000). 통구미 지역에 대한 최근의 위협요인으로는 통신용 안테나가 자생지 바로 옆에 위치하고 있어 안테나 추가 설치 또는 제거 시 자생지가 피해를 받을 것으로 생각되지만, 접근이 어렵기 때문에 추가적인 인공구조물의 설치가 없다는 전제하에 추가 인위적 훼손은 없을 것으로 판단된다. 섬개야광나무는 토심이 얇고 절벽의 생육환경으로 인하여 뿌리에 의한 영양번식은 관찰할 수 없었는데 주로 번식은 종자로 인한 차대 개체들의 도입만이 가능한데 성목의 개체 주위로는 어린 유묘는 관찰되지 않았다.

섬개야광나무와 같이 긴 시간에 걸쳐 유전 다양성의 소실을 겪은 특정식물에 대한 기초 자료의 부족은 일부 식물의 유전적 유효전략을 다른 종에 적용하기는 어렵다. 특히 진화적 시간에서의 유전적 영향과 생태적 위협에 의한 유전다양성의 소실(집단크기, 집단간 분리의 정도, 수분 기작, 종자 산포의 특징)이 복합적으로 내재되어 있는 상황에서 보전전략의 일반화는 복원/보호 사업의 실패를 가져다 줄 가능성이 높다(Barret and Kohn, 1991). 특히 섬개야광나무에서와 같이 울릉도의 식물상의 연구가 시작되고 *Cotoneaster*속이 울릉도에 분포하고 있다는 사실이 알려진 이후 울릉도의 원시림이 존재하고 있던 시절과 산림개발 이후의 집단의 변동에 대한 어떠한 근거 자료도 찾을 수 없는 상황에서 울릉도 섬개야광나무 집단의 유전다양성의 소실의 원인을 규명하기는 매우 어렵다(Nakai, 1918). 그러나, 본 연구에서 얻어진 섬개야광나무의 유전적 다양성은 다른 회귀식물 특히, 고유식물(Hamrick and Godt, 1989)들에서의 다형성비율( $P$ )과 평균대립유전자수( $A$ )가 각각 평균 40.0과 1.80이라는 것과 비교한다면 극히 낮은 유전적 다양성을 유지하고 있다는 것을 알 수 있고, 이러한 유전적 다양성의 소실은 생육지의 감소로 인한 집단의 분절화와 그것을 통한 분절된 개개 집단의 소멸로 이어지는 일반적인 회귀화 과정이 진행된 것으로 추측된다.

현재 종의 유전적 다양성과 집단의 유전적 구조에 영향을 주는 인자를 안다면 생물집단의 일반적 추측 혹은 예측이 가능하다. 특히 식물에 있어 수분기작(자가수정, 타가수정, 무성생식)은 회귀식물 연구에 절대적인 요인으로 알려져 있어 유형별 연구는 많은 도움을 준다. 섬개야광나무는 장미과 식물로 총매화처럼 보이는 화기구조와 충분한 양의 花蜜이 있으며 방문하는 곤충이 있음에도 불구하고 본 속에 있어 무수정생식(apomixis)이라는 무성생식이 주요한 전략으로 자가 혹은 타가 수분은 속내에서 거의 일어나지 않는 것으로 알려져 있다(Bartish *et al.*, 2001). 또한, *Cotoneaster* 속내에서 다배체(polyploids)인 개체에서는 apomixis가 지배적인 생식전략인 반면 일부 이배체(diploids)인 경우 유성생식도 가능한 것으로 보고되었다. 본 연구에서도 조사된 대부분의 개체에서 다량의 열매를 확인 할 수 있었기 때문에 인공수분실험을 통한 직접적인 breeding system에 대한 정보도 없음에도 불구하고 섬개야광나무에서도 이러한 무수정생식으로 인한 다수 종자결실이 가능함을 알 수 있다. 그러나, 유전적 다형성을 보이는 3개(통구미 집단은 2개)의 유전자좌

내에서 유전자 빈도, 이형접합자의 비율 및 양의 값을 갖는 유전적 고정지수는 일부 마가목속(*Sorbus*)이나 산딸기속(*Rubus*)에서의 극단적인 미세종(microspecies) 수준의 무수정생식 현상은 아닌 것으로 판단된다. 특히, 무수정생식 이외에 일부 타가수분이 존재한다면 선택적 타가수분이라는 수분기작으로 유전다양성이 다소 유지될 수 있다. 즉 집단 간의 생육지 파괴로 인한 분절화 즉, 집단간의 연속적인 분포가 없어지게 되고 점점 고립화되는 과정과 함께 개체수의 감소에 의한 유전적부동(genetic drift)은 대립유전자의 고정 혹은 손실이 진행되지만 일부 타가수정에 의해 이러한 유전 다양성을 일부 유지할 수 있는 것으로 알려져 있다(Richards, 1997).

섬개야광나무에서와 같이 분포가 한정된 식물과 특산종의 경우 대부분 유전적 부동과 유전적 병목현상으로 인한 유전 변이 감소는 직접적으로 유전다양성과 밀접한 관계가 있다(Hamrick *et al.*, 1991). 따라서, 현재 84개 개체만으로 이루어진 울릉도 섬개야광나무 천연집단의 현지내에서의 보전과 함께 현재 집단의 절멸화에 대한 보완방법으로 현지외에서 유전 다양성 보전을 위해 현지외 보전 전략이 요구된다. 즉, 현재 집단의 100% 유전 다양성 확보를 위해서는 통구미지역에서 21개 개체, 남양집단의 경우 18개 개체 도합 39개체를 선발하여야 하지만 울릉도에 있는 모든 개체를 상대로 90%이상 확보를 위해서는 약 28개체를 임의로 선택하는 방법이 적절하다. 따라서, 결실된 28개체의 종자를 임의로 확보하고 발아시켜 각 개체를 보전하는 것이 요구된다. 그러나, 장기간 집단에서 멸절하지 않고 자연 집단을 유지하기 위해서는 본 종에 알맞은 생태적 조건(=생활사; 종자발아율, 생존율 등)에 대한 연구와 조사가 요구된다(Barett and Kohn, 1991; Hamrick *et al.*, 1991; Given, 1994).

## 사 사

본 연구는 2001학년도 영남대학교 학술연구조성비에서 지원 받았습니다. 울릉도조사에 도움을 준 서울대 민웅기군과 영남대학교 대학원 오현경군에게 감사드립니다.

## 인 용 문 헌

- Barrett, S. C. H. and J. R. Kohn. 1991. Genetic and evolutionary consequences of small population size in plants: Implications for conservation. *In* Genetics and Conservation of Rare Plants. Falk, D. A. and K. E. Holsinger (eds.), Oxford University Press, New York. Pp. 3-30.
- Bartish, I. V., B. Hymö and H. Nybom. 2001. RAPD analysis of interspecific relationships in presumably apomictic *Cotoneaster species*. *Euphytica* 120:

273-280.

- Brown, A. H. D. and J. D. Briggs. 1991. Sampling strategies for genetic variation in *ex situ* collections of endangered plant species. *In* Genetics and Conservation of Rare Plants. Falk, D. A. and K. E. Holsinger (eds.), Oxford University Press, New York. Pp. 99-119.
- Chamberlain, J. R. 1998. Isozyme variation in *Calliandra calothyrsus* (Leguminosae): its implication for species delimitation and conservation. *Amer. J. Bot.* 85:37-47.
- Chang, C. S., H. Kim and Y. S. Kim. 2001. Reconsideration of rare and endangered plant species in Korea based on the IUCN Red List categories. *Kor. J. Plant Tax.* 31:107-142.
- Chang, C. S. and J. I. Jeon. 2002. Leaf flavonoids in *Cotoneaster wilsonii* (Rosaceae) from the island Ulleung-do, Korea. *Biochem. Syst. Ecology (In press)*.
- Conkle, M. T., P. Hodgskiss, L. Nunally, and S. Hunter. 1982. Starch Gel Electrophoresis of Conifer Seeds: A laboratory Manual General Technical Report PSW-64. USDA Forest Service. Pacific Southwest and Range Experiment Station.
- Given, D. R. 1994. Principles and Practice of Plant conservation. Timber Press, Portland, Oregon.
- Hamrick, J. L., M. J. W. Godt, 1989. Allozyme diversity in plant species. *In* Plant Population Genetics, Breeding and Genetic Engineering. A. H. D. Brown, M. T. Clegg, A. L. Kahler, and B. S. Weir (eds.), Sinauer, Sunderland, Mass.. Pp. 43-63.
- Hamrick, J. L., M. J. W. Godt, D. A. Murawski and M. D. Loveless. 1991. Correlations between species traits and allozyme diversity: Implications for conservation biology. *In* Genetics and Conservation of Rare Plants. Falk, D. A. and K. E. Holsinger (eds.), Oxford University Press, New York. Pp. 76-86.
- IUCN. 2001. IUCN Red List Categories: Version 3.1. Prepared by the IUCN Species Survival Commission. IUCN, Gland, Switzerland and Cambridge, UK.
- Kephart, S. R. 1990. Starch gel electrophoresis of plant isozyme: a comparative analysis of techniques. *Amer. J. Bot.* 75:1114-1119.
- Kitamura, S. and Murata, G., 1984. Colored Illustrations of Woody Plants of Japan. vols. I. revised edition. Hoikusha Pub. Co., Osaka (in Japanese).
- Lee, T. B. 1980. Illustrated Flora of Korea. Hyangmun Co., Seoul (in Korean).

- Lee, T. B. 1986. Dendrology. Hyangmunsa, Seoul. (in Korean).
- Nakai, T. 1918. Notulae plantae Japoniae et Koreae XVII. Bot. Mag. (Tokyo). 32: 103-110.
- Ohwi, J. 1984. Flora of Japan. Smithsonian Institute, Washington, D.C.
- Richards, A. J. 1997. Plant Breeding Systems. 2nd ed. Chapman & Hall. London. U.K.
- Sworford, D. L. 1989. BIOSYS-1: a computer program for the analysis of allelic variation in population genetics and biochemical systematics. Release 7. Illinois National History Survey.
- 김용식, 신현탁, 강기호. 2000. 울릉도의 관속식물상 및 희귀식물 보전대책. 영남대학교 자원문제연구논문집 1991: 13-30.
- 이원열, 이유미, 김용식. 1996. 희귀 및 멸종위기 식물. -보전지침 및 대상식물. 산림청 임업연구원.
- 임업연구원. 1996. 울릉도 산림생태계의 생물다양성. 한국자연보전협회
- 환경부. 1999. 자연환경보전법. <http://www.moenv.go.kr>
- 환경부. 2001. 제 2차 전국자연환경조사 지침. -식물구계학적 특정식물종을 포함한 식물상.

**Appendix I. Evaluation with RAMAS Red List version 1.0.2.0**Taxon name: *Cotoneaster wilsonii* Nakai

Taxon type: Species

Assessment: global

Assessor(s): Hui KIM

Date of assessment: 2001-12-24

Evaluators: Y.S. KIM

Date of evaluation: 2001-12-24

RAMAS Red List filename: D:\work\20010925~\Contonaster wilson.red

**INFORMATION**

Taxonomic information: Nakai, T. 1918 Bot. Mag. (Tokyo) 32: 104

Chang, C. S. and J. I. Jeon. 2002. Leaf flavonoids in *Cotoneaster wilsonii* Nakai (Rosaceae) from the island Ullung-do, Korea. Biochem. Syst. Ecology (In press).

Distribution: Korea,

Habitat: Ulleung Island

Threats:

Conservation:

Comments:

**RESULTS**

Status: CR (CR)

Listed under: B1 B2cde B3cd

Contribution:

Minus A: CR (CR)

Minus B: EN (EN)

Minus C: CR (CR)

Minus D: CR (CR)

Minus E: CR (CR)

Only A: LR (LR)

Only B: CR (CR)

Only C: LR (LR)

Only D: EN (EN)

Only E: DD (DD)

**OPTIONS**

Dispute tolerance: 50

Risk tolerance: 50

Burden of proof: 50

Justification for attitude options:

**DATA**

Generation time: [5, 7, 9] years (Qualifier: Inferred; Uncertainty: Subjective judgement)

Population size: [100, 150, 200] mature individuals (Qualifier: Observed; Uncertainty: Subjective judgement)

Past population size: 300 mature individuals (Qualifier: Observed; Uncertainty: )

Future population size: *unknown*

Extreme fluctuations: *unknown*

*Population Notes:*

Past reduction: 1 percent (Qualifier: Estimated; Uncertainty: Range of opinion)

Past reduction basis: c

Future reduction: 0 percent (Qualifier: Projected; Uncertainty: )

Future reduction basis: d

Continuing decline: yes (Qualifier: Observed; Uncertainty: )

Continuing decline in 5 to 9 years: 1 percent (Qualifier: Observed; Uncertainty: )

Continuing decline in 10 to 18 years: 1 percent (Qualifier: Observed; Uncertainty: )

Continuing decline in 15 to 27 years: 1 percent (Qualifier: Observed; Uncertainty: )

*Reduction Notes:*

Extent of occurrence: 20km (Qualifier: Observed; Uncertainty: )

Continuing decline: *ignored*

Extreme fluctuations: *ignored*

Area of occupancy: 0.5km (Qualifier: Observed; Uncertainty: )

Continuing decline: *ignored*

Extreme fluctuations: *ignored*

Continuing decline in habitat: [0.99] (Qualifier: Inferred; Uncertainty: Subjective judgement)

Acute restriction: *ignored*

*Extent and Area Notes:*

Number of subpopulations: 2 (Qualifier: Observed; Uncertainty: )

Number of locations: 2 (Qualifier: Observed; Uncertainty: )

Subpopulations (name and size):

Namyang 47

Togumi 37

Continuing decline in the number of subpopulations or locations: *unknown*

Extreme fluctuations in the number of subpopulations or locations: *unknown*

Size of the largest subpopulation: 50 mature individuals (Qualifier: Inferred; Uncertainty: Subjective judgement)

All individuals in one subpopulation: no (Qualifier: Observed; Uncertainty: )

Severely fragmented: yes (Qualifier: Observed; Uncertainty: )

*Fragmentation Notes:*

Extinction probability in 15 to 27 years: *ignored*

Extinction probability in 25 to 45 years: *ignored*

Extinction probability in 100 years: *ignored*

PVA model filename-Pessimistic:

PVA model filename-Best Estimate:

PVA model filename-Optimistic:

*Risk Notes:*

## Conservational status of *Cotoneaster wilsonii* on Island Ulleung-do

Kim, Yong-Shik<sup>1\*</sup>, Chin Sung Chang<sup>2</sup>, Hyun-Tak Shin<sup>3</sup>,  
Hui Kim<sup>2</sup> and Do-Yol Choi<sup>2</sup>

School of Natural Resources, College of Natural Resources,  
Yeungnam Univeristy<sup>1</sup> The Arboretum and Dept. of Forest Resources,  
Agriculture and Life Science, Seoul National University<sup>2</sup>, Institute  
of Science & Technology, Taegu University<sup>3</sup>

The shrub plant, *Cotoneaster wilsonii* Nakai, endemic to Ulleung-do of East sea in Korea is considered a rare plant. Distribution of genetic variation and ecology were investigated in two populations (only total 84 individuals) using 13 allozyme enzymes to better understand its population biology and to comment on management proposals relevant to this species. Measures of genetic variation in this species were lower than values reported for species with similar ecological and life history traits (ca. 15 % of loci polymorphic within populations, 1.21 alleles per polymorphic locus, and 0.42 expected heterozygosity, respectively). A total of 17 putative loci were scored, but only three loci were polymorphic in at least one population. We examined all patterns of genotypes from these two populations where nine and seven genotypes (11 genotypes from all 84 individuals) were detected. We have applied the IUCN Red list criteria to this species based on this current inventory. Since *C. wilsonii* in Korea was treated as an endemic (*sensu stricto*) or a synonymized taxon to central Chinese species, *C. multiflorus* (*sensu lato*), we applied these *sensu lato* (*sl*) and *sensu stricto* (*ss*) concepts to this taxon. *C. wilsonii* (*ss*) were evaluated as Critically Endangered (CR), while *C. multiflorus* turned out to be Least Concern (LC) due to the abundant individuals and wide distribution in central China. The current population genetic structure was probably a result of a population bottleneck at colonization or the result of local extinction of intervening populations and the small effective population size with the recent human disturbance. The mating system of *Cotoneaster* is known largely as apomixis. The lack of diversity we found within populations is consistent with genetic bottleneck, especially combination with the evidence for apomixis. More speculative possibility,



is that these populations have always been relatively small and isolated, with the capacity to maintain levels of genetic variability in association with partly outcrossing as well as apomixis. To preserve extant variation in this species, sampling of minimum 28 individuals out of 84 individuals randomly in order to obtain 90% genetic diversity would be essential for maximizing the level of genetic variability for *ex situ* conservation.

Key words : Apomix, *Cotoneaster wilsonii*, *ex situ* conservation, genetic diversity, IUCN Red List

---

\*Corresponding author Phone : +82-53-810-2975, Fax : 053-813-6470,  
e-mail : yskim1@yu.ac.kr