



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](#)

농학석사 학위논문

잣나무 (*Pinus koraiensis*) 개량채종원에서  
개화·결실 특성 분석을 통한  
우량종자 생산 모델 개발

Development of Superior Seed Production Model  
through the Analysis of Cone and Seed Characteristics  
in a 1.5 Generation Seed Orchard of *Pinus koraiensis*

2021 년 2 월

서울대학교 대학원

농림생물자원학부 산림환경학 전공

김 예 지

잣나무 (*Pinus koraiensis*) 개량채종원에서  
개화·결실 특성 분석을 통한  
우량종자 생산 모델 개발

지도교수 강 규 석

이 논문을 농학석사 학위논문으로 제출함

2020 년 12 월

서울대학교 대학원

농림생물자원학부 산림환경학 전공

김 예 지

김예지의 농학석사 학위논문을 인준함

2021 년 2 월

위 원 장 \_\_\_\_\_ 박 일 권 (인)

부위원장 \_\_\_\_\_ 강 규 석 (인)

위 원 \_\_\_\_\_ 김 현 석 (인)



# 초 록

본 연구의 목적은 잣나무 개량채종원에서 구화수 및 구과 생산에 대한 유전적 특성을 규명하고 선형적 구과 채취 방안을 고안하여 지속적으로 활용하는데 있다. 1) 클론별 구화수 및 구과 생산량을 조사하여 이에 대한 변이를 분석하고 유전적 특성을 추정하였으며, 2) 구화수 및 구과 생산량에 대한 유효집단크기를 추정하고 parental balance curve를 통해 클론 간 개화·결실량에 대한 균형을 추정하였다. 아울러 3) 구과 및 종자 분석을 통해 현 채종원의 종자결실 상태를 파악하고, 4) 클론당 충실종자 생산량과 재적성장지수(GCA)에 따른 클론별 육종가(breeding value)로 충실종자 생산과 재적생장이 우수한 개체 및 개체를 우선 선발하여 적절한 선발율에 따라 구과를 채취하는 선형적 구과 채취 방안을 제시하였다. 본 채종원에서 2018-2020년 암·수구화수 및 유구과, 성숙구과 생산량을 일원분산분석한 결과, 2019년 유구과 생산량을 제외한 모든 항목에서 클론 간의 유의미한 차이가 있었다. 특히 표준화 시킨 자료로 생산량을 비교한 결과, 수구화수 생산량이 평균 이하인 클론들이 매년 반복되는 경향을 보였다. 분산성분으로 추정된 유전력은 수구화수에 비해 암구화수가 다소 낮아 개체 간 변이가 큰 편임을 알 수 있었다. 각 구화수 및 구과의 연도별 상관분석 결과, 대부분의 해에 정의상관을 보였다. 더불어 수구화수와

암구화수 생산량 간의 상관은 매년 유의하지 않은 것으로 나타났다. 클론간 암·수구화 생산에 대한 기여도를 분석한 결과, 종자 생산량이 저조했던 2018년에 클론 간의 기여도가 가장 불균형 하였으며 암구화수 보다 수구화수가 일부 소수 클론에 의해 생산되고 있음을 알 수 있었다. 구과생산에 대한 유효집단크기 추정은 2019년에 8.9, 2020년도에는 24.3로 큰 차이를 보여 종자의 유전적 다양성에도 큰 차이가 있을 것으로 추정되었다. 구과 및 종자 특성을 분석한 결과, 구과 및 종자의 형태적 특성은 클론 간에 차이가 유의미한 것으로 나타났다. 구과분석 결과, 종자 분류 항목 별로 클론 간의 차이가 유의미한 것으로 나타났고 평균 첫해 고사배주 비율과 평균 상해종자 비율이 높은 것으로 나타났다. 본 연구에서 제시한 선형적 구과 채취 모형으로 구과를 채취할 경우, 선발율에 따라 개량효과가 증가하여 종자의 유전적 가치를 향상시킬 뿐만 아니라 효율적으로 종자를 생산할 수 있을 것으로 기대된다.

**주요어** : 잣나무, 1.5세대 채종원, 개화 및 결실량 변이, 유전다양성, 구과분석, 선형적 구과 채취

**학 번** : 2019-23128

# 목 차

제 1 장 서 론.....	1
제 1 절 연구 배경 .....	1
제 2 절 연구 목적 .....	4
제 2 장 연 구 사.....	5
제 1 절 잣나무( <i>Pinus koraiensis</i> )의 집단유전학적 연구 .....	5
제 2 절 잣나무 집단의 개화·결실 특성 변이 연구.....	7
제 3 절 잣나무의 선발과 개량효과 추정 연구.....	8
제 3 장 재 료 및 방 법.....	9
제 1 절 연구 대상지.....	9
제 2 절 암·수구화수, 유구과 및 구과 생산량 조사.....	10
제 3 절 통계분석 및 유전력 추정 .....	11
제 4 절 유효집단크기 및 유전다양성 추정.....	13
제 5 절 Parental balance curve.....	14
제 6 절 구과·종자 분석 및 X-ray 종자충실도 검사.....	14
제 7 절 선형적 구과 채취 방안.....	18
제 4 장 연 구 결 과.....	20
제 1 절 암·수구화수, 유구과 및 성숙구과 생산량 변이.....	20
1. 연간 개화·결실량 변이 .....	20
2. 암·수구화수, 유구과 및 구과 생산량 유전력 추정.....	33
3. 암·수구화수, 유구과 및 구과 생산량 간 상관분석.....	35
4. 유효집단크기 및 클론 간 균형도 추정.....	37
제 2 절 구과 및 종자 분석.....	40

1. 구과의 형태적 특징 .....	40
2. 종자의 형태적 특징 .....	45
3. 구과분석 .....	50
4. 구과 및 종자 특성 간 상관분석 .....	63
제 3 절 선형적 구과 채취 방안 .....	65
<b>제 5 장 고 찰</b> .....	<b>68</b>
제 1 절 개화 · 결실량 변이 .....	68
제 2 절 구과 및 종자 분석 .....	71
제 3 절 선형적 구과 채취 방안 .....	74
<b>제 6 장 결 론</b> .....	<b>76</b>
<b>참고문헌</b> .....	<b>78</b>
<b>Abstract</b> .....	<b>86</b>

## List of tables

Table 1. Mean, minimum, maximum, CV and F-value on the production of female and male strobili, conelets and cones in the 1.5 generation seed orchard of Korean pine ( <i>Pinus koraiensis</i> ) for three consecutive years.....	21
Table 2. Multiple comparison for clonal production of female and male strobili, conelets and cones.....	22
Table 3. Variances for clone and error, and broad-sense heritability for production of female and male strobili, conelets, and cones in 1.5 generation seed orchard of Korean pine ( <i>Pinus koraiensis</i> ) for three consecutive years..	34
Table 4. Pearson's correlation coefficient among production of female and male strobili, conelets, and cones in the 1.5 generation seed orchard of Korean pine ( <i>Pinus koraiensis</i> ).....	36
Table 5. Effective population size ( $N_s$ ), relative effective population size ( $N_r$ ) and genetic diversity ( $GD$ ) for production of female and male strobili, conelets, and cones in the 1.5 generation seed orchard of Korean pine ( <i>Pinus koraiensis</i> ) in 2018–2020 ( $N=52$ ).....	38
Table 6. Mean, minimum, maximum, coefficient of variance (CV) and F-value of cone characteristics in the 1.5 generation seed orchard of	

Korean pine ( <i>Pinus koraiensis</i> ) in 2020 .....	41
Table 7. Multiple comparison for cone characteristics.....	42
Table 8. Mean, minimum, maximum, coefficient of variance (CV) and F-value of seed characteristics in the 1.5 generation seed orchard of Korean pine ( <i>Pinus koraiensis</i> ) in 2020 .....	45
Table 9. Multiple comparison for seed characteristics.....	46
Table 10. Cone analysis in 2020 .....	51
Table 11. Multiple comparison for seed production.....	52
Table 12. Pearson's correlation coefficient among clonal mean production of female and male strobili, cones and filled seeds per a cone and cone and seed morphological characteristics in the 1.5 generation seed orchard of Korean pine ( <i>Pinus koraiensis</i> ) in 2020.....	64
Table 13. Changes of clone and ramet numbers, and linear cone collection at various collection rates.....	66

# List of figures

Figure 1. Location of 1.5 generation seed orchard of <i>Pinus koraiensis</i> .....	9
Figure 2. Development of (A) female strobili, (B) conelet, (C) mature cone and (D) male strobili of <i>Pinus koraiensis</i> .....	11
Figure 3. Measurement of cone length and width .....	15
Figure 4. Seed classification of <i>Pinus koraiensis</i> – (A) damaged seed, (B) aborted ovules in the 1st year, (C) aborted ovles in the 2nd year and (D) developed seed .....	16
Figure 5. X–ray inspection of Korean pine seeds .....	16
Figure 6. Rank of male strobili production by clone ID (aligned in descending order as of 2019) .....	31
Figure 7. Rank of female strobili production by clone ID (aligned in descending order as of 2019).....	31
Figure 8. Rank of conelets production by clone ID (aligned in descending order as of 2019).....	32
Figure 9. Rank of cone production by clone ID (aligned in descending order as of 2019) .....	32

Figure 10. Parental balance curve in the 1.5 generation seed orchard of Korean pine (*Pinus koraiensis*) in 2018~2020 .....39

Figure 11. Selction defferential (S) and effective popualtion size (Ns) under the alternative option of linear cone collection at various cone collection rate .....67

# 제 1 장 서 론

## 제 1 절 연구 배경

채종원은 유전적 형질이 우수한 우량 종자를 대량생산하고 안정적으로 공급하기 위하여 조성된다. 우량 종자는 유전적으로 우수한 모수로부터 생산되기 때문에 선발을 통한 임목 개량이 여러 단계에 걸쳐 수행된다. 우선 천연림이나 조림지에서 수고, 직경 등 형질이 우수해 보이는 수형목을 선발하여 1세대 채종원을 조성한다. 조성과 동시에 선발된 수형목의 차대에 대한 유전검정을 실시하여 수형목의 유전적 형질을 검정하게 된다. 차대검정림 시험결과에 근거하여 1세대 채종원에서 유전간벌을 실시하여 1.5세대 채종원을 유도하거나, 형질이 우수한 클론(가계)을 재선발하여 1.5세대 채종원을 조성하게 된다. 또한 재선발된 클론 간 인공교배를 실시하고 그 차대를 이용하여 2세대 채종원을 조성한다. 이러한 세대의 진전 과정을 거듭하면서 유전적 개량이 축적되어 채종원은 점점 더 우수한 형질을 가지는 종자를 생산할 수 있게 된다(Li et al., 1999; Kang et al., 2003).

채종원산 종자의 유전적 가치는 채종원을 구성하고 있는 모수 클론과 채종원 내 클론간 교배양식에 의해 크게 영향을 받는다. 모수의 우수한 유전적 가치를 종자를 통해 다음 세대로 전달하려면 서로 다른

유전자형이 골고루 수정되어야 하므로 이상적인 채종원에서는 1) 채종목 간의 완전 임의 교배가 전제되어야 하며 2) 클론 간에 암구화수의 수용 단계와 화분 비산 시기가 일치해야 하고 3) 암구화수와 수구화수의 생산량이 균형적이어야 한다. 뿐만 아니라 4) 외부로부터 열등한 유전자의 화분 이입이 적어야 하고 5) 동일 클론 간 또는 동일 개체 간 근친교배가 무시될 정도로 낮게 발생해야 한다(Burczyk and Chalupka, 1997; Funda, 2012). 그러나 실제 채종원에서는 다양한 요인으로 인해 위 조건이 완벽하게 충족될 수 없으므로 지속적인 연구를 통해 채종원의 상태를 파악하고 그에 따른 적절한 관리로 우수한 유전자형을 가진 종자를 생산해야한다.

본 연구에서는 암구화수, 수구화수, 유구과, 구과(또는 성숙구과)라는 단어를 사용한다. 암구화수(female strobilus)란 대포자낭(megasporangium)을 가진 겉씨식물의 자성 생식기관을 말한다. 수구화수(male strobilus)란 소포자낭(microsporangium)을 가진 겉씨식물의 웅성 생식기관을 말하며 일반적으로 대포자낭과 소포자낭은 하나의 구화수에 둘 중 하나만 존재한다. 잣나무와 같이 암구화수의 발생(strobilus initial)부터 구과의 성숙까지 2년이 걸리는 수종에서 암구화수가 봄에 나타나고 수분(pollination)이 된 상태를 유구과(conelet)라 한다. 이듬해 봄까지 유구과 상태로 지속되며 여름부터

수정이 이루어진 상태를 구과(cone)라 한다. 구과는 그 해 가을에 완전히 성숙한다.

우리나라 주요 조림 수종 중의 하나인 잣나무의 경우 채종원산 종자가 수요에 비해 과잉 생산되고 있으므로 구과를 모두 채취할 필요가 없으나, 수요량에 따른 적절한 채취 방법이나 별도의 지침이 마련되지 않아 구과 채취에 적용시킬 수 있는 선발 방법이 없는 실정이다. 앞으로는 생산되는 종자의 유전적 품질을 향상시키면서 경제적으로 구과를 채취하고 금후 수요 발생 시를 대비하는 방향으로 채종원이 연구, 운영되어야 한다.

본 연구의 대상지는 약 2ha 규모로 1세대 임목육종을 통하여 생장이 우량하고 개화량이 우수한 클론을 재선발한 다음 접목 무성증식시킨 개체들로 구성된 잣나무 개량채종원(1.5세대 채종원)이다. 1995년 강원도 춘천에 조성되어 수령 약 25년이어서 현재 개화 및 결실 특성을 분석해 종자 생산 능력을 평가할 필요성이 있으며, 조림량을 충족시키는 동시에 구과 채취에 있어 종자의 유전적 가치를 증대시킬 수 있는 관리방안의 개발이 필요하다.

## 제 2 절 연구 목적

본 연구의 목적은 잣나무 개량(1.5세대)채종원에서 구화수 및 구과 생산에 대한 유전적 특성을 구명하고 선형적 구과 채취 방안을 고안하여 지속적으로 활용하는데 있다. 구체적으로는 1) 클론별 구화수 및 구과 생산량을 조사하여 이에 대한 변이를 분석하고 유전적 특성을 추정하며, 2) 구화수 및 구과 생산량에 대한 유효집단크기를 추정하고 parental balance curve를 통해 클론 간 개화·결실량에 대한 균형을 추정하고자 한다. 아울러 3) 구과 및 종자 분석을 통해 현 채종원의 종자 결실 및 생산량 변이를 파악하고, 4) 클론별 라멧 당 충실종자 생산량과 재적성장지수(GCA)에 따른 클론 육종가(clonal breeding value)로 충실종자 생산과 재적생장이 우수한 가계 및 개체를 우선 선발하여 적절한 선발율에 따라 구과를 채취하는 선형적 구과 채취 방안을 제시하고자 한다. 이를 통해 잣나무 채종원의 구화수 및 구과 결실에 대한 특성을 파악할 수 있으며 선발율에 대한 충실종자 생산량과 유전적 다양성 및 유전적 획득 결과를 구과 채취에 반영하여 유전적으로 보다 우수한 품질의 종자를 공급할 수 있을 것이다.

## 제 2 장 연구사

### 제 1 절 잣나무(*Pinus koraiensis*)의 집단유전학적 연구

잣나무(*Pinus koraiensis* Sieb. and Zucc.)는 신생대 플라이스토세(Pleistocene)부터 한반도에 존재하는 소나무과(Pinaceae) 소나무속(*Pinus*) 6종 중에 하나로 잣나무아속(Haploxyton)의 *Cembrae* subsection에 속하며 러시아 동남부, 중국 북동부, 일본에 분포하고 한반도 중·북부의 해발고도 1,000m 이상 산간지대(montane belt)에서 자생하고 있다(Kong et al., 2014). *Cembrae* subsection의 공통적인 특징은 종자에 날개가 없는 것(Lanner, 1990)이며 잣나무 종자는 외피가 딱딱하고 발아를 위해 별도의 휴면 타파가 필요하다.

잣나무는 산림청에서 지정한 강원도 및 경상북도 지역의 주요 조림 수종(산림청, [www.forest.go.kr](http://www.forest.go.kr))으로 매년 조림 대상으로 선정되며 2020년 산림자원분야 사업계획에서는 낙엽송, 소나무 등과 함께 채종원 확대 대상 수종으로 선정되었다. 또한 잣 종실은 식용으로 널리 활용되고 있으므로 산림 소득자원 측면에서도 육종 가치가 높은 수종이다.

국내에서는 잣나무 육종 집단의 유전 변이에 대해 분석하고(한상익 등, 1997) 유전적 가치 향상을 위해 수형목 차대 검정을 통한 개량효과와 유전다양성에 대해 연구된 바 있으며(한상익 등, 2007b) 잣나무의

단위시간당 유전적 개량효과를 극대화시키기 위해 수고의 수령간 상관을 통하여 5~6년생에서 조기선발효율이 가장 높은 것으로 추정된 바 있다(Kim and Chon, 1990). 과학의 발달로 수목의 유전 변이에 대한 연구가 환경의 영향을 받지 않는 유전자 자체에 대한 연구로 확대되면서 잣나무의 유전자 표지 개발(김용을 등, 2011)과 함께 집단유전 변이 연구로서 유전자 표지를 활용한 변이 분석 및 분화에 대한 연구(안지영 등, 2012) 등이 보고되고 있다.

잣나무의 종자는 한방에서 해송자(해송자)라 하여, 수정과, 식혜 등에 띄워 먹거나 잣죽을 쑤어 식용으로 활용해 왔다. 최근에는 제과, 제빵용 등으로도 활용되고 있으며, 탈중한 종자를 피잣, 종피를 제거한 종실을 황잣, 내피까지 완전히 제거한 것을 백잣이라 칭한다. 잣 종자의 식용과 관련하여서는 종자의 지방산과 영양에 대한 연구(Asset et al., 1999), 산림 야생동물의 먹이로서의 역할과 야생동물에 의한 종자의 확산에 대한 연구(Hutchins et al., 1996), 종자의 휴면 타파에 대한 연구(Qi et al., 1993) 등이 보고되고 있다.

## 제 2 절 잣나무 집단의 개화·결실 특성 변이 연구

임목 집단(tree population)에서 개화와 결실은 차대의 유전다양성을 결정하기에 중요하다. 임목의 개화량과 구과 및 종자 특성은 유전적 요인에 의해 조절되고 유전적 변이가 수종에 따라 다르게 나타나며 동일 수종이나 동일 클론이어도 연도마다, 환경에 따라 다르게 나타날 수 있음이 보고되고 있다(Qi et al., 1993; 한상억 등, 1997; Kang and Lindgren, 1998; Kang and Lindgren, 1999; 한상억 등, 2001; Prescher et al., 2007; Bilir and Kang, 2020)

암구화수와 수구화수의 불균형한 클론 간 기여도는 차대의 유전다양성을 감소시키며 모든 클론이 균등하게 암·수구화수를 생산할 때 유효집단수가 가장 높게 추정되고 차대의 유전다양성이 가장 높게 유지된다. 따라서 채종원에서는 지속적인 개화량 및 결실량에 대한 모니터링을 통해 변이를 분석하고 파악하여 적절한 관리를 수행해야 한다.

구과 및 종자 특성의 변이는 개화량 변이에 비해 연구된 바가 적으나, 유전적 관계가 있는 것으로 보고되고 있으며 특히 잣나무에서는 구과 크기의 클론 간 변이가 크고 종자 특성은 유전적 변이 보다는 비유전적 변이의 영향이 큰 것으로 보고되었다(Hauke-Kowalska et al., 2019; Weng et al., 2020).

### 제 3 절 잣나무의 선발과 개량효과 추정 연구

임목의 선발 육종에서 개량효과는 천연림이나 인공림에서 수형목을 선발하고 유·무성 증식하여 다른 지역에 클론보존원과 차대검정림 같은 새로운 집단을 만들면서 시작된다. 차대검정림에서 유전 검정을 수행해 얻은 육종가(breeding value), 주로 재적생장에 따라 선발을 시뮬레이션하여 그 결과에 따라 채종원을 조성하며 유전적 획득(genetic gain), 즉 개량효과를 얻을 수 있다. 이후에는 우수 클론 간 교배 등을 통해 진전 세대 채종원을 만들면서 임목의 개량 효과가 축적된다.

임목 집단에서 선발에 따른 개량효과와 유전다양성에 대한 연구는 국내·외에서 활발히 이루어지고 있다. 국내에서는 수형목의 품매 차대의 개량효과 연구(한상익 등, 2007a; 한상익 등, 2007b; 한상익 등, 2008)와 유전 간벌에 대한 개량효과 연구(강규석 등, 2002a; 오창영 등, 2008)등이 보고되었다.

선발 방법에는 가계 선발과 개체 선발, 가계 및 개체 선발이 있으며 가계와 개체를 동시에 고려하는 가계 및 개체 선발을 할 때 가장 개량 효과가 높고 유전다양성이 높은 것으로 알려져 있다(Prescher et al., 2004; Kang et al., 2007).

### 제 3 장 재료 및 방법

#### 제 1 절 연구 대상지

본 연구는 강원도 춘천시 사농동 678전(북위 37° 55' 11.78" , 동경 127° 43' 34.89" )에 위치한 잣나무 1.5세대 개량채종원을 대상으로 조사하였다(Fig. 1).

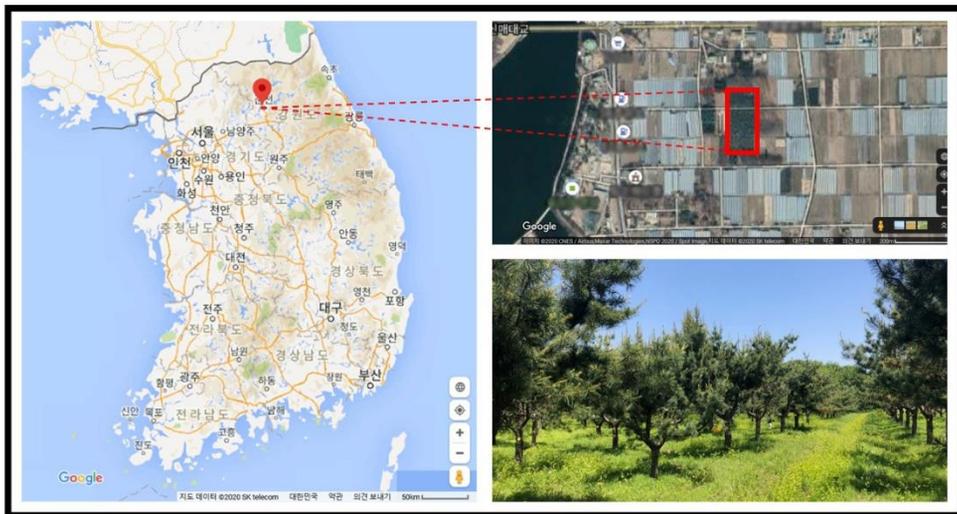


Figure 1. Location of 1.5 generation seed orchard of *Pinus koraiensis*

본 채종원은 국립품종관리센터 춘천지소 내 평지에 조성되어 있으며 논밭 및 인가와 인접해있다. 입지환경 조건은 해발고 300~640 m, 경사 5~30° , pH 5.0~5.5, 연평균기온 10.7℃, 강수량 1,420 mm으로 최고기온은 여름철에 29.3℃, 최저기온은 겨울철에 -8.0℃이다(산림청,

2019).

채종원 조성은 수형목 차대검정 결과로 재적생장에 대한 일반조합능력 및 개화량이 우수한 52개 클론을 채선발하여 1995년에 접목묘 증식으로 이루어졌다. 면적은 2ha이며 5m x 5m 간격으로 조성 당시 720본이 식재되었으나, 2020년 조사 당시에 현존하는 채종목은 687본이었다. 채종원 내 개체목들은 유전적 획득과 유전다양성을 높이기 위해 동일 가계와 인접하지 않도록 임의배치 되어 있다.

## 제 2 절 암·수구화수, 유구과 및 구과 생산량 조사

암·수구화수, 유구과 및 구과 생산량은 2019년, 2020년에 채종원 내 모든 개체목에서 조사하였다. 추가로 2018년에 서울대학교 산림유전육종학연구실에서 기조사된 자료를 이용하여 3년간의 데이터를 분석에 활용하였다. 암구화수가 생장가지 끝에 나타나 새순과의 구분이 확실하고 수구화수에서 화분이 비산하기 시작하는 시기인 5월 말에 유구과와 함께 매년 조사하였다(Bramlett and O'Gwynn, 1980; Bramlett and Bridgwater, 1989). 구과 생산량은 잣나무 종자가 완전히 성숙하는 8월 말(민경현, 1974)에서 9월초에 모든 개체목에서 착과수를 육안과 쌍안경을 이용하여 전수 조사하였다.



Figure 2. Development of (A) female strobili, (B) conelet, (C) mature cone and (D) male strobili of *Pinus koraiensis*.

### 제 3 절 통계분석 및 유전력 추정

암·수구화수, 유구과 및 성숙구과 생산량 조사 자료를 바탕으로 4개의 각 생산량 형질이 클론 간에 유의미한 차이가 있는지 알아보기 위해 다음 선형회귀모델에 따라 일원분산분석(one-way ANOVA)을 시행하였다. 결과에 따라 분산 성분을 산출하고 광의의 유전력( $h^2$ , broad-sense heritability)을 계산하여 표현형 변이에 대한 유전적 요인과 환경적 요인의 비율을 추정하였다. 통계분석은 SAS 프로그램(University

Edition)을 활용하여 실행하였다.

### 1. 클론 간 선형회귀모델

$$Y_{ik} = \mu + C_i + E_{ik}$$

- $Y_{ik}$  :  $i$ 번째 클론의  $k$ 번째 ramet으로 부터 구해진 관측치
- $C_i$  :  $i$ 번째 클론의 상가적 유전효과
- $E_{ik}$  :  $i$ 번째 클론의  $k$ 번째 ramet에 대한 관측치의 random error효과

### 2. 광의의 유전력( $h^2$ , broad-sense heritability)

$$h^2 = \frac{\sigma_b^2}{\sigma_b^2 + \sigma_w^2}$$

- $\sigma_b^2$  : 클론의 상가적 유전분산 성분
- $\sigma_w^2$  : 오차의 분산 성분

아울러 각 생산량 사이의 연도별 상관관계가 존재하는지 파악하기 위해 Pearson's correlation coefficient를 이용하여 상관 분석을 시행하였다.

## 제 4 절 유효집단크기 및 유전다양성 추정

연도별로 각 생산량에 대한 유효집단크기( $N_s$ , effective population size), 상대유효집단크기( $N_r$ , relative effective population size), 유전다양성( $GD$ , genetic diversity)을 Kang and Lindgren(1998)의 방법으로 다음과 같이 계산하였다.

### 1. 유효집단크기( $N_s$ , effective population size)

$$N_s = \frac{N_c}{(CV/100)^2 + 1}$$

- $N_c$ : 채종원 조성 클론 수
- $CV$ : 각 관측치(암·수 구과수, 유구과수, 성숙구과수)에 대한 변동계수(coefficient of variance)

### 2. 상대유효집단크기( $N_r$ , relative effective population size)

$$N_r(\%) = \frac{N_s}{N_c} \times 100$$

- $N_c$ : 채종원 조성 클론 수
- $N_s$ : 유효집단크기

### 3. 유전다양성 (*GD*, genetic diversity)

$$GD = 1 - \frac{1}{2N_s}$$

- $N_s$ : 유효집단크기

## 제 5 절 Parental balance curve

암, 수구화수와 유구과 및 성숙구과의 클론별 기여도를 분석하기 위해 생산량 비율(y축)에 대한 클론의 누적 비율(기여도, x축)을 꺾은선 그래프로 나타냈다. 이 그래프를 Parental balance curve(Griffin, 1983)라고 하며 직선에서 멀어져 크게 휘수록 소수의 클론에 의해 구화 및 구과가 생산되고 있는 것으로 해석할 수 있다(Kang, 2000). 따라서 채종원 내 성적 균형을 알 수 있으며 생산되는 종자가 얼마나 많은 클론에 의해 생산되고 있는지 파악할 수 있다.

## 제 6 절 구과·종자 분석 및 X-ray 종자충실도 검사

2020년 9월 말에 클론당 5개의 건전한 구과를 채취하였고 형태적 특성(길이, 폭, 무게)을 측정하였다(Fig. 3). 일주일간 옥외에서 건조시켜 인편이 떨어진 후 건중량을 측정하였고, 구과분석을 위해 모든 인편을 기부

로부터 떼어내어 구과 내의 모든 종자를 분리했다. 분리된 인편은 종자의 유무에 따라 임성인편 (fertile scale)과 불임성 인편 (infertile scale)으로 구분하고 종자는 모양에 따라 성숙종자 (developed seeds)와 고사배주 (aborted ovules)로 구분하였다. 고사배주는 첫째 고사배주 (first-year aborted ovule)와 둘째해 고사배주 (second-year aborted ovule)로 구분하였으며, 성숙종자는 충실종자 (filled seeds), 비립종자 (empty seeds), 상해종자 (damaged seeds)로 구분하였다. (Lee et al., 1984) 고사배주로부터 구분된 성숙종자는 클론별 종자의 형태적 특성 측정을 위해 클론당 30개 종자의 무게, 길이, 폭, 두께를 측정하였다 (Fig. 4).



Figure 3. Measure length and width of cone.



Figure 4. Seed classification of *Pinus koraiensis* – (A) damaged seed, (B) aborted ovules in the 1st year, (C) aborted ovules in the 2nd year and (D) developed seed

성숙종자의 구분은 우선 인편을 분리했을 때 보이는 종자 전체 및 일부가 상해를 입은 것을 상해종자로 분리했다. 이후 겉으로 식별할 수 없는 성숙종자들은 Softex 사의 X-ray 검사기(Work leader 60s)를 이용한 X-ray 촬영을 실시하여 분류했다. 촬영 이미지로 종자 내부의 배와 배유

분류된 성숙종자는 Softex 사의 X-ray 검사기(Work leader 60s)로 촬영하고 그 이미지를 확인하여 분류하였다(Figure 5). 배와 배유가 잘 보이고 온전한 종자는 충실종자, 배와 배유가 보이지 않고 발달하지 못한 암배우체(megagametophyte)와 배(embryo)의 잔해물로 보이는 작은 이물질이 있거나 없는 종자는 비립종자, 잣의 형태로 보이나 배가 보이지 않거나 그 상태가 매끄럽지 않은 종자는 상해종자로 분류하였다.



Figure 5. X-ray inspection of Korean pine seeds

종자를 모두 분류한 후, 아래의 수식을 이용하여 종자생산능력(seed potential), 성숙종자율(percent developed seeds), 충실종자율 (percent filled seeds), 첫해 및 둘째해 고사배주율(percent aborted ovules), 종자 효율(seed efficiency)을 계산하였다(Bramlett et al., 1977). 이후 조사된 형질에 대한 통계적 유의성 검정 및 상호관계 구명을 위해 SAS(University Edition) 통계 프로그램을 이용하여 분산분석 및 상관분석을 실시하고 유전력을 계산하였다.

- Seed potential = Fertile scale × 2
- Total developed seeds = Filled seeds + Empty seeds + Damaged seeds
- Percentage developed seeds = Total developed seeds/Seed potential × 100
- Percent filled seeds = Filled seeds/Total developed seeds × 100

- Percent damaged seeds = Damaged seeds/Total developed seeds  
× 100
- Percent empty seeds = Empty seeds/Total developed seeds ×  
100
- Percent of 1st-year aborted ovules = 1st-year aborted  
ovules/seed potential × 100
- Percent of 2nd-year aborted ovules = 2nd-year aborted  
ovules/seed potential × 100

## 제 7 절 선형적 구과 채취 방안

갯나무 개량채종원에 조성된 각 클론의 구과당 평균 충실종자 생산량과 라멧당 구과 결실량을 사용하여 클론당 총 충실종자 생산량을 산출하였다. 재적생장에 대한 클론별 일반조합능력(GCA, general combining ability)은 국립산림과학원에서 시행한 유전검정 자료를 참고하였으며(한상억 등, 2009), 산출된 충실종자 생산량과 일반조합능력에 각각 0.3, 0.7의 가중치를 부여하여 아래와 같이 충실종자생산에 대한 육종가(BV, breeding value)를 계산하였다. 또한 선발율에 따른 총 충실종자 생산량(TF)을 계산하였다.

1.  $BV = 0.7GCA \times 0.3CF$

- GCA : 재적생장에 대한 일반조합능력
- CF : 클론별 라멧당 총실종자생산량(= 클론별 구과당 평균 총실종자량 x 클론별 라멧당 평균 구과량)

2.  $TF(\text{총 총실종자 생산량}) = CP \times (\text{클론별 선발된 라멧 수})$

가계 및 개체에 대한 복합선발 방식으로서 활용되는 선형선발(linear selection) 방법(Prescher et al., 2004)을 적용하여 구과채취율(선발율)에 따라 생산되는 총실종자량을 산출하고 생산되어지는 종자 집단의 선발차(selection differential), 유전다양성(genetic diversity) 및 유효집단크기(status number)를 계산하여 구과채취 방안을 시뮬레이션 하였다.

3. 선발차(S, selection differential)

$S = (\text{구과채취율에 따른 선발된 클론의 육종가, BV}) - (\text{채종원 조성 전체 클론의 육종가, BV})$

## 제 4 장 연구 결과

### 제 1 절 암·수구화수, 유구과 및 성숙구과 생산량 변이

#### 1. 연간 개화·결실량 변이

본 채종원의 평균 암구화수 생산량은 2018년에 0.599, 2019년에 5.033, 2020년에 11.489로 조사되었으며 평균 수구화수 생산량은 2018년에 112.565, 2019년에 576.936, 2020년에 1627.755로 조사되었다. 평균 유구과 생산량은 2018년에 2.713, 2019년에 1.109, 2020년에 13.246로 조사되었으며 평균 성숙 구과 생산량은 2019년에 1.109, 2020년에 11.052로 조사되었다. 연간 개화·결실량에 대한 일원분산분석 결과, 2019년 유구과 생산량을 제외하고 클론간의 차이가 대부분 유의미한 것으로 나타난다(Table 1).

Tukey 다중범위 검정을 실시한 결과, 암구화수 생산량은 2018년에 클론 간의 그룹이 동일하게 나왔으며 2019년에 3개 그룹, 2020년에 5개 그룹으로 나타났다. 수구화수 생산량은 2018년에 3개 그룹, 2019년에 5개 그룹, 2020년에 5개 그룹으로 나타났다. 유구과 생산량은 2018년과 2019년에 클론 간의 그룹이 동일하게 나왔으며 2020년에는 7개 그룹으로 나타났다. 구과 생산량은 2019년에 5개 그룹, 2020년에 10개 그룹으로 나타났다(Table 2).

Table 1. Mean, minimum, maximum, CV and F-value on the production of female and male strobili, conelets and cones in the 1.5 generation seed orchard of Korean pine (*Pinus koraiensis*) for three consecutive years

	2018			2019				2020			
	Female strobili	Male strobili	Conelets	Female strobili	Male strobili	Conelets	Cones	Female Strobili	Male Strobili	Conelets	Cones
Mean	0.599	112.565	2.713	5.033	576.936	0.520	1.109	11.489	1627.755	13.246	11.052
Min	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Max	16	6000	55	40	11700	17	21	63	88200	100	87
CV(%)	293.479	398.442	243.568	116.838	221.570	292.000	219.840	85.169	381.645	113.808	106.970
F-value	1.525*	4.107***	2.561***	2.342***	4.204***	1.159	2.616***	1.506*	3.300***	3.674***	3.950***

Rounded off to four decimal places; CV, Coefficient of variance; \*\*\*p < .001. \*p < .05; N=687.

Table 2. Multiple comparison for clonal production of female and male strobili, conelets, and cones.

(1-a) Female strobili in 2019

Group	Clone ID	Estimate
a	185	1.1846
ab	125	0.8976
ab	218	0.7645
ab	126	0.6235
ab	216	0.553
ab	238	0.5044
ab	239	0.4761
ab	116	0.4591
ab	21	0.3344
ab	124	0.3222
ab	28	0.3155
ab	29	0.3004
ab	153	0.2858
ab	221	0.2615
ab	120	0.2494
ab	227	0.2494
ab	212	0.2449
ab	115	0.1774
ab	210	0.1643
ab	121	0.1443
ab	242	0.1025
ab	156	0.06988
ab	244	0.06988
ab	144	0.01556
ab	13	-0.00569
ab	146	-0.02115
ab	245	-0.0227
ab	11	-0.05428
ab	222	-0.08298
ab	32	-0.09071
ab	241	-0.09071
ab	118	-0.09071
ab	155	-0.09725
ab	122	-0.1029
ab	151	-0.1285
ab	158	-0.1332
ab	231	-0.1531
ab	160	-0.1757
ab	141	-0.2066
ab	243	-0.2097
ab	1116	-0.2557
ab	1112	-0.285
ab	225	-0.3658
ab	232	-0.4138
ab	248	-0.4694
ab	1104	-0.5077
ab	230	-0.5158
ab	162	-0.528
b	148	-0.575
b	161	-0.6251
b	184	-0.6386
b	154	-0.7029

(1-b) Female strobili in 2020

Group	Clone ID	Estimate
a	210	1.3808
ab	185	0.9975
abc	146	0.8791
abc	21	0.5924
abc	116	0.5496
abc	28	0.5291
abc	230	0.4517
abc	13	0.4354
abc	148	0.3988
abc	241	0.3792
abc	245	0.369
abc	221	0.3077
abc	121	0.2987
abc	216	0.2858
abc	218	0.2566
abc	1116	0.1845
abc	227	0.148
abc	118	0.08415
abc	124	0.06681
abc	153	0.05221
abc	126	0.03688
abc	144	0.03305
abc	155	0.01291
abc	1104	0.003549
abc	1112	0.001116
abc	151	-0.02159
abc	242	-0.05927
abc	225	-0.07403
abc	158	-0.08405
abc	156	-0.1068
abc	238	-0.1068
abc	244	-0.1068
abc	160	-0.1215
abc	120	-0.1266
abc	115	-0.1758
abc	231	-0.1862
abc	184	-0.2033
abc	232	-0.2135
abc	248	-0.2172
abc	29	-0.2237
abc	222	-0.2451
abc	243	-0.2953
abc	122	-0.2982
abc	162	-0.3128
abc	32	-0.331
abc	212	-0.3351
abc	141	-0.3659
abc	125	-0.4204
abc	161	-0.4223
ac	154	-0.5099
ac	11	-0.5975
c	239	-0.8165

(2-a) Male strobili in 2018

Group	Clone ID	Estimate
a	184	2.4642
ab	141	1.026
ab	241	0.9307
b	1104	0.6706
b	222	0.3368
b	245	0.3153
b	1116	0.1504
b	221	0.144
b	122	0.1376
b	230	0.01252
b	21	0.003837
b	118	-0.02801
b	244	-0.03545
b	239	-0.03916
b	238	-0.06765
b	161	-0.07261
b	126	-0.08153
b	144	-0.08376
b	116	-0.1023
b	227	-0.1256
b	243	-0.1484
b	148	-0.1502
b	156	-0.1544
b	151	-0.1618
b	125	-0.2008
b	11	-0.2128
b	216	-0.2128
b	153	-0.2128
b	120	-0.2212
b	218	-0.2221
b	212	-0.2228
b	225	-0.23
b	1112	-0.2319
b	162	-0.2319
b	231	-0.2331
b	154	-0.2421
b	248	-0.2429
b	146	-0.2429
b	232	-0.248
b	124	-0.251
b	155	-0.251
b	29	-0.251
b	115	-0.251
b	160	-0.251
b	242	-0.251
b	121	-0.251
b	158	-0.251
b	32	-0.251
b	185	-0.251
b	13	-0.251
b	210	-0.251
b	28	-0.251

(2-b) Male strobili in 2019

Group	Clone ID	Estimate
a	184	1.648
ab	241	1.4958
abc	222	1.0624
abc	243	1.0131
abc	1112	0.8537
abc	141	0.524
abc	239	0.4558
abc	245	0.3595
abc	225	0.2299
abc	144	0.1435
abc	1116	0.05739
abc	28	0.05107
abc	218	0.05002
abc	227	0.04713
abc	126	0.03369
abc	230	0.01769
ac	118	-0.02449
ac	1104	-0.02517
ac	216	-0.05544
ac	155	-0.07764
ac	162	-0.09483
ac	21	-0.09539
ac	120	-0.125
ac	221	-0.1499
ac	238	-0.1528
c	232	-0.1744
c	156	-0.1756
c	122	-0.1921
c	11	-0.2125
c	151	-0.2147
c	244	-0.2182
c	124	-0.2787
c	148	-0.2865
c	116	-0.3251
c	153	-0.3287
c	160	-0.3383
c	248	-0.3411
c	231	-0.3507
c	125	-0.3721
c	242	-0.3731
c	121	-0.3736
c	161	-0.3742
c	146	-0.3788
c	154	-0.3868
c	158	-0.3979
c	29	-0.4071
c	185	-0.4249
c	115	-0.4399
c	212	-0.4416
c	32	-0.4425
c	210	-0.4513
c	13	-0.4513

(2-c) Male strobili in 2020

Group	Clone ID	Estimate
a	28	1.909
ab	216	1.584
abc	241	1.2448
abc	184	1.0177
abc	144	0.4021
abc	141	0.2807
abc	238	0.2526
ac	122	0.1245
ac	124	0.1022
ac	1112	0.09292
ac	151	0.09149
ac	126	-0.000283
ac	239	-0.03076
ac	161	-0.05333
ac	148	-0.07754
ac	116	-0.07852
ac	1116	-0.08003
ac	121	-0.1137
c	155	-0.1205
c	222	-0.1262
c	244	-0.1411
c	13	-0.1654
c	248	-0.1754
c	243	-0.1836
c	230	-0.1839
c	221	-0.1871
c	225	-0.1938
c	218	-0.1962
c	232	-0.1986
c	125	-0.2062
c	156	-0.2153
c	120	-0.2156
c	146	-0.2208
c	212	-0.2317
c	21	-0.2333
c	1104	-0.2406
c	154	-0.2467
c	227	-0.2524
c	245	-0.253
c	118	-0.2555
c	153	-0.2559
c	11	-0.2579
c	158	-0.258
c	160	-0.2591
c	242	-0.2598
c	231	-0.2599
c	115	-0.2602
c	32	-0.262
c	29	-0.262
c	185	-0.262
c	210	-0.262
c	162	-0.262

(3) Conelets in 2020

Group	Clone ID	Estimate
a	239	1.4983
ab	160	1.3037
abc	120	1.0395
abc	218	0.9475
abc	116	0.8637
abcd	32	0.6802
abcd	121	0.5534
abcd	238	0.5365
abcd	115	0.5093
abcd	156	0.4701
abcd	210	0.448
abcd	21	0.3154
abcd	125	0.3112
abcd	221	0.2395
abcd	241	0.1827
abcd	126	0.1694
abcd	146	0.1525
abcd	185	0.08318
abcd	28	0.05002
abcd	222	0.02589
abcd	153	-0.02106
abcd	216	-0.02579
abcd	231	-0.05612
abcd	1116	-0.05924
abcd	29	-0.06275
abcd	245	-0.07602
abcd	212	-0.08964
abcd	158	-0.1048
abcd	227	-0.1283
abcd	242	-0.1369
abcd	118	-0.1407
bcd	1112	-0.1869
bcd	124	-0.1869
bcd	144	-0.1946
bcd	155	-0.2102
bcd	244	-0.219
bcd	141	-0.2817
bcd	225	-0.3207
bcd	162	-0.3385
bcd	122	-0.348
bcd	243	-0.3546
bcd	248	-0.3601
bcd	151	-0.3701
bd	184	-0.4475
bd	161	-0.4522
bd	11	-0.4522
bd	154	-0.4541
bd	13	-0.4972
bd	1104	-0.4996
bd	230	-0.5349
bd	148	-0.547
d	232	-0.7725

## (4-a) Cones in 2019

Group	Clone ID	Estimate
a	125	1.5188
ab	185	1.2881
abc	218	1.1373
abc	116	0.6387
abc	244	0.4793
abc	239	0.4679
abc	161	0.3653
abc	160	0.3243
abc	241	0.2218
abc	126	0.2218
abc	121	0.2206
abc	221	0.2189
abc	242	0.2162
abc	29	0.1603
abc	158	0.1603
abc	225	0.0276
abc	21	0.01382
abc	124	0.01382
abc	1112	-0.01548
abc	231	-0.01743
abc	144	-0.04477
abc	32	-0.04477
abc	11	-0.04477
abc	153	-0.04477
abc	122	-0.04477
abc	115	-0.04477
abc	238	-0.09034
abc	146	-0.1193
abc	245	-0.1268
abc	243	-0.1678
abc	154	-0.1678
abc	118	-0.1729
abc	212	-0.1959
abc	156	-0.2043
ac	232	-0.2362
ac	1116	-0.2378
ac	120	-0.2498
ac	1104	-0.2596
ac	248	-0.2685
ac	216	-0.3084
ac	28	-0.3182
ac	151	-0.341
ac	230	-0.343
ac	141	-0.3803
ac	162	-0.3963
ac	227	-0.4036
ac	155	-0.4233
ac	184	-0.4321
ac	148	-0.437
c	222	-0.4549
c	210	-0.4549
c	13	-0.4549

## (4-b) Cones in 2020

Group	Clone ID	Estimate
a	239	1.4758
abc	218	1.319
abcd	32	1.2854
abcde	116	1.1402
abcdef	160	0.8837
abcdef	238	0.5031
abcdef	210	0.5031
abcdef	125	0.4132
abcdef	146	0.4108
abcdef	121	0.3637
abcdef	156	0.348
abcdef	221	0.3218
abcdef	21	0.3097
abcdef	115	0.2623
abcdef	241	0.2324
abcdef	28	0.1929
abcdef	222	0.1878
abcdef	245	0.1732
abcdef	120	0.1647
abcdef	126	0.1436
abcdef	185	0.1013
abcdef	242	0.08015
abcdef	122	0.08015
abcdef	216	0.03786
abcdef	29	0.0294
abcdef	158	-0.04672
abcdef	231	-0.04954
abcdef	227	-0.0573
abcdef	144	-0.06258
abcdef	124	-0.07693
abcdef	153	-0.07693
abcdef	118	-0.1102
abcdef	244	-0.1501
abcdef	155	-0.1606
bcdef	1116	-0.2582
bcdef	151	-0.3005
bcdef	212	-0.3116
bcdef	248	-0.3274
bcdef	11	-0.3367
cdef	141	-0.3581
cdef	1112	-0.379
def	162	-0.3971
def	225	-0.4124
def	161	-0.4153
def	230	-0.4504
def	1104	-0.4596
def	243	-0.4866
def	184	-0.5025
ef	13	-0.5542
ef	154	-0.5881
ef	148	-0.6406
f	232	-0.8446

클론별 암 · 수구화수, 유구과 및 성숙 구과 생산량을 평균이 0, 분산이 1인 분포로 표준화(standardization)시켜 그래프로 나타내면 Figure 4-7과 같으며 2019년 생산량을 기준으로 내림차순 정렬하였다. 그래프에 따르면 수구화수는 암구화수, 유구과, 성숙구과와 달리 다수의 클론이 매년 평균 이하인 경향을 띤다(Figs. 6~9).

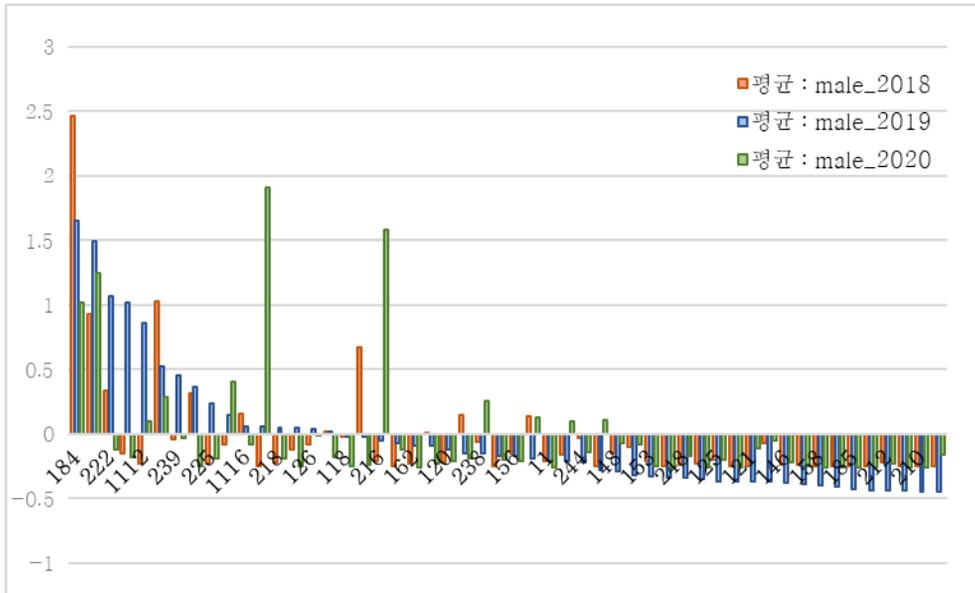


Figure 6. Rank of male strobili production by clone ID (aligned in descending order as of 2019)

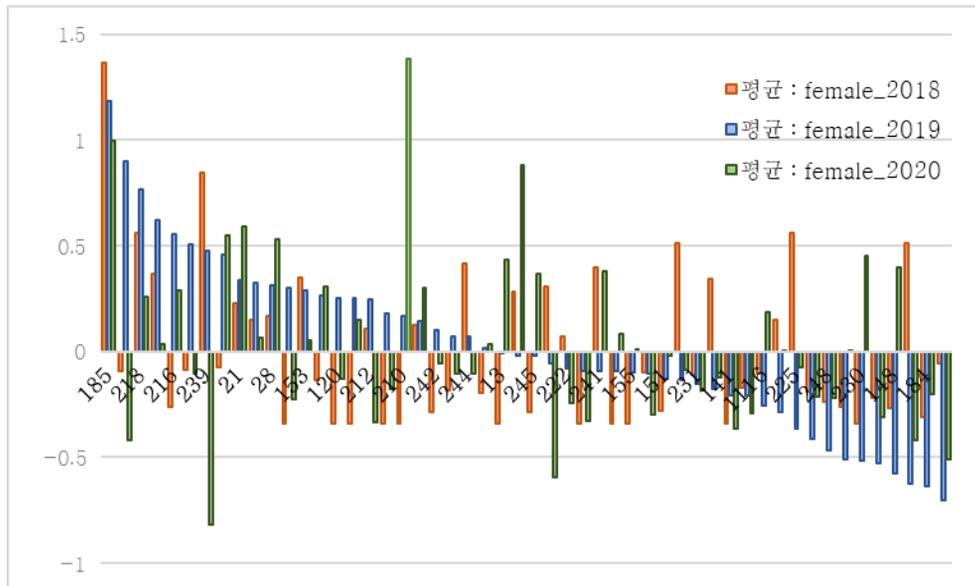


Figure 7. Rank of female strobili production by clone ID (aligned in descending order as of 2019)

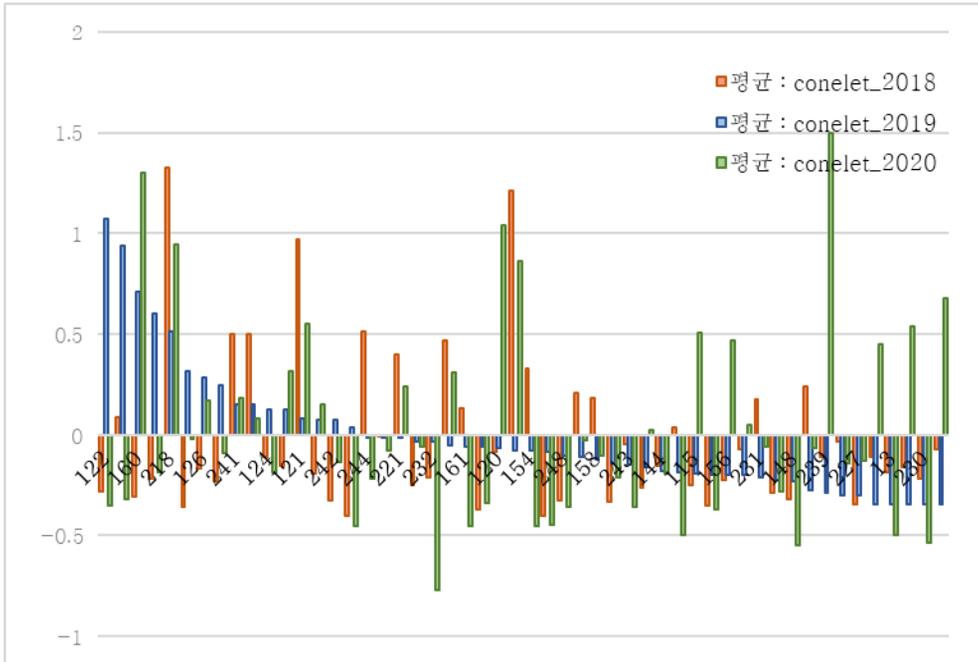


Figure 8. Rank of conelets production by clone ID (aligned in descending order as of 2019)

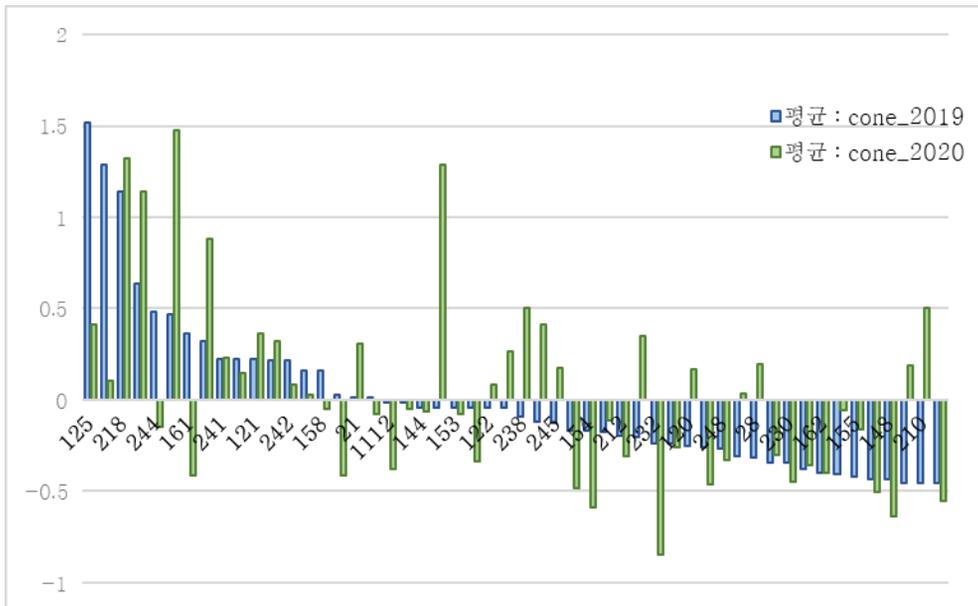


Figure 9. Rank of cone production by clone ID (aligned in descending order as of 2019)

## 2. 암·수구화수, 유구과 및 구과 생산량 유전력 추정

암·수구화수, 유구과 및 구과 생산량에 대하여 구해진 분산성분으로 2018년부터 2020년까지 연도별 광의의 유전력을 추정하였다. 암구화수의 경우 2019년도에 0.092로 가장 높았고 2020년에 0.037로 가장 낮았으며, 수구화수의 경우 2019년에 0.196로 가장 높았고 2020년에 0.149로 가장 낮았다. 유구과의 경우 2020년에 0.169로 가장 높았고, 2019년에 0.012로 가장 낮아 연도별 차이가 크게 나타났다. 구과의 경우 2019년에 0.109, 2020년에 0.183으로 나타났다(Table 3).

Table 3. Variances for clone and error, and broad-sense heritability for production of female and male strobili, conelets, and cones in 1.5 generation seed orchard of Korean pine (*Pinus koraiensis*) for three consecutive years.

	Female strobili			Male strobili			Conelets			Cones	
	2018	2019	2020	2018	2019	2020	2018	2019	2020	2019	2020
Variance of clone	0.039	0.093	0.037	0.193	0.196	0.149	0.107	0.012	0.169	0.109	0.184
Variance of error	0.971	0.909	0.964	0.820	0.808	0.854	0.904	0.988	0.834	0.893	0.820
H <sup>2</sup>	0.038	0.092	0.037	0.191	0.196	0.149	0.106	0.012	0.169	0.109	0.183

Rounded off to four decimal places; H<sup>2</sup>, broad-sense heritability.

### 3. 암·수구화수, 유구과 및 구과 생산량 간 상관분석

피어슨 상관계수(Pearson's correlation coefficient)를 이용하여 개화·결실량의 상관관계를 추정한 결과, 년도간 상관관계는 암구화수에서 2019년과 2020년을 제외하고 유의미한 정의 상관관계가 나타났으며, 수구화수에서는 모든 해에서 높은 정의 상관관계가 나타났고 유구과와 성숙구과 역시 모든 해에서 유의미한 정의 상관관계가 나타났다.

생산량 항목 간 상관관계는 암구화수와 수구화수의 상관관계에서 2020년을 제외하고 부의 상관을 띄지만, 2019년 암구화수와 2018년 수구화수 생산량을 제외하고 모두 유의미하지 않았다. 또한, 암구화수와 유구과 및 성숙구과는 2020년을 제외하고 유의미한 정의 상관관계가 나타났다(Table 4).

Table 4. Pearson's correlation coefficient among production of female and male strobili, conelets, and cones in the 1.5 generation seed orchard of Korean pine (*Pinus koraiensis*).

		Female strobili			Male strobili			Conelets			Cones	
		2018	2019	2020	2018	2019	2020	2018	2019	2020	2019	2020
Female strobili	2018	.	0.195**	0.095*	-0.062	-0.004	-0.012	0.229**	0.493**	0.164**	0.493**	0.163**
	2019	0.195**	.	0.024	-0.096*	-0.038	-0.023	0.177**	0.089*	0.523**	0.263**	0.563**
	2020	0.095*	0.024	.	-0.019	-0.038	0.052	0.157**	0.137**	0.021	0.097*	0.016
Male strobili	2018	-0.062	-0.096*	-0.019	.	0.468**	0.258**	-0.73	-0.009	-0.078*	-0.090*	-0.087*
	2019	-0.004	-0.038	-0.038	0.468**	.	0.319**	-0.005	-0.006	0.034	-0.061	0.025
	2020	-0.012	0.023	0.052	0.258**	0.319**	.	0.028	-0.029	0.004	-0.031	-0.006
Conelets	2018	0.229**	0.177**	0.157**	-0.073	-0.005	0.028	.	0.119**	0.226**	0.576**	0.249**
	2019	0.493**	0.089*	0.137**	-0.009	-0.006	-0.029	0.119**	.	0.103**	0.315**	0.073
	2020	0.164**	0.523**	0.021	-0.078*	0.034	0.004	0.226**	0.103**	.	0.236**	0.845**
Cones	2019	0.493**	0.263**	0.097*	-0.090*	-0.061	-0.031	0.576**	0.315**	0.236**	.	0.267**
	2020	0.163**	0.563**	0.016	-0.087*	0.025	-0.006	0.249**	0.073	0.845**	0.267**	.

Rounded off to four decimal places; \*\*p < .01. \*p < .05; N=687

#### 4. 유효집단크기 및 클론 간 균형도 추정

유효집단크기는 암구화수의 경우 2020년에 7.501로 가장 높았고, 2019년에 3.081로 가장 낮았으며 수구화수의 경우 2018년에 21.986으로 가장 높았고 2020년에 5.458로 가장 낮았다. 유구과의 경우 2018년에 30.138로 가장 높았고, 2019년에 3.34로 가장 낮았다. 성숙 구과의 경우 2020년에 24.251로 8.915인 2019년보다 높았다. 모든 항목에서 유효집단크기가 낮은 해에 유전다양성 역시 낮게 나타났다(Table 5).

개화·결실량에 대해 Parental balance curve를 그린 결과, 수구화수를 제외한 대부분의 항목에서 2020년으로 갈수록 직선에 가까워져 클론별 생산량에 대한 불균형이 낮아지는 것으로 보인다. 수구화수는 2020년에 2019년보다 불균형이 높으며 다른 항목들과 비교하여 매년 가장 곡선이 두드러진다(Fig. 8). 암구화의 경우 2018년에 20개 클론, 2019년에는 31개 클론, 2020년에는 33개 클론이 전체 생산량의 80% 이상을 차지했다. 수구화수의 경우 2018년에는 11개 클론, 2019년에는 20개 클론, 2020년에는 12개 클론이 전체 생산량의 80% 이상을 차지해 암구화수에 비해 성적 불균형이 심한 것으로 나타났다(Fig. 8). 유구과의 경우 2018년에 21클론, 2019년에 25클론, 31클론이 전체 생산량의 80% 이상을 차지했다. 성숙 구과의 경우 2019년에 24개 클론, 2020년에 35개 클론이 전체 생산량의 80% 이상을 차지했다(Fig. 8).

Table 5. Effective population size ( $N_s$ ), relative effective population size ( $N_r$ ) and genetic diversity ( $GD$ ) for production of female and male strobili, conelets, and cones in the 1.5 generation seed orchard of Korean pine (*Pinus koraiensis*) in 2018–2020 ( $N=52$ ).

	Female strobili			Male strobili			Conelets			Cones	
	2018	2019	2020	2018	2019	2020	2018	2019	2020	2019	2020
$N_s$	5.409	3.081	7.501	21.986	8.800	5.458	30.138	3.340	22.656	8.915	24.251
$N_r(\%)$	10.403	5.926	14.425	42.281	16.922	10.497	57.958	6.425	43.569	17.144	46.636
$GD$	0.908	0.838	0.933	0.977	0.943	0.908	0.983	0.850	0.978	0.944	0.980

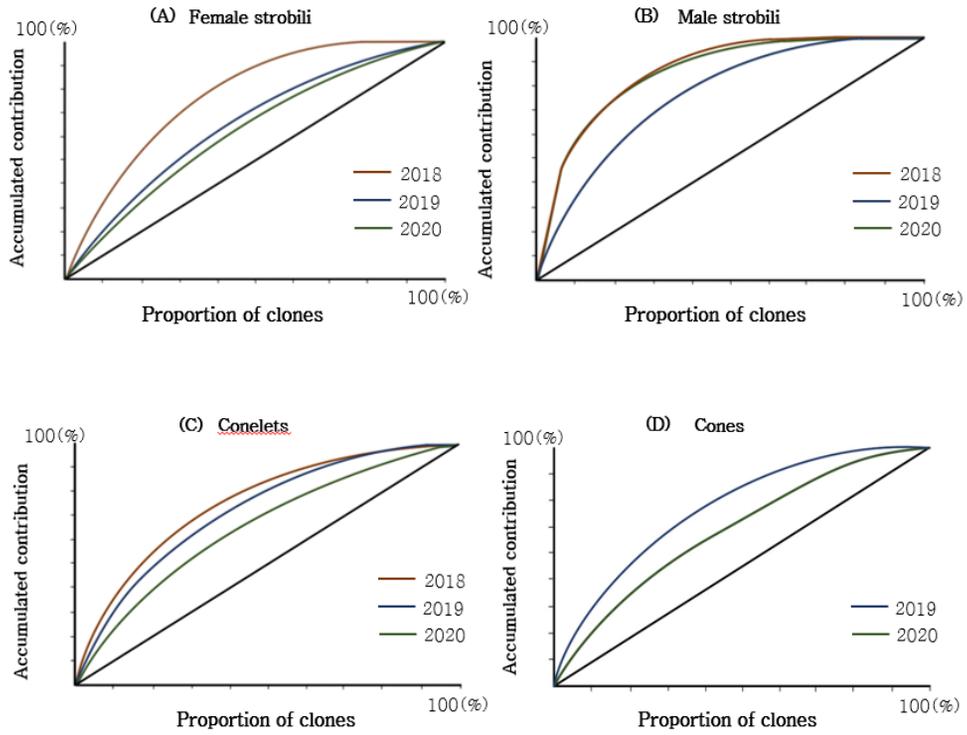


Figure 10. Parental balance curve in the 1.5 generation seed orchard of Korean pine (*Pinus koraiensis*) in 2018~2020.

## 제 2 절 구과 및 종자 분석

### 1. 구과의 형태적 특징

구과의 건조 전 무게는 평균 172.643 g, 길이는 평균 128.324 mm, 폭은 평균 77.243 mm, 건조 후 무게는 평균 109.298 g로 측정되었다. 또한 일원분산분석 결과에 의해 구과의 형태적 특징에서 클론 간의 유의미한 차이가 확인되었다.

Tukey 다중범위 검정을 실시한 결과, 구과의 건조 전 무게는 7그룹으로 나타났으며 길이는 모든 클론이 동일한 그룹으로 나타났다. 구과의 폭은 5개 그룹으로 나타났으며 구과의 건조 후 무게는 5개 그룹으로 나타났다.

Table 6. Mean, minimum, maximum, coefficient of variance (CV) and F-value of cone characteristics in the 1.5 generation seed orchard of Korean pine (*Pinus koraiensis*) in 2020.

	Wt (g)	L (mm)	Wd (mm)	DW (g)
Mean	172.643	128.324	77.243	109.298
Min	76.125	95.97	56.9	51.041
Max	304.842	168.49	101.61	187.208
CV	25.742	10.594	10.949	22.588
F-value	2.943***	1.753**	2.603***	2.796***

Wt, weight; L, length; Wd, width; DW, dry weight;

\*\*\*p < .001. \*\*p < .01; N=250.

Table 7. Multiple comparison for cone characteristics.

(A) Cone weight

Group	Clone ID	Estimate
a	244	239.1
ab	212	229.52
abc	216	219.89
abcd	241	215.98
abcd	121	211.55
abcd	144	210.97
abcd	21	206.69
abcd	232	206.34
abcd	155	204.31
abcd	1104	203.57
abcd	32	197.53
abcd	28	197.09
abcd	221	193.88
abcd	227	190.54
abcd	118	186.63
abcd	151	185.51
abcd	239	184.97
abcd	185	184.82
abcd	11	184.34
abcd	238	181.47
abcd	230	179.56
abcd	122	179.22
abcd	242	178.81
abcd	184	176.9
abcd	245	173.88
abcd	158	171.58
abcd	231	169.33
abcd	222	169.13
abcd	29	169.02
abcd	162	168.16
abcd	225	166.83
abcd	218	163.55
abcd	116	163.3
abcd	13	162.62
abcd	210	161.66
abcd	154	158.53
abcd	115	156.09
abcd	1112	155.63
abcd	141	152.06
abcd	146	144.87
abcd	126	143.7
abcd	153	143.48
abcd	248	143.46
abcd	161	141.54
abcd	120	141.47
abcd	148	140.82
bcd	243	134.7
bcd	1116	132.44
bd	124	125.08
bd	156	124.13
bd	125	123.82
d	160	118.07

(B) Cone width

Group	Clone ID	Estimate
a	144	87.256
ab	232	86.185
abc	121	85.854
abc	241	85.632
abc	230	85.304
abc	115	83.94
abc	32	83.584
abc	244	83.062
abc	216	82.63
abc	151	82.512
abc	155	81.944
abc	154	81.4767
abc	225	81.04
abc	239	80.706
abc	238	80.566
abc	231	80.496
abc	124	80.33
abc	21	80.215
abc	29	79.978
abc	212	79.606
abc	162	79.388
abc	221	79.266
abc	158	79.048
abc	227	78.926
abc	222	78.718
abc	1112	77.844
abc	242	77.826
abc	146	77.33
abc	148	76.4433
abc	11	76.2533
abc	248	75.435
abc	28	75.336
abc	120	74.796
abc	125	74.546
abc	118	74.5
abc	1104	74.492
abc	126	73.98
abc	141	73.668
abc	122	73.604
abc	218	72.714
abc	185	72.64
abc	184	72.344
abc	153	72.004
abc	156	71.144
abc	245	70.856
abc	116	70.27
abc	210	69.966
abc	13	69.75
abc	243	68.656
ac	161	66.954
ac	1116	66.8025
c	160	66.574

(C) Cone dry weight

Group	Clone ID	Estimate
a	244	152.71
ab	241	150.92
abc	212	137.13
abc	118	129
abc	227	128.68
abc	232	128.06
abc	28	126.84
abc	216	124.58
abc	230	123.32
abc	121	122.55
abc	221	121.18
abc	222	118.19
abc	29	118.12
abc	115	117.13
abc	242	115.92
abc	151	115.86
abc	185	114.88
abc	154	114.39
abc	144	113.84
abc	155	113.2
abc	32	112.8
abc	238	112.79
abc	231	112.42
abc	1112	111.39
abc	239	110.74
abc	162	110.65
abc	116	110.28
abc	146	108.51
abc	148	108.41
abc	13	107.09
abc	225	106.46
abc	11	106.22
abc	218	105.57
abc	21	105.54
abc	248	104.39
abc	245	102.09
abc	124	100.35
abc	120	99.4104
abc	1104	98.9244
bc	126	95.6248
bc	141	95.5362
c	125	92.398
c	122	91.9918
c	184	91.2252
c	158	91.215
c	153	90.0722
c	161	88.4562
c	160	88.2138
c	243	84.786
c	1116	84.4153
c	210	84.3358
c	156	81.497

## 2. 종자의 형태적 특징

종자의 무게는 평균 0.401 g, 길이는 평균 15.616 mm, 폭은 평균 9.911 mm, 두께는 평균 6.899 mm로 계산되었다. 또한 종자의 형태적 특징에 대한 일원분산분석 결과, 모든 항목에서 클론 간의 유의미한 차이가 나타났다.

Tukey 다중범위 검정을 실시한 결과, 종자의 무게는 25개 그룹으로 나타났으며 길이는 34개 그룹으로 나타났다. 종자의 폭은 28개 그룹으로 나타났으며 두께는 29개 그룹으로 나타났다.

Table 8. Mean, minimum, maximum, coefficient of variance (CV) and F-value of seed characteristics in the 1.5 generation seed orchard of Korean pine (*Pinus koraiensis*) in 2020.

	Wt (g)	L (mm)	Wd (mm)	T (mm)
Mean	0.401	15.616	9.911	6.899
Min	0.087	3.340	0.980	0.600
Max	0.832	20.230	14.130	9.990
C.V	34.590	9.643	12.664	13.658
F-value	21.092***	30.770***	8.815***	10.915***

Wt, weight; L, length; Wd, width; T, thickness;

\*\*\*p < .001; N=252.

Table 9. Multiple comparison for seed characteristics.

(1) Seed weight

Group	Clone ID	Estimate
a	244	0.6132
ab	212	0.5842
ab	216	0.5794
abc	241	0.5494
abcd	121	0.5384
abcde	144	0.5164
abcdef	21	0.5155
abcdef	232	0.5108
abcdef	155	0.503
bcdefg	1104	0.4976
bcdefgh	32	0.4851
cdefghi	28	0.4572
cdefghi	221	0.4568
cdefghij	227	0.4496
cdefghij	118	0.4458
cdefghij	151	0.4434
cdefghij	239	0.4412
cdefghij	185	0.4409
defghijk	11	0.4371
defghijk	238	0.4304
defghijk	230	0.428
efghijkl	122	0.4111
efghijkl	242	0.406
fghijkl	184	0.4045
fghijkl	245	0.4042
ghijklm	158	0.388
hijklmn	231	0.385
hijklmno	222	0.378
ijklmno	29	0.366
ijklmno	162	0.3615
ijklmno	225	0.3612
ijklmno	218	0.3585
ijklmno	116	0.3583
ijklmno	13	0.3562
ijklmno	210	0.3553
ijklmno	154	0.3529
ijklmnop	115	0.3479
jklmnop	1112	0.3449
jklmnop	141	0.3442
jklmnop	146	0.3436
klmnop	126	0.3268
lmnop	153	0.3135
lmnop	248	0.3108
lmnop	161	0.3049
lmnop	120	0.3045
lmnop	148	0.3008
mnop	243	0.2899
mnop	1116	0.2803
mnop	124	0.2769
nop	156	0.2752
op	125	0.2688
p	160	0.2364

## (2) Seed length

Group	Clone ID	Estimate
a	227	18.944
ab	28	17.8817
bc	244	17.4117
bcd	231	17.1323
bcde	241	17.095
bcdef	212	16.9333
bcdefg	144	16.9013
cdefgh	248	16.58
cdefghi	29	16.3197
defghij	115	16.2907
defghij	21	16.2787
defghij	158	16.2337
defghijk	162	16.1853
defghijk	146	16.1797
defghijk	120	16.17
defghijk	225	16.155
defghijkl	1104	16.0963
defghijklm	210	16.038
efghijklmn	1116	15.99
fghijklmno	154	15.9383
fghijklmno	125	15.9353
fghijklmnop	230	15.8497
fghijklmnop	242	15.8387
ghijklmnop	232	15.8003
hijklmnopq	239	15.6567
hijklmnopq	238	15.623
hijklmnopq	155	15.619
hijklmnopq	222	15.6113
hijklmnopq	221	15.561
ijklmnopqr	13	15.3657
ijklmnopqr	185	15.3573
ijklmnopqrs	118	15.252
ijklmnopqrs	124	15.2447
jklmnopqrs	245	15.18
klmnopqrs	184	15.1107
klmnopqrs	1112	15.0773
lmnopqrs	243	15.0263
mnopqrst	121	14.9537
mnopqrst	148	14.9327
nopqrst	11	14.9163
opqrst	156	14.8483
opqrst	32	14.8413
pqrst	153	14.7917
pqrst	216	14.754
qrst	126	14.68
qrstuv	151	14.6223
rstuv	116	14.3727
stuv	141	14.1977
tuv	122	13.8887
uv	161	13.561
v	218	13.4843
v	160	13.3173

## (3) Seed width

Group	Clone ID	Estimate
a	120	11.4957
ab	144	11.149
abc	154	10.7207
abc	125	10.693
abc	227	10.6843
abcd	243	10.6563
abcde	225	10.603
abcdef	146	10.5737
abcdefg	115	10.516
abcdefgh	28	10.4647
abcdefgh	124	10.4643
abcdefghi	29	10.414
abcdefghij	244	10.3437
bcdefghijk	185	10.3133
bcdefghijk	242	10.2883
bcdefghijk	13	10.2827
bcdefghijkl	212	10.2297
bcdefghijklm	248	10.1973
bcdefghijklm	230	10.1547
bcdefghijklm	153	10.126
bcdefghijklm	162	10.1
bcdefghijklm	241	10.0867
bcdefghijklmn	158	10.0257
cdefghijklmn	21	9.984
cdefghijklmn	118	9.979
cdefghijklmn	231	9.9517
cdefghijklmn	11	9.9287
cdefghijklmn	1116	9.877
cdefghijklmn	210	9.8283
cdefghijklmno	156	9.7883
cdefghijklmno	155	9.7673
cdefghijklmno	184	9.767
cdefghijklmno	245	9.757
cdefghijklmno	116	9.72
cdefghijklmno	221	9.6957
defghijklmno	32	9.5107
defghijklmno	141	9.498
efghijklmno	216	9.475
fghijklmno	122	9.4203
ghijklmno	238	9.364
hijklmno	148	9.3527
hijklmno	1104	9.349
hijklmno	160	9.3403
ijklmno	126	9.2883
jklmno	222	9.2363
jklmno	1112	9.1833
klmno	151	9.1657
lmno	239	9.0847
mno	232	9.0667
no	121	8.9103
no	218	8.866
o	161	8.6557

## (4) Seed thickness

Group	Clone ID	Estimate
a	125	7.9643
ab	120	7.8807
abc	242	7.588
abcd	28	7.5423
abcd	124	7.5327
abcde	153	7.457
abcde	144	7.4553
abcde	225	7.418
abcde	243	7.4033
abcde	11	7.3767
abcdef	146	7.3553
abcdefg	212	7.289
abcdefg	227	7.2863
abcdefg	118	7.2573
abcdefg	158	7.2463
abcdefgh	231	7.2327
abcdefghi	156	7.1837
abcdefghi	244	7.1577
abcdefghi	154	7.1403
abcdefghij	248	7.1187
abcdefghijk	162	7.1147
bcdefghijkl	185	7.092
bcdefghijklm	21	7.07
cdefghijklmn	245	7.0003
cdefghijklmn	1116	6.9657
cdefghijklmn	230	6.9347
cdefghijklmn	210	6.9147
cdefghijklmn	141	6.8857
cdefghijklmno	29	6.8513
cdefghijklmnop	221	6.8453
cdefghijklmnop	13	6.8407
cdefghijklmnop	241	6.7657
cdefghijklmnop	126	6.7463
defghijklmnop	238	6.734
efghijklmnop	122	6.6813
efghijklmnop	216	6.6407
efghijklmnop	116	6.6247
fghijklmnop	1112	6.516
ghijklmnop	148	6.5017
ghijklmnop	115	6.489
hijklmnop	160	6.388
ijklmnop	218	6.335
ijklmnop	222	6.283
ijklmnop	151	6.2723
klmnop	1104	6.2667
lmnop	121	6.2453
mnop	155	6.242
nop	232	6.219
nop	184	6.1777
nop	161	6.1723
op	32	6.033
p	239	5.9977

### 3. 구과 분석

구과 당 종자 생산능력은 평균 180.683 개, 1차 고사배주는 평균 46.385 개(25.703%), 2차 고사배주는 평균 9.94 개(5.449%), 충실종자는 평균 38.567 개(29.902%), 비립종자는 평균 56.861 개(31.576%), 상해종자는 평균 14.583 개(8.319%), 외피 내부의 상해종자는 평균 14.127 개(7.8095)로 나타났다. 또한 종자 분석의 각 항목별로 일원분산 분석을 한 결과, 1차 고사배주 개수를 제외하고 모든 항목에서 클론 간의 유의미한 차이를 확인했다.

Tukey 다중범위검정 결과, 종자생산능력은 5개 그룹으로 나타났으며 1차 고사배주 개수와 비율은 모든 클론이 하나의 그룹으로 나타났다. 2차 고사배주 개수와 비율은 3개의 그룹으로 나타났으며 충실종자 개수와 비율은 3개의 그룹으로 나타났다. 비립종자 개수는 5개 그룹으로 나타났고 비립종자 비율은 7개 그룹으로 나타났다. 상해종자 개수는 5개 그룹으로 나타났고 상해종자 비율은 3개 그룹으로 나타났다. 내부 상해종자 개수와 비율은 5개 그룹으로 나타났다.

**Table 10. Cone analysis in the 1.5 generation seed orchard of Korean pine in 2020.**

	SP	1 <sup>st</sup> AO	1 <sup>st</sup> AOP (%)	2 <sup>nd</sup> AO	2 <sup>nd</sup> AOP (%)	Developed seeds							
						F	FP (%)	E	EP (%)	D	DP (%)	ID	IDP (%)
Mean	180.683	46.385	25.703	9.940	5.449	38.567	29.902	56.861	31.576	14.583	8.319	14.127	7.809
Min	128.000	7.000	3.365	0.000	0.000	0.000	0.000	9.000	6.081	0.000	0.000	0.000	0.000
Max	258.000	117.000	60.256	106.000	46.078	135.000	84.444	142.000	72.667	91.000	61.486	65.000	34.211
C.V	11.833	41.133	39.358	159.367	152.291	72.055	63.004	46.431	45.260	93.115	102.130	80.493	79.018
F-value	2.241***	1.300	1.447*	2.27***	2.318***	2.15***	1.984***	2.35***	2.234***	3.11***	3.029***	2.6***	2.587***
Var (Clone)	93.492	21.230	8.653	52.201	14.772	148.819	60.058	152.620	41.601	56.254	21.405	32.160	9.432
Var (Error)	365.089	343.131	93.819	199.575	54.316	625.766	295.809	546.767	163.294	129.016	51.106	97.647	28.794
H <sup>2</sup>	0.204	0.058	0.084	0.207	0.214	0.192	0.169	0.218	0.203	0.304	0.295	0.248	0.247

Rounded off to four decimal places; \*\*\*p < .001. \*p < .05;

SP, seed potential; 1<sup>st</sup> AO, aborted ovule in the 1<sup>st</sup> year of cone mature; 2<sup>nd</sup> AO, aborted ovule in the 2<sup>nd</sup> year of cone mature; F, filled seed; FP, percent filled seed; E, empty seed; EP, percent empty seed; D, damaged seed; DP, percent damaged seed; ID, damaged seed in seed coat; IDP, percent damaged seed in seed coat; Var(Clone), variance of clone; Var(Error), variance of error; H<sup>2</sup>, broad-sense heritability; N = 252.

Table 11. Multiple comparison for seed production.

(1) Seed potential

Group	Clone ID	Estimate
a	244	211.2
ab	121	202.4
abc	32	201.6
abc	222	201.6
abc	116	199.2
abc	225	198
abc	148	197.67
abc	146	194.8
abc	162	192.8
abc	241	192.4
abc	151	190.4
abc	232	189.5
abc	1112	188.4
abc	245	187.6
abc	212	187.6
abc	1116	186.5
abc	230	186
abc	221	184.8
abc	248	184.5
abc	28	183.6
abc	161	183.2
abc	239	183.2
abc	227	183.2
abc	185	183
abc	126	182.4
abc	21	182
abc	29	181.2
abc	156	181.2
abc	118	181.2
abc	115	179.5
abc	154	179.33
abc	120	178.8
abc	242	178
abc	238	177.6
abc	155	176
abc	141	174.4
abc	11	171.6
abc	122	171.6
abc	231	171.2
abc	144	170
abc	13	170
abc	216	168.67
abc	218	167.6
abc	243	167.6
abc	184	165.6
abc	1104	164.4
abc	125	164.4
abc	160	162
abc	158	161.6
abc	210	161.2
bc	153	160
c	124	151.6

(2) Aborted ovule in the 2<sup>nd</sup> year of cone mature

Group	Clone ID	Estimate
a	225	50
ab	156	32.6
ab	184	30.8
ab	243	29.4
ab	120	25.4
ab	21	22
ab	1116	21
ab	222	18.6
ab	11	17.2
ab	153	16.4
ab	242	16.4
ab	185	13.25
ab	29	12.8
b	122	11.4
b	162	11.2
b	125	10.2
b	146	9
b	118	8.2
b	248	8
b	218	7.6
b	116	7.4
b	32	7.4
b	151	7
b	1112	6.6
b	221	6.6
b	212	6.4
b	210	6.2
b	227	6.2
b	160	5.8
b	141	5.8
b	241	5.4
b	244	5.2
b	232	4.75
b	13	4.6667
b	158	4.6
b	1104	4.6
b	124	4.4
b	238	4.4
b	154	4.3333
b	115	4.25
b	121	4
b	230	4
b	144	3.6
b	245	3.4
b	28	3.2
b	126	3
b	161	2.4
b	239	2.4
b	148	2.3333
b	216	2.3333
b	155	2.2
b	231	2

(3) Percent aborted ovule in the 2<sup>nd</sup> year of cone mature

Group	Clone ID	Estimate
a	225	25.2685
ab	184	18.2229
ab	156	15.6201
ab	120	15.5508
ab	243	15.3248
ab	21	11.4362
ab	1116	11.4183
ab	153	10.0167
ab	11	9.8003
ab	222	9.2391
ab	242	9.0168
ab	29	7.2896
ab	185	6.9749
ab	122	6.6202
ab	125	6.1827
ab	162	6.1646
b	218	4.7202
b	118	4.626
b	248	4.4504
b	146	4.4489
b	1112	3.7591
b	116	3.7267
b	160	3.7115
b	151	3.6755
b	32	3.6123
b	210	3.5477
b	221	3.5265
b	212	3.4618
b	141	3.3815
b	227	3.3795
b	158	3.2914
b	241	2.9139
b	232	2.8713
b	124	2.8555
b	13	2.7176
b	1104	2.7071
b	238	2.5248
b	154	2.4791
b	244	2.3671
b	115	2.2742
b	230	2.1368
b	144	2.1184
b	121	1.9759
b	245	1.7743
b	28	1.7173
b	126	1.5894
b	216	1.3798
b	161	1.3581
b	239	1.3338
b	155	1.2245
b	231	1.151
b	148	1.1432

(4) Filled seed

Group	Clone ID	Estimate
a	239	77.2
a	244	73.8
ab	222	61.4
ab	227	60.8
ab	230	60.4
ab	221	59.6
ab	29	58.4
ab	121	58.2
ab	216	55
ab	116	54.8
ab	232	54
ab	242	53
ab	241	52
ab	238	51.2
ab	118	50.4
ab	218	49.2
ab	28	49.2
ab	248	45.5
ab	212	45.2
ab	155	44.8
ab	185	42.75
ab	124	42.4
ab	126	41.8
ab	141	40.2
ab	231	39.6
ab	32	38.8
ab	120	36.2
ab	1104	34.2
ab	146	34
ab	1112	33
ab	154	33
ab	115	30.75
ab	144	28.2
ab	245	28
ab	160	28
ab	161	27.2
ab	125	26.8
ab	225	26.2
ab	162	26.2
ab	156	24.6
ab	11	23.8
ab	122	23.8
ab	184	23.6
ab	243	21.4
ab	151	20.6
ab	153	18.8
ab	148	17.6667
ab	21	16.75
ab	13	14.6667
ab	1116	14
ab	158	13.6
b	210	4.4

(5) Percent filled seed

Group	Clone ID	Estimate
a	239	54.0257
a	29	49.153
ab	230	45.6291
ab	227	45.2178
ab	222	44.3622
ab	244	44.2195
ab	242	42.7191
ab	218	42.31
ab	216	42.0222
ab	238	39.5222
ab	120	39.2572
ab	118	39.0933
ab	221	38.6627
ab	116	38.43
ab	124	38.0191
ab	28	37.1702
ab	185	35.9971
ab	241	35.9121
ab	121	35.5225
ab	231	33.7118
ab	155	33.0955
ab	232	32.3055
ab	126	31.9016
ab	141	30.846
ab	212	30.7554
ab	248	30.4109
ab	32	27.4632
ab	1104	27.405
ab	154	26.9729
ab	243	26.5112
ab	146	25.9434
ab	1112	25.252
ab	184	25.0109
ab	225	24.3798
ab	144	24.2184
ab	161	22.9251
ab	125	22.4351
ab	156	21.4422
ab	160	21.1878
ab	115	21.1696
ab	11	20.8352
ab	162	20.4693
ab	122	20.0308
ab	245	19.9062
ab	153	18.6118
ab	158	16.6149
ab	151	15.5413
ab	21	15.2321
ab	1116	13.4158
ab	148	12.9567
ab	13	11.0819
b	210	3.718

(6) Empty seed

Group	Clone ID	Estimate
a	148	103.83
ab	115	93.25
abc	245	89.2
abc	21	84
abc	121	80.2
abc	160	79.4
abc	151	76.8
abc	13	74.6667
abc	162	72.4
abc	158	69.8
abc	32	69.8
abc	225	66.8
abc	1116	66.75
abc	241	66.4
abc	156	66.2
abc	28	62.4
abc	1112	60.2
abc	11	59.4
abc	154	59.3333
abc	146	59.2
abc	144	58.4
abc	155	57.8
abc	238	56.8
abc	221	56.4
abc	122	55.6
abc	184	55.4
abc	210	54.8
abc	212	54
abc	125	53.6
abc	153	53
abc	1104	52.8
abc	161	52.6
abc	231	51.4
abc	248	51.25
abc	239	51
abc	216	48.8333
abc	126	48.2
abc	242	45.6
abc	244	45
abc	141	44
abc	116	43.2
abc	230	42.8
abc	218	42.6
abc	222	42.2
bc	232	41.5
bc	124	41.4
bc	227	37.8
bc	185	37.25
bc	243	36.2
bc	118	33.4
c	120	31.2
c	29	27.6

(7) Percent empty seed

Group	Clone ID	Estimate
a	148	53.3926
ab	115	51.6369
abc	160	50.0816
abcd	21	46.6558
abcd	245	46.533
abcd	13	43.7176
abcd	158	42.2391
abcd	151	40.4628
abcd	121	39.3832
abcd	162	37.9099
abcd	156	37.8764
abcd	1116	35.4139
abcd	241	34.6934
abcd	28	34.3848
abcd	11	34.2635
abcd	144	34.1802
abcd	32	34.1192
abcd	184	34.0313
abcd	238	33.516
abcd	153	33.3666
abcd	125	33.0425
abcd	210	32.8689
abcd	155	32.5083
abcd	1104	32.3747
abcd	225	32.3267
abcd	154	32.0203
abcd	1112	31.5948
abcd	122	31.4655
abcd	221	30.6978
abcd	146	30.6591
abcd	231	30.231
abcd	216	28.998
abcd	212	28.9789
abcd	161	28.7546
abcd	248	28.3383
abcd	239	28.2085
abcd	124	27.6245
abcd	126	27.221
abcd	218	25.6795
abcd	141	25.6137
abcd	242	25.0355
abcd	230	23.1869
abcd	243	22.8438
abcd	232	21.6025
abcd	244	21.5433
abcd	116	21.2634
abcd	222	21.034
abcd	185	20.5122
abcd	227	20.4985
bcd	118	19.136
cd	120	17.3176
d	29	15.0546

(8) Damaged seed

Group	Clone ID	Estimate
a	210	57.8
ab	232	36.25
abc	154	29.6667
abc	248	28.25
bc	161	26.2
bc	13	26
bc	243	24.4
bc	185	24
bc	118	20.8
bc	32	20.8
bc	141	18
bc	1112	17.6
bc	153	17.4
bc	151	16.8
bc	29	16.6
bc	1116	16.5
bc	11	16.4
bc	144	15.8
bc	146	15.4
bc	121	14.8
bc	244	14.6
bc	231	14.2
bc	156	14.2
bc	227	14.2
bc	155	14
bc	120	13.8
bc	230	13.8
bc	126	13.6
bc	115	12.75
bc	122	12.6
bc	116	12.2
bc	184	12
bc	222	11.4
bc	148	11.3333
bc	162	11.2
bc	241	10.6
bc	216	9.8333
bc	221	9.8
bc	225	9.2
bc	245	9
bc	218	8.8
bc	212	8.2
bc	21	8
bc	1104	7.6
bc	238	7.4
bc	239	7.2
bc	242	6.4
c	160	5.8
c	28	4.8
c	158	4.4
c	125	3.4
c	124	2.4

(9) Percent damaged seed

Group	Clone ID	Estimate
a	210	36.8035
ab	232	20.3826
b	248	17.3682
b	154	16.7679
b	243	16.135
b	13	15.5771
b	161	14.0954
b	185	13.1929
b	153	11.8451
b	118	11.4374
b	32	10.6456
b	141	10.1806
b	29	10.174
b	11	9.7137
b	144	9.3617
b	1116	9.194
b	1112	9.1896
b	151	8.8289
b	231	8.5522
b	122	8.0723
b	155	8.0594
b	156	8.0571
b	227	8.0346
b	120	7.6362
b	146	7.6097
b	121	7.4224
b	230	7.4131
b	244	7.4051
b	115	7.2961
b	126	7.2228
b	184	7.2038
b	116	6.2458
b	216	5.8549
b	148	5.7682
b	241	5.7089
b	162	5.6805
b	222	5.6489
b	245	5.5279
b	221	5.2387
b	225	5.0606
b	218	5.0453
b	1104	4.7274
b	212	4.5026
b	21	4.3833
b	238	4.1173
b	239	3.7507
b	160	3.7278
b	242	3.6392
b	28	2.642
b	158	2.5474
b	125	1.9982
b	124	1.5399

(10) Damaged seed in seed coat

Group	Clone ID	Estimate
a	212	40.2
ab	116	31.4
abc	244	28.4
abc	1104	26
abc	124	23.8
abc	242	22.2
abc	221	21.8
abc	118	20.6
abc	227	20.4
abc	155	20
abc	1112	19.4
abc	232	19.25
abc	222	19.2
abc	216	17.5
abc	151	16
abc	231	15.2
abc	146	14.8
abc	141	14.6
abc	11	14.6
abc	238	14.4
abc	248	14.25
bc	13	13.6667
bc	125	13.2
bc	28	13
bc	144	12.6
bc	218	12.6
bc	1116	12.25
bc	29	12.2
bc	241	11.2
bc	158	10.8
bc	156	10.8
bc	185	10.75
bc	121	10.4
bc	243	10.4
bc	148	10.1667
bc	230	10
bc	160	9.8
bc	32	9.6
bc	120	9.4
bc	126	9
bc	162	9
bc	184	8.8
bc	122	8.8
bc	161	8.4
bc	153	7.6
bc	245	7.6
bc	239	7.4
bc	21	6.75
bc	115	6.5
c	154	5
c	225	3.8
c	210	2.4

(11) Percent damaged seed in seed coat

Group	Clone ID	Estimate
a	212	21.1551
ab	124	15.7961
ab	1104	15.7438
abc	116	15.4614
abc	244	13.7924
abc	242	12.3854
abc	118	12.1357
abc	221	11.6939
abc	155	11.4919
abc	227	11.4299
abc	1112	10.5352
abc	216	10.3316
abc	232	9.6524
abc	222	9.2964
abc	11	8.6744
abc	231	8.5803
abc	141	8.4058
abc	151	8.3075
abc	146	8.0935
abc	13	7.9118
abc	238	7.8397
abc	125	7.8241
abc	144	7.4363
abc	248	7.3886
abc	218	7.3688
abc	28	7.0675
abc	158	7.0097
bc	29	6.5403
bc	1116	6.4436
bc	156	6.311
bc	243	6.1574
bc	185	6.0617
bc	241	5.8705
bc	160	5.7991
bc	230	5.4523
bc	184	5.3724
bc	120	5.3407
bc	121	5.2411
bc	148	4.936
bc	126	4.8782
bc	122	4.7907
bc	32	4.7662
bc	153	4.6602
bc	161	4.5691
bc	162	4.5252
bc	245	4.0785
bc	239	3.9692
bc	115	3.7095
bc	21	3.6624
bc	154	2.7587
bc	225	1.9832
c	210	1.5018

#### 4. 구과 및 종자 특성 간 상관분석

구과 및 종자 특성 간의 상관관계를 분석하기 위해 클론별 암, 수구화수와 구과 생산량, 구과 및 종자의 형태적 특성, 구과당 충실종자 생산량 간의 피어슨 상관계수(Pearson's correlation coefficient)를 추정하였다 (Table 12). 그 결과, 구과 길이를 제외한 구과 및 종자의 형태적 특성과 구과 생산량은 부의 상관관계를 보이나 통계적으로 유의미하지는 않으며 충실종자 생산량과 구과 생산량은 유의미한 정의 상관관계를 나타냈다. 구과의 형태적 특성과 수구화수 생산량은 정의 상관관계를 보이나 구과 무게만 통계적으로 유의미했다.

구과 특성 항목 간의 상관관계는 모든 항목에서 유의미한 정의 상관관계를 보였으며 종자 특성 항목 간의 상관관계도 같은 결과가 나타났다. 또한, 구과 무게, 구과 길이, 구과 폭, 구과 건중량, 종자 무게는 구과당 충실종자 개수와 유의미한 정의 상관관계를 보였다.

Table 12. Pearson's correlation coefficient among clonal mean production of female and male strobili, cones and filled seeds per a cone and cone and seed morphological characteristics in the 1.5 generation seed orchard of Korean pine (*Pinus koraiensis*) in 2020.

	Female strobili	Male strobili	Cone	Filled seeds	Cone				Seed				
					Weight	Length	Width	Dry weight	Weight	Length	Width	Thickness	
Filled seeds	-0.127	0.149	0.280*	.	0.458**	0.534**	0.456**	0.692**	0.362**	0.237	-0.112	-0.175	
Cone	Weight	0.085	0.293*	-0.023	0.458**	.	0.539**	0.618**	0.747**	0.162	0.389**	-0.078	-0.204
	Length	0.112	0.216	0.054	0.534**	0.539**	.	0.539**	0.798**	0.308*	0.320*	0.119	0.004
	Width	-0.133	0.137	-0.059	0.456**	0.618**	0.539**	.	0.695**	0.328*	0.438**	0.110	-0.086
	Dry weight	0.071	0.246	-0.041	0.692**	0.747**	0.798**	0.695**	.	0.450**	0.507**	0.102	-0.046
Seed	Weight	-0.144	0.112	-0.069	0.362**	0.162	0.308*	0.328*	0.450**	.	0.713**	0.676**	0.619**
	Length	0.108	0.113	-0.195	0.237	0.389**	0.320*	0.438**	0.507**	0.713**	.	0.607**	0.443**
	Width	0.078	-0.034	-0.192	-0.112	-0.078	0.119	0.110	0.102	0.676**	0.607**	.	0.809**
	Thickness	0.086	-0.062	-0.196	-0.175	-0.204	0.004	-0.086	-0.046	0.619**	0.443**	0.809**	.

Rounded off to four decimal places; \*\*p < .01. \*p < .05; N=52.

### 제 3 절 선형적 구과 채취 방안

채종원 내 전체 687개 개체에서 구과를 채취할 경우(선발율 100%), 종자 생산량은 약 319,500립이고 유효집단크기는 46.5, 유전다양성은 0.989이었다. 상위 육종가를 가진 개체 및 개체에서 선형적으로 구과를 채취하기 위해 구과채취율(선발율)을 10% 간격으로 하여 선형적 구과채취(linear selection) 모형을 시뮬레이션을 하였다.

선형적 구과채취 모형은 구과가 채취되는 라멧의 숫자를 기준으로 실행하였으며 그 결과, 비율적 구과채취율에 따라 채취되는 클론수(N)에는 한 개 클론의 감소만 발생하였다. 또한 총 채취되는 총실종자량은 크게 감소하고 있는 반면에 채취 종자의 육종가(BV)은 구과채취율이 낮아질수록 크게 상승하였다(Table 10).

유효집단크기( $N_s$ )는 구과채취율 90%에서 44.369로 최대값을, 10%에서 31.951로 최소값을 나타내어 구과채취율이 높을수록 유효집단크기가 증가하였다(Table 10). 또한 유전다양성 역시 구과채취율이 낮아질수록 감소하여 채취율 90%에서 0.989로 최대값을, 10%에서 0.984이 최소값으로 나타내어 채종원 모수집단과 비교한 유전다양성 감소는 크지 않은 것으로 나타났다(Table 10).

**Table 13. Changes of clone and ramet numbers, and linear cone collection at various collection rates.**

Collection rate	100%	90%	80%	70%	60%	50%	40%	30%	20%	10%
<i>N</i>	52	51	51	51	51	51	51	51	51	51
<i>n</i>	687	618	550	481	412	344	275	206	137	69
<i>BV</i>	0.019	0.101	0.165	0.226	0.286	0.338	0.387	0.435	0.521	0.523
TF (10,000)	17.58	16.24	14.9	13.44	11.83	9.93	7.88	5.9	3.92	1.97
<i>Ns</i>	46.477	44.345	42.825	41.126	39.058	37.629	36.716	35.877	32.820	32.783
<i>GD</i>	0.989	0.989	0.988	0.988	0.987	0.987	0.986	0.986	0.985	0.985
<i>S</i>	0	0.082	0.146	0.207	0.267	0.319	0.368	0.416	0.502	0.504

Rounded off to three decimal places for TF; Rounded off to four decimal places for *BV*, *Ns*, *GD* and *S*;

*N*, number of clone; *n*, number of ramets; *BV*, breeding value, sum of GCA and mean production of filled seeds per ramets; TF, total production of filled seeds; *Ns*, status number; *GD*, genetic diversity; *S*, Selection differential.

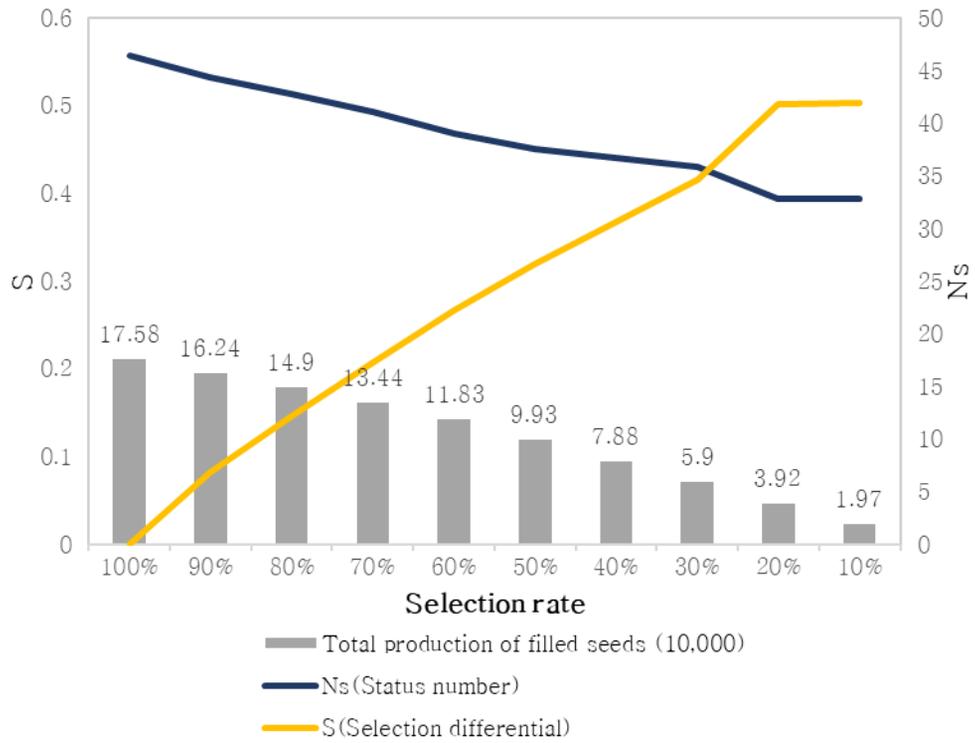


Figure 11. Selection differential ( $S$ ) and effective population size ( $N_s$ ) under the alternative option of linear cone collection at various cone collection rates.

## 제 5 장 고 찰

### 제 1 절 개화 · 결실량 유전 변이 및 유전적 다양성

잣나무 개량 채종원에서 3년간의 개화 · 결실량 변이를 조사한 결과, 암구화수의 생산량은 2018년에 0.599로 매우 저조하였으나 2019년 5.033, 2020년에 11.489로 점점 증가하였다. 수구화수 생산량도 2018년에 112.565, 2019년에 576.936, 2020년에 1627.755로 증가하였다. 암구화수의 발달단계로서 개화량과 밀접한 관련이 있는 유구과는 2018년에 2.713, 2019년에 1.109, 2020년에 13.246로 조사되었으며 성숙 구과 생산량은 2019년에 1.109, 2020년에 11.052로 조사되었다. 일원분산분석 결과, 2019년 유구과 생산량을 제외하고 클론 간의 차이가 대부분 유의미한 것으로 나타났다. 또한 매년 수구화 생산량의 평균 이하를 기록하는 클론이 암구화수, 유구과, 구과에 비해 다수 존재하는 경향을 보였다. 이 연구 결과는 동일 수종에서 개화·결실량에 풍흉주기성을 보이며 클론 간 암구화수에 비해 수구화수의 개화량 변이가 크고 매년 결실이 저조한 클론이 다수 존재한다는 연구결과(한상익 등, 1997)와 유사했다.

분산성분을 산출하여 광의의 유전력을 추정한 결과, 매년 수구화수의 유전력이 암구화수보다 높고 성숙구과의 유전력이 유구과보다 높은 경향이 나타났다. 이는 잣나무 개화량의 유전력에 대한 연구결과(한상익 등,

1997)와 유사한 경향을 나타냈으나 유전력 값은 비교적 매우 낮은 편이다. 유전력 공식을 살펴봤을 때 표현형 변이에 있어 유전적 변이가 어느정도 차지하는지 그 비율을 나타내는 것으로, 유전력이 낮다는 것은 본 채종원의 유전적 변이가 적게 조사되었다는 것을 의미한다. 따라서 환경요인에 의해 유전적 차이가 적게 나타났고 볼 수 있다. 또한 유전력은 채종목의 나이에 따라 달라질 수 있으며 한상억 등(1997)의 연구 결과는 8-12년생의 개체를 대상으로 했음을 고려해야 하므로 두 연구 결과의 절대적인 수치 비교는 지양해야 한다. 더불어 본 연구의 개화 및 결실량에 대한 유전력은 보고된 잣나무 재적생장에 대한 유전력(한상억 등, 2009)에 비해 낮은 편으로 개화·결실 특성은 재적생장보다 환경적인 영향을 많이 받는 것으로 보이나 이 역시 환경에 따라 유전력 값은 다르게 나타날 수 있다.

2018년부터 2020년까지 암구화수, 수구화수, 유구과와 성숙 구과에 대한 Pearson's correlation coefficient으로 상관 분석한 결과, 모두 대부분의 해에 유의미한 정의상관관계를 보였으며 특히 수구과의 상관관계가 비교적 높은 수치로 나타난 것은 개체간 개화량과 순위가 반복되고 있음을 알 수 있다. 또한, 암구화수와 수구화수 간의 상관관계는 대부분 의미하지 않은 계수를 가져 그 상관이 나타나지 않았다. 이는 잣나무 클론 보존원에서 보고된 바(한상억 등, 1997)와 유사한 특성을 보인다.

상대유효집단크기는 암구화수에서 5.926-14.425% 로 나타났으며

수구화수에서 10.497-42.281% 로 나타나 매우 작게 측정되었다. 이는 강규석 등(2003)이 잣나무 채종원에서 암구과 37%, 수구과 14%로 측정한 바와 비교하면 크게 다르지 않다. 결국 유효집단크기는 클론간의 배우자 기여도가 균일하지 않아 변동계수가 높을 때 낮게 추정되므로(Kang, 2001)본 채종원은 소수 클론에 의해 암, 수구화수와 유구과가 생산된다는 것을 의미한다. 이는 parental balance curve가 직선에서 떨어진 형태로 그려진 것에서도 알 수 있었다.

암구화수는 2018년에 20개(38%) 클론, 2019년에 31개(60%) 클론, 2020년에 33개(63%) 클론이 전체 생산량의 80%를 차지했고 수구화수는 2018년에 11개(21%) 클론, 2019년에 12개(23%) 클론, 2020년에 20개(38%) 클론이 전체 생산량의 80%를 차지했다. 이 결과는 동일 수종인 잣나무에서 전체 클론의 20%가 전체 암구화수 개화량의 50% 이상을 보이고 전체 클론의 8-15%가 전체 수구화수 개화량의 80% 이상을 나타낸 연구결과(한상익 등, 1997)와 7년생 잣나무에서 소수 클론이 전체 화분량의 대부분을 생산한다는 연구결과(Park et al., 1987)와 유사하게 소수 클론에 개화량이 편중되어 나타났다. 반면 소나무와 해송은 연간 개화량이 안정적이고 성적 균형을 이루고 있다는 연구결과(한상익 등, 2001; 강규석 등, 2002b; 박지민, 2017)와 대조적이다.

잣나무는 본래 연구대상지보다 고도가 높고 기온이 낮은 곳에 자생하

므로 환경에 의한 영향을 무시할 수 없을 것이나 소나무류의 개화 및 결실에 대한 특성은 유전적 영향을 받는 것으로 보고되어 지속적인 연구가 필요하다. 특히 소수 클론에 의해 대부분의 암구화수와 수구화수가 생산되는 경우 종자로 전해지는 유전자형이 감소하고 유효집단수가 줄어들어 유전다양성이 감소하게 된다. 따라서 본 잣나무 개량채종원에서 지속적인 개화 및 결실 특성을 조사하여 적절한 관리가 필요할 것으로 보인다.

## 제 2 절 구과 및 종자 분석을 통한 유전적 품질 평가

채종원산 종자는 유전적 품질을 개량시켜 안정적으로 조림 및 양묘 자원을 공급하기 위해 생산되고 있다. 따라서 구과 및 종자 분석을 통해 수분과 수정 과정 동안의 문제점을 파악하고 채종원 내 종자 결실량의 예찰이 필요하다.

구과의 형태적 특성과 종자의 형태적 특성의 일원분산분석 결과, 모두 클론 간의 유의미한 차이가 나타났다. 일반적으로 열매나 종자는 영양소를 이용하는 강력한 수용부(sink)이며 과다 착과는 오히려 임목에 영양상태 불균형, 화아발달 억제와 같은 부정적 영향을 끼친다(Westwood, 1988). 특히 잣나무의 경우 2년생 구과로 구과 성숙 및 종자발달에 많은 에너지가 소비되고 있다(Han and Kim, 1988). 김인식 등(2013)에 따르면 잣나무에서는 구과 착과수가 많아질수록 구과길이, 구과폭, 구과무게가 감소하

며 임성인편수, 종자생산능력, 충실종자율, 종자무게, 종자효율은 감소하고 둘째해 고사배주율은 다소 증가하는 경향이 나타난다고 한다. 잣나무는 구과와 종자의 크기가 크고 무거울수록 포지와 조림지에서의 생장이 좋다고 알려져있다(한상억, 이재선, 1996). 따라서 결실 풍년으로 인해 구과와 종자의 크기가 감소할 경우 향후 조림지에서 생장이 저조할 가능성이 있다. 강원 홍천 소재 45년생 잣나무 일반 임분에서 5년간 조사된 결과에 의하면 가장 착과량이 많은 해는 본 당 구과수가 평균 14.2개, 가장 적은 해는 평균 6.2개로 보고되었고(Chong and Chon, 1979) 수령의 차이로 인해 절대적인 비교는 어려우나 연구 대상지의 착과수가 적당한 것으로 판단된다. 또한 충북 충주시 수안보 소재 잣나무 클론채종원에서 구과 형태적 특성을 측정된 결과, 구과무게는 평균 121.9 g, 구과길이는 평균 13.2 cm, 구과폭은 평균 7.3 cm 이었고 결실량이 많은 개체일수록 구과와 종자의 크기가 줄어들었다고 한다(Kim and Hur, 2013). 본 연구에서는 앞선 연구들과 유사하게 구과 결실량과 구과 및 종자 크기의 부의 상관관계를 관찰하였으나 통계적으로 유의미하지는 않았다. 따라서 착과량이 지나치게 많은 것은 좋지 않은 것으로 사료되며 본 채종원에서는 구과 및 종자의 형태적 특성이 무난한 것으로 보이나 지속적으로 구과와 종자 특성을 측정할 필요가 있다. 또한 채종목의 선발시에 종자 생산량을 증대시키기 위해 구과 생산량 만을 고려하는 것은 좋지 못한 것으로 판단되며 반

드시 구과 및 종자 분석을 통해 충실종자 생산량을 고려해야할 것으로 판단된다.

미 농무성 산림청에서는 미국 남부에서 자라는 소나무류의 구과 분석 지침서(Bramlett et al., 1977)를 작성하였고 현재로서는 유일한 소나무류의 구과 분석 및 진단 지침이라고 할 수 있다. 잣나무는 미국 남부 수종인 loblolly pine(*Pinus taeda*), virginia pine(*P. virginiana*), shortleaf pine(*P. echinata*) 등과 달리 *strobis* subgenus에 속하며 *strobis* section의 *cembrae* subsection 5종 중 하나(Lanner, 1990)이나 종자에 날개가 없을 뿐 종자 결실에 2년이 걸려 종자를 분류하는 것은 유사했다. 다만 고사배주와 성숙종자의 형태적 분류를 위해 같은 *cembrae* subsection으로 나뉘는 whitebark pine (*Pinus albicaulis* Engelm.)에 대한 종자 생산 연구(Owens et al., 2008)를 참고했다.

본 채종원의 2020년 구과 분석 결과를 미국 농무성의 구과분석 지침서와 비교했을 때, 구과 당 첫해 고사배주가 많고 충실종자율이 저조하며 상해종자율이 높은 편으로 본 채종원 내에 병충해와 수분(pollination) 문제가 있을 것으로 판단된다.

잣나무는 높은 구과 해충 피해가 보고(강진택 등, 2019)되고 있고 본 채종원 역시 피해 정도가 높은 것으로 사료된다. 또한 첫해 고사배주가 높은 비율로 발생하는 것은 충해 뿐만 아니라 수분 부족의 문제가 있을 수

있다. 이는 채종원 내에 화분이 충분히 생산되지 않아 암구화수에 충분한 화분이 도달하지 못했거나, 암구화수의 수용 단계와 화분의 비산 시기가 일치하지 않는 등의 원인이 있다. 본 연구에서는 한 해의 구과 분석 자료만을 사용하였지만 안정적인 종자 수급을 위해서는 지속적인 모니터링과 필요시 추가적인 해충 방제 및 인위적인 수분 공급 등 채종원 관리가 필요할 것으로 보인다.

### 제 3 절 선형적 구과 채취 모형에 의한 우량종자 생산

산림청에서는 해마다 산림기본계획에 따른 조림 계획을 세우며 그에 따라 안정적으로 채종원 산 종자가 공급되어야 할 것이다. 만약 잣나무와 같이 조림 수요 대비 종자가 많이 생산될 경우, 미리 예측하여 적절한 양만큼 채취하는 것이 채취 과정에서 소요되는 자본과 인력, 종자 저장 등에 있어 효율적일 것이다. 그러나 어느 채종목에서 구과를 채취하는지에 따라 생산된 종자의 유전자 풀이 달라지게 되며 선발된 채종목의 평균 육종가가 채종원 전체에서 종자를 채취했을 때 보다 낮아질 수 있다. 임의로 구과가 많이 생산된 개체에서 많은 구과를 채취할 경우, 본 연구 대상지인 잣나무 채종원에서 46-67%의 클론이 전체 구과 생산량의 80%를 차지하고 있었으므로 유전적 불균형이 크게 발생할 수 있다.

이와 반대로 적절하게 채종목을 선발하여 구과를 채취할 경우 채종원

안에서 재선발한 효과를 낼 수 있으며 차대의 육종가(breeding value)를 높여 개량효과(genetic gain)를 증대시키고 유전적 다양성을 조절할 수 있다. 이 때 유의할 점은 선발된 채종목의 유효집단수(effective population number)로 적절한 수준이 유지되어야 한다. 일반적으로 채종원을 조성할 때 적절한 유효집단수는 최소 20-30을 목표로 한다. 이 연구에서 제시된 선형적 구과 채취 모형에서는 10% 선발율에서 유효집단수가 32.783으로 최소값을 가지므로 목표하는 충실종자 생산량에 대해 선발율을 지정하여 구과를 채취하면 될 것이다. 다만 클론별로 조사된 구과당 평균 충실종자 생산량은 년도 별로 기후나 충해 등 환경 인자에 따라 조금씩 달라질 수 있으므로 지속적으로 조사한다면 더 정확한 생산량을 예측할 수 있을 것으로 기대된다.

## 제 6 장 결 론

본 연구는 잣나무 1세대 채종원에서 형질이 우수한 클론을 재선발하여 조성된 개량 채종원에서 3년간 암·수구화수, 유구과 및 구과 생산량의 클론 간 변이를 분석하고 구과 및 종자 특성을 분석하여 채종원 산 종자의 품질에 영향을 미치는 요인들을 분석함과 더불어 선형적 구과 채취 모형을 제시하여 본 채종원의 효율적인 관리와 생산되는 종자의 품질 향상에 궁극적인 목적이 있다.

잣나무 개량채종원에서 암·수구화수 및 유구과, 성숙구과 생산량을 일원분산분석한 결과 2019년 유구과 생산량을 제외하고 클론 간의 유의미한 차이가 있었으며 특히 수구화수 생산량이 평균 이하인 클론이 매년 반복되었다. 또한 분산성분으로 유전력을 추정한 결과, 수구화수에 비해 암구화수의 유전력이 다소 낮아 개체 간 변이가 큰 편이며 수구화수와 암구화수 생산량의 상관은 거의 유의하지 않은 것으로 나타났다. 유효집단수를 추정하고 클론 간 기여도를 분석한 결과, 생산량이 저조했던 2018년에 클론 간의 기여도가 가장 불균형 했으며 암구화수 보다 수구화수가 소수 클론에 의해 생산되고 있음을 알 수 있다. 따라서 추후에 유전 간벌을 실시할 때에는 생산되는 종자의 유전다양성을 위해 재적생장 뿐만 아니라 클론 별 개화량 특성을 고려해야할 것으로 사료된다.

구과 및 종자 특성을 분석한 결과, 구과 및 종자의 형태적 특성은 클

론 간의 차이가 유의미한 것으로 나타났으며 구과 분석 결과, 종자 분류 항목 별로 클론 간의 차이가 유의미한 것으로 나타났다. 따라서 구과 및 종자 특성의 유전적 개량 가능성을 확인했다. 또한 구과 분석 결과, 평균 첫해 고사배주 비율과 평균 상해종자 비율이 높은 것으로 판단되어 본 채종원은 병충해 또는 화분 부족 등의 문제가 있을 수 있으므로 안정적인 종자 수급을 위해 지속적인 모니터링이 요구된다.

본 연구에서 제시한 선형적 구과 채취 모형으로 구과를 채취할 경우, 선발율에 따라 개량효과가 증가하여 종자의 유전적 가치를 향상시킬 뿐만 아니라 효율적으로 종자를 생산할 수 있을 것으로 기대된다. 지속적인 총실종자 생산량 조사를 통해 생산량 예측의 정확도를 높이는 연구가 수행되어야 할 것이다.

## 참고 문헌

- 강규석, 김장수, 장경환, 한상억. 2002a. 해송 채종원에서 유전간별 모델별 개량효과 및 유전다양성. 한국임학회 학술발표논문집. 2002, 191-193.
- 강규석, 장경환, 박유현, 김장수, 한상억, 김태수. 2002b. [포스터] 품종변이/육종; 소나무, 해송 및 잣나무 채종원에서 개화량 변이 및 종자의 유전다양성.
- 강진택, 이석준, 김태수, 송진선, 이채민, 이동운. 2019. 침엽수 채종원에서 구과해충의 발생소장과 수종별 구과 피해 및 화학적 방제. 농약과 학회지. 23(4), 241-250.
- 김용율, 이경미, 권용락, 조경진, 황의식, 김기환. 2011. 소나무, 잣나무 및 일본잎갈나무 3 개수종의 유전분석용 Microsatellite DNA 표지 개발. 산림과학 공동학술발표논문집. 2011, 1036-1037.
- 박지민. 2017. 곰솔 (*Pinus thunbergii*) 2 세대 채종원에서 개화량과 유구과 생산량 변이 및 구과와 종자의 유전적 특성 분석. Doctoral dissertation, 서울대학교대학원.
- 안지영, 홍용표, 김영미, 이제완. 2012. ISSR 과 nSSR 표지 분석에 의한 잣나무 자연집단의 유전변이. 산림과학 공동학술발표논문집. 2012,

1059-1061.

오창영, 한상억, 김장수, 강규석, 이병실. 2008. 잣나무 클론 채종원에서  
간벌 강도에 따른 개량효과와 유전다양성. 한국육종학회지. 40(3),  
263-268.

한상억, 강규석, 전병환, 김장수. 2007a. 해송 수형목 품매차대의 수고, 직  
경, 재적생장에 대한 유전력 및 개량효과. 한국육종학회지. 39(1),  
15-19.

한상억, 오창영, 강규석, 김장수. 2009. 용재수종의 유전검정 시험. 국립산  
림과학원. 서울.

한상억, 오창영, 김장수, 이재선. 2008. 전나무 수형목 품매차대의 생장특  
성에 대한 유전력 및 개량효과. Journal of forest and  
environmental science. 24(1), 41-46.

한상억, 오창영, 김장수, 전두식, 김경환, 이귀용. 2007b. 잣나무 수형목 차  
대검정에 의한 개량효과. 한국임학회 학술발표논문집. 2007, 152-  
153.

한상억, 이재선. 1996. Age-age correlation for height growth of open-  
pollinated progenies of *Pinus koraiensis* in relation to their  
cone and seed characteristics. 한국육종학회지. 28, 63-68.

한상억, 최완용, 장경환, 김태수, 송정호. 2001. 해송 채종원에서 개화특성

- 의 클론 변이. 한국산림과학회지. 90(6), 717-724.
- 한상억, 최완용, 탁우식. 1997. 잣나무 클론의 개화특성변이. 한국육종학회지. 29, 139-144.
- Asset, G., Staels, B., Wolff, R.L., Baugé, E., Madj, Z., Fruchart, J.C. and Dallongeville, J. 1999. Effects of *Pinus pinaster* and *Pinus koraiensis* seed oil supplementation on lipoprotein metabolism in the rat. *Lipids*. 34(1), 39-44.
- Bilir, N. and Kang, K.S. 2020. Fertility variation, seed collection and gene diversity in natural stands of *Taurus cedar* (*Cedrus libani*). *European Journal of Forest Research*, 1-10.
- Bramlett, D.H. and O'Gwynn, G.H. 1980. Recognizing developmental stages in southern pine flowers: the key to controlled pollination. General Technical Report, Southeastern Forest Experiment Station, USDA Forest Service. SE(18), 14.
- Bramlett, D.L., Belcher Jr, E.W., DeBarr, G.L., Hertel, G.D., Karrfalt, R.P., Lantz, C.W., Miller, T., Ware, K.D. and Yates III, H.O. 1977. Cone analysis of southern pines: a guidebook (Vol. 13). Department of Agriculture, Forest Service, Southeastern Forest Experiment Station. 3-28.

- Bramlett, D.L. and Bridgwater, F.E. 1989. Pollen development classification system for loblolly pine. Paper presented at the 20th Southern forest tree improvement conference. Louisiana State University, Division of Continuing Education. (20), 116.
- Burczyk, J. and Chalupka, W. 1997. Flowering and cone production variability and its effect on parental balance in a Scots pine clonal seed orchard. *Annals of Forest Science*. 54(2), 129–144.
- Chong, H.P. and Chon, S.K. 1979. Cone drop rate of mature tree in Korean white pine (*Pinus koraiensis*). Paper presented at the 20th Conference of Korean Forest Society, Seoul, Korea, 51–52.
- Funda, T. 2012. Population genetics of conifer seed orchards. Ph, D, dissertation. University of British Columbia, Canada. 165.
- Griffin, A.R. 1983. Clonal variation in radiata pine seed orchards. I: Some flowering, cone and seed production traits. *Australian forest research*. 12(4), 295–302.
- Han, S.S. and Kim, Y.M. 1988. Characteristics of Photosynthesis and Respiration Rates in Strobili of *Pinus koraiensis* S. et Z. *Journal*

- of Korean Society of Forest Science. 77(1), 92–99.
- Hauke–Kowalska, M., Borowiak, E., Barzdajn, W., Kowalkowski, W., Korzeniewicz, R. and Wawro, T. 2019. Cone and seeds variability in seed orchards and seed stands of *Pinus sylvestris* L. Baltic Forestry. 25(2), 187–192.
- Hutchins, H.E., Hutchins, S.A. and Liu, B. 1996. The role of birds and mammals in Korean pine (*Pinus koraiensis*) regeneration dynamics. Oecologia. 107(1), 120–130.
- Kang, K.S. 2001. Genetic gain and gene diversity of seed orchard crops. Ph.D dissertation. Swedish University of Agricultural Sciences, Sweden.
- Kang, K.S., Cheon, B.H., Han, S.U., Kim, C.S. and Choi, W.Y. 2007. Genetic gain and diversity under different selection methods in a breeding seed orchard of *Quercus serrata*. Silvae Genetica. 56(1–6), 277–281.
- Kang, K.S., El–Kassaby, Y.A., Choi, W.Y., Han, S.U. and Kim, C.S. 2003. Genetic gain and diversity caused by genetic thinning in a clonal seed orchard of *Pinus densiflora*. 52(5–6), 220–223.
- Kang, K.S., Lindgren, D. 1998. Fertility variation and its effect on the

- relatedness of seeds in *Pinus densiflora*, *Pinus thunbergii* and *Pinus koraiensis* clonal seed orchards. *Silvae Genetica*. 47(4), 196–201.
- Kang, K.S. and Lindgren, D. 1999. Fertility variation among clones of Korean pine (*Pinus koraiensis* S. et Z.) and its implications on seed orchard management. *Forest Genetics*. 6(3), 191–200.
- Kim, D.E. and Chon, S.K. 1990. Trends in genetic parameters with age and site for early implications of genetic improvement in Korean white pine. *Journal of Korean Society of Forest Science*. 79(1), 56–70.
- Kim, I.S. and Hur, S.D. 2013. Cone and seed characteristics among different cone abundance classes in a seed orchard of *Pinus koraiensis*. *Korean Journal of Plant Resources*. 26(1), 1–8.
- Kong, W.S., Lee, S.G., Park, H.N., Lee, Y.M. and Oh, S.H. 2014. Time–spatial distribution of *Pinus* in the Korean Peninsular. *Quatern. Int*, 1–10.
- Lanner, R.M. 1990. Biology, taxonomy, evolution, and geography of stone pines of the world. Paper presented at the Symposium on Whitebark Pine Ecosystems: Ecology and Management of a

High-Mountain Resource. USDA Forest Service Intermountain Research Station. General Technical Report INT-270 Ogden, 14-24.

Lee, K.J., Lee, J.S., Lee, J.J. and Lee, S.K. 1984. Estimation of seed production efficiency in seed orchards by measurement of pollen dispersal, cone survival, and cone analysis. Research Report of the Institute of Forest Genetics. 20, 116-125.

Li, B., McKeand, S. and Weir, R. 1999. Tree improvement and sustainable forestry-impact of two cycles of loblolly pine breeding in the USA. Forest Genetics. 6(4), 229-234.

Owens, J.N., Kittirat, T. and Mahalovich, M.F. 2008. Whitebark pine (*Pinus albicaulis* Engelm.) seed production in natural stands. Forest Ecology and Management. 255(3-4), 803-809.

Park, M.H., Lee, S.B. and Kim, W.W. 1987. Flowering in a clone bank of 156 clones of *Pinus koraiensis* S. et Z. Research Report of the Institute of Forest Genetics. 23, 78-83.

Prescher, F., Lindgren, D., Almqvist, C., Kroon, J., Lestander, T.A. and Mullin, T.J. 2007. Female fertility variation in mature *Pinus sylvestris* clonal seed orchards. Scandinavian Journal of Forest

Research. 22(4), 280–289.

Prescher, F., Lindgren, D. and Varghese, M. 2004. Genetic thinning of clonal seed orchards using linear deployment. Paper presented at the IUFRO Forest Genetics Meeting Proceedings, 232–240.

Qi, Y., Bilan, M.V. and Chin, K.L. 1993. New method for breaking Korean pine seed dormancy. *Journal of Arboriculture*. 19(2), 113–117.

Weng, Y., Liu, K., Chen, Y., Li, Y., Wang, J. and Meng, Q. 2020. Variation in cone and seed traits in a clonal seed orchard of red pine (*Pinus koraiensis* Sieb. et Zucc.). *Scandinavian Journal of Forest Research*. 35(1–2), 1–9.

Westwood, M.N. 1988. *Temperate-zone pomology* (Ed. 2). Portland, Oregon. Timber press.

## Abstract

# Development of Superior Seed Production Model through the Analysis of Cone and Seed Characteristics in a 1.5 Generation Seed Orchard of *Pinus koraiensis*

Ye–ji Kim

Major in Forest Environmental Science

Department of Agriculture, Forestry and Bioresources

The Graduate School

Seoul National University

The purposes of this study were to estimate genetic characteristics of strobilus, conelet and cone production and to develop and continuously utilize linear cone collection model in a clonal seed orchard of Korean pine (*Pinus koraiensis* S. et Z.). The production of strobili, conelets and cones per clone was investigated for three consecutive years (2018~2020) to analyze the genetic variation of cone and seed characteristics. The effective population size was estimated for the production of strobilus, conelet and cone production and also parental balance curve was drawn to estimate fertility

variation among clones. The status of cone and seed production was figured out through cone analysis. Then, the linear cone collection model was proposed to collect cones from selected ramets and/or clones (families) showing excellent growth and filled seed production based on filled seed production and clonal GCA. As a result of one-way variance analysis of the production of female strobili, male strobili, conelets and cones (2018~2020), significant differences among clones were found in all characteristics except for the conelet production in 2019. In particular, clones with poor strobilus production tended to be continuously poor. Broad-sense heritability estimated from variance components was lower in the number of female strobilus compared to the number of male strobilus, indicating that there was larger variation among the individuals than the clones. The year by year correlation of strobilus, conelet and cone production showed positive in all years. In addition, the correlation between the production of female strobilus and male strobilus was found to be insignificant each year. The production of strobilus production among clones was the most unbalanced when the seed production was poor in 2018, Male strobilus production was more screwed than female,

implying that only a few clones was contributing to the male strobilus production. The effective population sizes for cone production were 8.9 and 24.3 in 2019 and 2020, respectively. This result reveals the decrease of genetic diversity in seeds from the seed orchard. One-way variance analysis of cone and seed characteristics showed that the morphological characteristics of the cone and seed differed significantly among clones. Cone analysis showed the highly significant difference of morphological seed traits among clones and also average ratio of damaged seeds and aborted seeds in the first year. It was expected that if cones were collected with the linear cone collection model presented in this study, genetic gain would increase according to the selection rate and the genetic quality of seeds and the production of superior seeds could also be improved.

**Keywords:** *Pinus koraiensis*, 1.5 generation seed orchard, reproductive variation, genetic diversity, cone analysis, linear cone collection

**Student Number:** 2019–23128