韓資植誌 20(1) : 79~85(2007)
Korean J. Plant Res.

북극권 Svalbard 지역과 한국에 분포하는 *Saxifraga* 속 식물의 유전적 다형성 비교

서효원, 강성호[1], 이정윤, 박영은, 조지홍, 안원경, 유동림*
농촌진흥청 고령지농업연구소, [1]한국해양연구원 부설 극지연구소

Comparison of Genetic Diversity of *Saxifraga* Species Distributed in the Arctic Svalbard and Korea

Hyo-Won Seo, Sung-Ho Kang[1], Jung-Yoon Yi, Young-Eun Park, Won-Gyeong Ahn, Cho Ji-Hong and Dong-Lim Yu*
National Institute of Highland Agriculture, RDA, Pyeongchang 232-955, Korea
[1]Korea Polar Research Institute, KORDI, Incheon, 406-840, Korea

Abstract - The species in genus *Saxifraga* distributed in circumpolar arctic are taxonomically difficult to study. RAPD analyses were performed to compare the genetic diversity of the 16 Saxifrages originated from the Norwegian Arctic Svalbard and Korea. The 12 accessions of URP primers were tested and 4 of which showed polymorphism were selected. Total 79 (44.8%) DNA bands were scored and analyzed by UPGMA cluster analysis. The results indicated that all of the 9 *Saxifraga* species from Svalbard showed high genetic diversity than those from Korea. The Similarity matrix and cluster analyses indicated that the *Saxifraga* species from Svalbard and Korea can be divided into two different subgroups. RAPDs of the *Saxifraga* species of Korea showed higher homologous patterns than those of Arctic *Saxifrage*. Among the *Saxifraga* species, we found that the morphological similarity reflects the genetic similarity. The geographic distance, clonal reproduction, and environmental condition may contribute the high level of genetic diversity between *Saxifraga* species from the two isolated regions.

Key words - Arctic plant, Biogeographical diversity, Genetic diversity, RAPD, *Saxifraga*

서 언

Saxifraga 속 식물들은 대부분 다년생 초본으로 전 세계적으로 300여종이 분포하고 있다(이, 1998). 이 속에 속하는 식물들은 북반구 서북 온대지역과 북극권 지역에 주로 분포하고 있으며, 아시아 지역에는 비교적 적게 분포하고 있다(www.botany.com). 북극권인 Svalbard 지역에서는 14종의 *Saxifraga* 속 식물에 대한 기록을 확인할 수 있고, 일부 종들에서 나타나는 종내 변이를 아종으로 기재한 경우도 확인할 수 있으며(Rønning, 1996), 다양하게 분화된 생태형(ecotype)들이 분포하고 있는 것으로 조사된 바 있다(Gugerli, 1998; Chwedorzewska *et al.*, 2005). 일부 *Saxifraga* 종의 경우 분자생물학적 연구 결과를 통해 북극에서 유래하여 북극권 전체에 분포되었을 가능성이 고찰된 바 있다(Abott *et al.*, 2000). 우리나라에는 총 9종 3변종이 기록되어 있으며(이, 1998), 대부분의 국내 분포종은 일본에도 분포하고 있다. 외국의 경우 *Saxifraga* 속의 다양한 종들에 대한 자원화 연구와 원예적 활용에 대한 연구(Weeb and Gronall, 1989)가 활발한데 비해 우리나라에서는 내음성 지피식물로서 소규모로 재배되고 있거나 화훼용 품종 개발을 위한 연구가 부분적으로 이루어진 바 있다(Hong *et al.*, 2001). 또한 국내 자생종들과 원예종간의 유연관계 분석을 시도한 일부 보고(Hong *et al.*, 2001)와 바위떡풀(*S. fortunei*)의 생리생태연구에 대한 보고를 일부 확인할 수 있다(Lee *et al.*, 1985).

북극 지역에 분포하는 *Saxifraga* 속 식물들은 저온기후에 적응하여 독특한 형태를 이루며 생육하고 있으며, 성숙된 종자를 맺기 어려운 환경에 적응하여 생육하고 있으므로 대부분의 종에서 종내 개체군간 유사성이 매우 높은 것으로 보고된 바 있다(Webb and Gornall, 1989). 그러나 최근까지 북극권 지역에 분포하고 있는 이 속 식물들의 RAPD, AFLP 및 ribosomal DNA 간 ITS분석을 통하여 개체 간 유전적 다형성이 비교적 높게 존

*교신저자(E-mail) : ydl5901@rda.go.kr

재하고 있음이 보고되고 있다 (Gabrielsen and Brochmann, 1998; Kjølner *et al.*, 2004; Kapralov, 2004). 뿐만아니라 엽록체 DNA와 같은 세포내 소기관의 유전자 변이를 이용하여 종내 변이를 조사한 연구도 수행된바 있다(Holderegger and Abbott, 2003). *Saxifraga* 속 식물들은 자연상태에서 다양한 배수성을 나타내며, 이러한 유전적 특성은 RAPD 분석결과의 재현성을 낮추거나 개체군간 유전적 변이 폭이 지나치게 검출되는 결과를 초래하기도 하지만 개체군간의 유전적 변이나 종분화 방향의 추정 연구 등에 유용하게 활용되고 있다(Maynard, 1989; Alfonso and Bamberg, 2000; Kjølner *et al.*, 2004). 최근까지 다양한 분자생물학적 연구기법들이 동일 속 내 종들의 유전적 유연관계를 판단하기 위하여 활용되고 있는데 (Dubouzet *et al.*, 1997; Parfitt and Badenes, 1997; Congiu *et al.*, 2000) 특히, 생물지리학적 연구를 위해 광범위한 지역에 분포하는 동일 속 생물들을 수집하여 그 유연관계를 분석하는 PCR을 기반으로 한 분자생물학적 기술이 주로 활용되고 있다 (Vargas *et al.*, 1998; Alfonso and Bamberg, 2000; Buntjer *et al.*, 2002).

본 연구는 북극지역 Svalbard에 분포하는 *Saxifraga* 속 식물들과 지리적으로 격리가 된 한국에 분포하는 종간의 유전적 다형성 정도를 파악하여 두 지역에서 독립적으로 진행된 종간 유전적 분화 정도를 파악하기위해 수행되었으며, 북극지역의 저온환경에 적응된 *Saxifraga* 속 식물 종들의 자원화 연구의 기초를 제공하기 위해 수행되었다.

재료 및 방법

식물 재료

실험에 사용된 *Saxifraga* 속 식물들은 노르웨이령 Svalbard 지역에서 채집된 9종과 한국에서 수집되어 고령지농업연구소와 한국자생식물원에서 유지하며 증식중인 7종을 재료로 활용하였다(Fig. 1, Table 1). 2005년 8월 3일부터 8월 16일까지 북극다산과학기지가 소재한 Svalbard 지역 Brøgger-halvøya 지역 (N 78° 55', E 11° 54')에서 채집하여 동정된 개체들과 국내에서 수집된 식물들의 근생엽 2-3개를 채취하여 재료로 활용하였다.

DNA의 분리와 PCR-RAPD 분석

16종의 서로 다른 *Saxifraga* 종의 DNA 분리를 위해 각각 100mg 동결된 잎 조직을 이용하였으며, DNeasy Plant Mini Kit(QIAGEN, USA)를 활용하여 분리하였다. 분리된 total DNA는 50~400㎍/ml로 확인하였으며, 각각 200ng/mL로 농도를 맞추었다. PCR은 Accupower PCR Premix(Bioneer K2014, Korea)를 이용하였으며, 100 pmole의 URP random primer(Seolin Scientific, Korea, table 2)와 200ng template DNA를 포함한 최종 20㎕의 반응액을 제조하여 수행하였다. 증폭을 위한 반응은 최초 5분의 pre-denaturation 후 94℃/1분, 55℃/1분, 72℃/2분의 과정으로 40회 수행하였으며, 이 후 72℃에서 5분간 반응 후 4℃에 저장하였다. PCR 산물은

Fig. 1. Flowering characteristics of typical *Saxifraga* species collected from Norwegian Arctic Svalbard, Brøgger-halvøya. a: *S. cernua*, b: *S. nivalis*, c: *S. herculus*, d: *S. hieracifolia*, e: *S. aizoides*, f: *S. caespitosa*, g: *S. oppositifolia*.

Table 1. List of genus *Saxifraga* species for RADP analyses in this study

No	Scientific name	Geographical origination	Coordinates
1	*S. cernua*	Svalbard	78° 55′ N, 11° 54′ E
2	*S. svalbardensis*	Svalbard	78° 58′ N, 11° 55′ E
3	*S. foliolosa*	Svalbard	78° 55′ N, 11° 56′ E
4	*S. hieracifolia*	Svalbard	78° 54′ 93″N, 11° 55′ 41″E
5	*S. nivalis*	Svalbard	78° 55′ 06″N, 11° 54′ 41″E
6	*S. aizoides*	Svalbard	78° 55′ N, 11° 53′ E
7	*S. hirculus*	Svalbard	79° 04′ N, 11° 46′ E
8	*S. cespitosa*	Svalbard	78° 55′ 09″N, 11° 54′ 97″E
9	*S. oppositifolia*	Svalbard	78° 58′ 05″N, 11° 56′ 96″E
10	*S. fortunei* var. *incisolobata*	Korea	
11	*S. stolonifera*	Korea	
12	*S. mandshuriensis*	Korea	
13	*S. oblongifolia*	Korea	
14	*S. octopetala*	Korea	
15	*S. punctata*	Korea	
16	*S. fortunei*(x)(No. 49)	Korea	

Table 2. URP primers used in RAPD analyses of *Saxifraga* species

No.	*Accession	Sequence
1	URP 1	5'-ATCCAAGGTCCGAGACAACC-3'
2	URP 2	5'-CCCAGCAACTGATCGCACAC-3'
3	URP 3	5'-GTGTGCGATCAGTTGCTGGG-3'
4	URP 4	5'-AGGACTCGATAACAGGCTCC-3'
5	URP 5	5'-GGCAAGCTGGTGGGAGGTAC-3'
6	URP 6	5'-ATGTGTGCGATCAGTTGCTG-3'
7	URP 7	5'-GGTGAACAGTGAGATGAACC-3'
8	URP 8	5'-TACATCGCAAGTGACACAGG-3'
9	URP 9	5'-AATGTGTGGCAAGCTGGTGG-3'
10	URP10	5'-GATGTGTTCTTGGAGCCTGT-3'
11	URP11	5'-GGACAAGAAGAGGATGTGGA-3'
12	URP12	5'-GGCATTCTACCACCACAAGT-3'

*Accession numbers of SRILS UniPrimer Kit.

ethidium bromide가 포함된 1.2%(W/V) agarose gel 상에서 5.0volt/cm 조건에서 40 분간 전기영동한 후 UV하에서 사진으로 기록하였다.

RAPD 분석

증폭된 DNA 밴드의 유무에 따라 1(band present)과 0(band absent)으로 prifile을 작성하여 simple matching coefficients(Ssm=고유 밴드의 수 / 분석에 사용된 총 밴드의 수)를 산출 하였다. 유사도 매트릭스(Similarity matrices)는 Ssm(Sneath and Sokal 1973)를 활용한 UPGMA cluster analysis(Sokal and Michener 1958)로 작성하였다. 유사도를 도식화하기 위한 Dendrogram은 dissimilarity index(d=1−Ssm)를 근거하여 UPGMA method로 산출하였으며, 통계적인 유사도 산출은 Nei's estimation(Nei, 1972)에 근거하여 수행하였다.

결과 및 고찰

총 12종의 URP primer(Table 2)를 사용하여 *Saxifraga* 속에 속하는 16종들 간의 유전적 다형성을 조사하였다. 사용된 프라이머 중 URP 2, URP 4, URP 5와 URP 7의 경우 분석 가능한 밴드의 다형성을 확인하고 RAPD분석에 활용하였다(Fig. 2). URP2, URP 4, URP 5와 URP 7로 증폭된 총 176개의 밴드 중 79개(44.8%)의 다형성 밴드가 확인되었다. Nei's estimati-on에 의한 유사도는 Fig. 3과 같이 분석되었으며, UPGMA cluster analysis를 통한 종간 다형성 밴드들의 similarity values는 Fig. 4와 같이 도식화되었다.

한국에서 수집된 7종을 포함하여 총 16종의 *Saxifraga* 속 식물을 분석한 결과 수집지역간 뚜렷이 구분할 수 있는 두개의 그룹으로 구분할 수 있었다. 지리적 격리에 따른 식물들에 대한 유전적 다형성의 비교 분석 연구 사례는 다른 속 생물을 이용한 앞선 보고들(Vargas *et al.*, 1998; Kjolner *et al.*, 2004)을 통해 확인할 수 있는데, 최근 생물지리학적 연구나 분자생태학분야에서 주요한 기술적 방법으로 많이 활용되고 있다. 한국에서 수집된 *Saxifraga*속 식물 종간에는 유사도가 매우 높게 나타났으며, 북극지역에서 수집된 종간에는 *S. hieracifolia*와 *S. nivalis*, *S. aizoides*와 *S. hirculus*를 제외하고는 종간의 유사도가 매우 낮은 것으로 확인되었다. 두 지역에서 수집된 종간의 낮은 유사도는 지리적인 격리에 의한 것으로 판단되었으며, 북극 지역에 분포하는 종간의 낮은 유사도와 다양한 종의 분포는 이 지역을 포함한 북극권이 *Saxifraga*속 식물의 종 분화 근원지일 가능이 있음을 의미한다. Brochmann 등은 (1998) 북극지역에 분포하는 *Saxifraga*속 종들은 염색체 배수화 과정을 통하여 분화하였을 것으로 제안한바 있다. 또한 *S. svalbarden*−

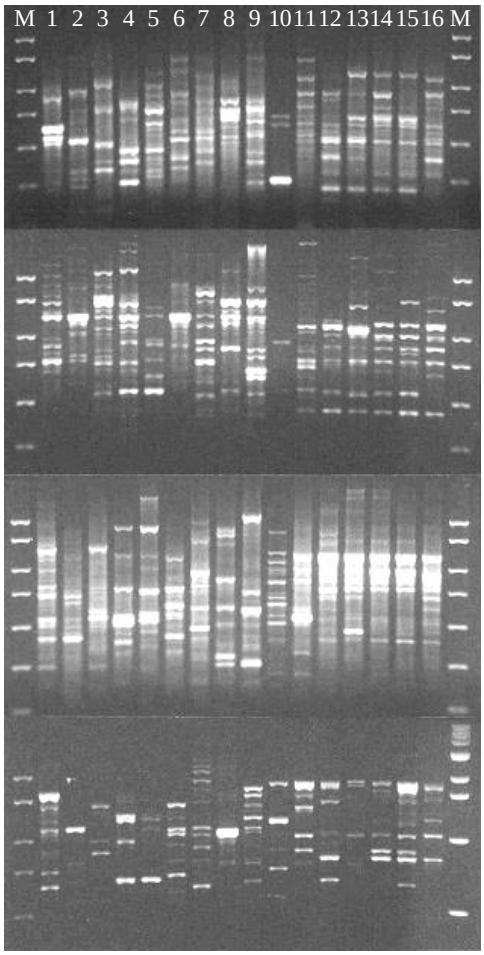

Fig. 2. Pattern of RAPD fragments generated by primer URP 2, URP 4, URP 5 and URP 7 for 16 *Saxifraga* species. M: PCR marker, 1: *S. cernua*, 2: *S. svalbardensis*, 3: *S. foliolosa*, 4: *S. hieracifolia*, 5: *S. nivalis*, 6: *S. aizoides*, 7: *S. hirculus*, 8: *S. caespitosa*, 9: *S. oppositifolia*, 10: *S. fortunei* var. *incisolobata*, 11: *S. stolonifera*, 12: *S. mandshuriensis*, 13: *S. oblongifolia*, 14: *S. octopetala*, 15: *S. functata*, 16: *S. fortunei* (No.49).

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16
1	1.00															
2	0.62	1.00														
3	0.67	0.65	1.00													
4	0.58	0.59	0.64	1.00												
5	0.55	0.59	0.58	0.79	1.00											
6	0.56	0.67	0.59	0.62	0.62	1.00										
7	0.59	0.67	0.65	0.68	0.65	0.76	1.00									
8	0.55	0.65	0.58	0.67	0.70	0.65	0.68	1.00								
9	0.50	0.52	0.53	0.65	0.65	0.64	0.67	0.65	1.00							
10	0.58	0.59	0.52	0.61	0.67	0.53	0.59	0.61	0.50	1.00						
11	0.53	0.52	0.47	0.50	0.59	0.61	0.58	0.56	0.58	0.62	1.00					
12	0.62	0.55	0.44	0.53	0.65	0.58	0.58	0.59	0.52	0.59	0.76	1.00				
13	0.55	0.62	0.43	0.55	0.67	0.56	0.56	0.64	0.53	0.61	0.71	0.74	1.00			
14	0.53	0.55	0.41	0.47	0.65	0.52	0.55	0.59	0.49	0.62	0.73	0.76	0.83	1.00		
15	0.53	0.55	0.38	0.50	0.59	0.52	0.52	0.56	0.52	0.59	0.70	0.76	0.80	0.85	1.00	
16	0.59	0.61	0.50	0.59	0.65	0.58	0.55	0.59	0.55	0.62	0.76	0.76	0.77	0.82	0.73	1.00

Fig. 3. Similarity matrix of the pattern of polymorphic DNA bands generated by URP 2, URP4, URP5 and URP7. 1: *S. cernua*, 2: *S. svalbardensis*, 3: *S. foliolosa*, 4: *S. hieracifolia*, 5: *S. nivalis*, 6: *S. aizoides*, 7: *S. hirculus*, 8: *S. caespitosa*, 9: *S. oppositifolia*, 10: *S. fortunei* var. *incisolobata*, 11: *S. stolonifera*, 12: *S. mandshuriensis*, 13: *S. oblongifolia*, 14: *S. octopetala*, 15: *S. functata*, 16: *S. fortunei* (No.49).

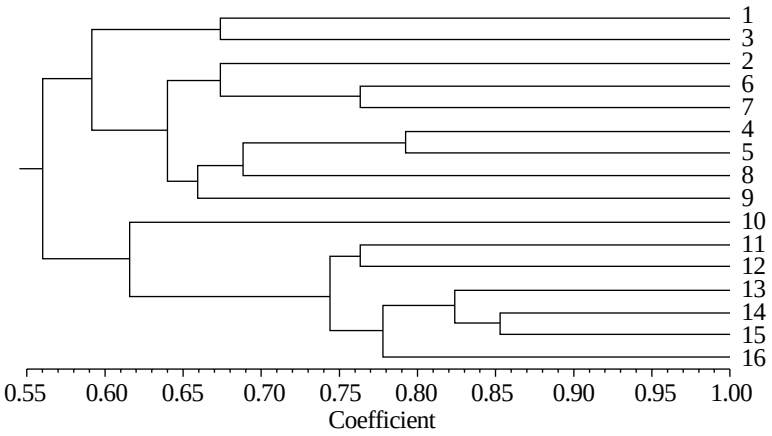

Fig. 4. Phenogram of 16 *Saxifragra* species generated by UPGMA similarity values given in figure 3-2. 1: *S. cernua*, 2: *S. svalbardensis*, 3: *S. foliolosa*, 4: *S. hieracifolia*, 5: *S. nivalis*, 6: *S. aizoides*, 7: *S. hirculus*, 8: *S. caespitosa*, 9: *S. oppositifolia*, 10: *S. fortunei* var. *incisolobata*, 11: *S. stolonifera*, 12: *S. mandshuriensis*, 13: *S. oblongifolia*, 14: *S. octopetala*, 15: *S. functata*, 16: *S. fortunei* (No.49).

*sis*의 경우 개체군간 유전적 다형성이 매우 유사한 반면 *S. cerunua*의 경우 개체군간 매우 다양한 다형성을 보인다는 사실을 확인하여 일부 종의 경우 현재도 변이를 통한 종의 분화가 진행되고 있음을 주장하였다. *S. hieracifolia* 와 *S. nivalis*, *S. aizoides*와 *S. hirculus*는 증폭 DNA의 분리 패턴이 다른 종들보다 서로 유사한 것으로 나타났는데 실제 다른 종들에 비해 서로 생육과 형태적인 특성이 두 종간 매우 유사한 것을 확인할 수 있다(Fig. 1). 생물이 가지는 형태적인 변이는 유전적 변이를 반영하는 것이라 판단할 수 있다. 본 연구결과에서도 우리나라와 일본에 공통으로 분포하는 7종의 *Saxifraga* 속 식물들의 유전적 다형성이 북극권 Svalbard 지역에 분포하는 종들에 비해 속간 유사도가 높은 그룹을 형성하는 것을 확인할 수 있다. 실제 우리나라에 분포하는 *Saxifraga* 속 식물들의 형태적 유사성은 Svalbard지역 수집종 들에 비해 매우 높다는 것을 확인할 수 있었다. 그러나 분석에 활용되지 못한 우리나라 자생종중에도 형태적으로 매우 큰 차이를 보이는 종들이 있어 이들이 포함되었을 경우 다른 결과가 얻어졌을 것이라 판단된다. 실제로 북극권과 우리나라에 같이 분포하는 유일한 종으로 평가된 *S. cernua*의 경우 우리나라에서 수집된 다른 종들과 매우 큰 유전적 차이를 나타내는 것을 확인할 수 있었다(Fig. 4). 또한 본 연구에 활용되지 못한 범의귀(*S. furumii)*나 구름범의귀(*S. laciniata*)와 같이 형태적으로 확연이 차이가 나는 다른 종이 포함되었을 경우 한국에서 수집된 종들 간의 유사도가 다소 낮아졌을 가능성이 있는데, 이들 종들은 주로 백두산을 포함한 북부고산지역에 분포하고 있어 수집이 곤란한 종들로 본 연구의 재료로 포함하지 못하였다.

극지역에 분포하는 식물 종들의 자가수분성(self-compatibility)은 화분 매개곤충의 낮은 밀도에 적응한 형태로 인식되고 있으며, 이러한 이유로 인해 극지와 고산지역에 분포하는 식물 개체군간에는 유전적 다형성이 낮은 것으로 고찰된바 있다(Richard, 1986). 특히 북극지역에 분포하는 종들은 영양체로 증식하는 경우(*S. cernua, S. foliolosa*)가 많이 보고된 것도 이러한 환경에 적응한 결과로 보고된 바 있다(Molau 1992; Bauert 1993). 이러한 고찰과는 달리 북극지역에 분포하는 *Saxifraga* 속에서 나타나는 종간 높은 다형성의 결과는 어떻게 형성되었는지에 대한 보고는 확인된 바 없다. 종간에 나타나는 높은 유전적 다형성은 비록 낮은 빈도로 이루어지지만 높은 서식 밀도를 보이는 북극 식물종 개체군에서 이루어지는 종자 증식과정으로 이루어 질 수 있다. 실제 낮은 빈도로 유성적인 증식을 하는 동일 속 *S. cernua*의 경우 개체군 간에 비교적 높은 유전적 다형성이 최근 확인된 바 있다(Kjolner *et al.*, 2004). 또 다른 가능성은 다른 종간의 이계교배(out-crossing)에 의한 것으로 판단할 수 있다. 이러한 가능성은 극지에 분포하는 *S. oppositifolia, Silene acaulis*등 여러 고등식물에서 여러 연구보고를 통해 확인할 수 있다(Miller *et al.*, 1994; Abbott *et al.*, 1995; Gabbrielsen *et al.*, 1997). 이계교잡 과정을 통한 개체군간 다형성의 유지는 북극 툰드라지역과 같은 불리한 생육환경에서 종을 보존하기 위해 오랜 기간 적응한 형태로 보는 견해도 있다(Crawford and Abbott 1994; Dudash 1990). 본 연구결과에서 확인된 북극지역에 분포하는 *Saxifraga* 속의 다양한 분포와 종분화는 극한 생육환경에서 종을 보존하고자하는 적응형태로 판단된다. 현재까지 알려진 세계적으로 분포하는 *Saxifraga* 속 식물은 약 300여종이며, 비교적 좁은 면적에 해당하는 Svalbard 지역에 최소 20종의 *Saxifraga* 속 식물이 분포한다는 점은 이 지역을 포함한 북극권이 *Saxifraga* 속 식물의 주요 기원지일 수 있다는 점을 의미하며, 실제 *S. oppositifolia*의 경우 생물 지리학적 연구를 통하여 북극지역이 환 북극권에 분포하는 이 종의 기원이라는 주장이 제기된 바 있다(Abott *et al.*,

2000). 또한 북극 지역에서 동일종 *Saxifraga* 속 식물은 생육환경에 따라 매우 다양한 형태적 변이를 나타낸다. 이는 북극지역의 환경에 적응하기 위한 전략으로 이종들이 유전적 혹은 생태적인 유연성을 가지고 있음을 의미하는데 이러한 점도 유전적인 다형성에 영향을 주었을 가능성도 배제할 수 없다. 실제 Lande와 Shannon(1996)은 식물 개체군이 가지는 유전적 다형성은 환경에 대한 적응과 내성에 중요한 역할을 하는 것으로 고찰한 바 있다. 뿐만 아니라 일부종의 *Saxifraga* 속 식물에서 다양한 형태의 배수성이 확인되었는데(Brochmann *et al.*, 1998), 이와 같은 핵형의 다양성도 이 속의 높은 유전적 다형성과 높은 환경적응성에 관련이 깊은 것으로 판단된다.

본 연구를 통해 우리는 북극지역에 분포하는 *Saxifraga* 속 식물들의 다형성이 한국과 일본에 분포하는 종들에 비해 전반적인 다형성이 높다는 사실을 확인하였다. 이러한 점은 비록 낮은 빈도라 하더라도 불량한 생육환경에서는 유성적 종자 증식과정이 종의 분화에 영향을 줄 수 있거나 불량환경에 적응하고자하는 식물의 생태적 분화가 종의 분화와 관련이 있을 수 있다는 것으로 해석할 수 있다. 그러나 본 연구에서는 자생지의 접근이 곤란한 점으로 인해 북한지역과 북극권 Svalbard 지역에 분포하는 일부 종이 포함되지 않았으므로 두 지역 분포 종간의 정확한 다형성 해석을 위해서는 기록된 전 종을 수집하여 평가될 필요가 있다.

적 요

북극지역에 분포하는 *Saxifraga* 속에 식물종들은 분류가 까다롭고 연구보고가 매우 적다. 북극권인 노르웨이령 Svalbard와 한국에서 수집된 16종의 *Saxifraga* 속 식물의 RAPD를 통하여 유전적 다형성을 비교하였다. 실험에 활용한 12 종류의 URP primer 중 4종의 primer를 이용하여 총 79개(44.8%)의 다형성을 가진 DNA 밴드를 선발하여 UPGMA 분석으로 유전적 다형성을 비교하였다. 그 결과 북극 Svalbard에서 수집된 9종의 *Saxifraga* 속 식물들이 한국에서 수집된 종들에 비해 유전적 다형성이 큰 것으로 확인되었다. 유사도 매트릭스를 활용한 분석 결과는 두 지역에 수집된 종들간에 비교적 뚜렷한 구룹을 형성하였으며, 한국 분포종의 RAPD는 북극 Svalbard 지역에 분포하는 종들에 비해 유사도가 높은 것으로 분석되었다. 본 연구를 통하여 우리는 두 지역에 분포하는 종들 간의 형태적 유사성이 유전적 유사성과 일치하고 있음을 확인하였다. 또한 분석 결과를 통하여 두 지역간의 지리적 격리, 집단내 영양 생식, 그리고 두 지역간의 환경조건의 차이가 높은 수준의 유전적 다형성을 형성하는 요인이 될 것으로 추론할 수 있었다.

사 사

본 연구는 한국해양연구원 부설 극지연구소의 기본사업 [극지생물 재현 및 활용기반 구축사업(PE06060)]의 위탁연구비 지원으로 수행되었다.

인용문헌

Abbott, R.J., H.W. Chapman, R.M.M. Crawford and D.G. Forbes. 1995. Molecular diversity and derivations of populations of *Silene acaulis* and *Saxifraga oppositifolia* from the high Arctic and more southerly latitudes. Mol. Ecol. 4: 199-207.

Abbott, R.J., L.C. Smith, R.I. Milne, R.M. Crawford, K. Wolff and J. Balfour. 2000. Molecular analysis of plant migration and refugia in the Arctic. Science. 289: 1343-1346.

Alfonso, H.D.R. and J.B. Bamberg. 2000. RAPD markers efficiently distinguish heterogenous populations of wild potato (*Solanum*). Gen. Res. and Crop Evol. 47:115-121.

Bauert, M.R. 1993. Vivipary in *polygonum viviparum*: An adaptation to cold climate? Nord. J. Bot. 13: 473-480.

Brochmann, C., Q.Y. Xiang, S.J. Brunsfeld, D.E. Soltis and P.S. Soltis. 1998. Molecular evidence for polyploid origins in *Saxifraga* (Saxifragaceae): The narrow arctic endemic S. svalbardensis and its widespread allies Amer. J. Bot. 85: 135-143.

Buntjer, J.B., M. Otsen, I.J. Nijman, M.T.R. Kuiper and J.A. Lenstra. 2002. Phylogeny of bovine species based on AFLP fingerprinting. Heredity 88: 46-51.

Chwedorzewska, K.J., B. Wojtun and O. Bednarek. 2005. Genetic and morphological variation of *Saxifraga caespitosa* L. from Spitsbergen (Svalbard): a preliminary study. Polar Biol. 28: 802-804.

Congiu, L., M. Chicca, R. Cella, R. Rossi and G. Bernacchia. 2000. The use of random amplified polymorphic DNA (RAPD) markers to identify strawberry varieties: a forensic application. Mol. Ecol. 9: 229-232.

Crawford, R.M.M. and R.J. Abbott. 1994. Pre-adaptation of arctic plants to climate change. Bot. Acta. 107: 271-278.

Dubouzet, J.G., N. Murata and K. Shinoda. 1997. RAPD analysis of genetic relationships among *Alstroemeria* L. cultivar. Scientia Horticulturae 68: 181-189.

Dudash, M.R. 1990. Relative fitness of selfed and out-crossed progeny in a self-compatible, protandrous species, *Sabatia angularis* L. (Gentianaceae): a comparison in three environments. Evolution 44: 1129-1139.

Gabbrielsen, T.M., K. Bachmann, K.S. Jakobsen and C. Brochmann. 1997. Glacial survival doesn't matter: RAPD phylogeography of Nordic *Saxifraga oppositifolia*, Mol. Ecol. 6: 831-842.

Gabrielsen, T.M. and C. Brochmann. 1998. Sex after all: High levels of diversity detected in the Arctic clonal plants *Saxifraga cernua* using RAPD markers. Mol. Ecol. 7: 1701-1708.

Gugerli, F. 1998. Effect of elevation on sexual reproduction in alpine populations of *Saxifraga oppositifolia* (Saxifragaceae). Oecologia 114: 60-66.

Holderegger, R. and R.J. Abbott. 2003. Phylogeography of the Arctic-Alpine *Saxifraga oppositifolia* (Saxifragaceae) and some related taxa based on cpDNA and ITS sequence variation. Amer. J. Bot. 90: 931-936.

Hong, S.Y., T.T. Suh, K.S. Cho, Y.H. Han and S.Y. Ryu. 2001. Analysis genetic similarity of *Saxifraga* by randomly amplified polymorphic DNA. Kor. J. Hort. Sci. & Technol. 19 (Suppl. II): 94. (in Korean)

Kapralov, M.V. 2004. Genotypic variation in populations of the clonal plant *Saxifraga cernua* in the central and peripheral regions of the species range, Russ. J. Ecol. 6: 413-416.

Kjølner S., S.M. Såstad, P. Taberlet and C. Brochmann. 2004. Amplified fragment length polymorphism versus random amplified polymorphic DNA markers: clonal diversity in *Saxifraga cernua*. Mol. Ecol. 13: 81-86.

Lande, R. and S. Shannon. 1996. The role of genetic variation in adaptation and population persistence in a changing environment. Evolution 50: 434-437.

Lee, K.E., Y.N. Song and Y.J. Park. 1985. Studies on certain growing aspects of wild *Saxifraga fortunei* var . *glabrescens* in Korea. Kor. J. Soc. Hort. Sci. 26: 51-58. (in Korean)

Maynard, S.J. 1989. Evolutionary genetics. Oxford University Press, Oxford.

Miller, J., M. Litvak, S. Kelso and A. Vargo. 1994. Comparative reproductive biology of two alpine Primrose species. Arct. Alp. Res. 26: 297-303.

Molau, U. 1992. On the occurrence of sexual reproduction in *Saxifraga cernua* and *S. foliolosa* (Saxifragaceae), Nord. J. Bot. 12: 197-203.

Nei, M. 1972. Genetic distance between population. Amer. Nat. 106: 283-292.

Parfitt, D.E. and M.L. Badenes. 1997. Phylogeny of the genus *Pistacia* as determined from analysis of the chloroplast genome. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 94: 7987-7992.

Richards, A.J. 1986. Plant breeding systems. Allen & Unwin, London.

Rønning, O.I., 1996. The flora of Svalbard. Norwegian Polar Institute, Oslo. pp. 53-61.

Sneath, P.H.A. and R.R. Sokal. 1973. Numerical Taxonomy. Terrman, San Francisco.

Sokal, R.R. and C.D. Michener. 1958. A statistical method for evaluating systematic relationships. Univ. Kans. Sci. Bull. 38: 1409-1438.

Vargas, P., B.G. Baldwin and L. Constance. 1998. Nuclear ribosomal DNA evidence for a western North American origin of Hwaiian South American species of *Sanicula* (Apiaceae). Proc. Natl. Acad. Sci. USA 95: 235-240.

Weeb, D. and R.J. Gronall. 1989. A manual of Saxifrages and their cultivation. Timber Press, Oregon.

이영노. 1998. 한국식물도감. 교학사. 서울. pp. 281-284.

(접수일 2006. 10. 31 ; 수락일 2007. 1. 4)