creative commons
COMMONS DEED

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

dCollection

농학석사 학위논문

곰솔(*Pinus thunbergii*) 2세대 채종원에서 개화량과 유구과 생산량 변이 및 구과와 종자의 유전적 특성 분석

Variation of Strobilus and Conelet Production and Analysis of Cone and Seed Characteristics in the Second Generation Seed Orchard of Japanese Black Pine (*Pinus thunbergii* Parl.)

2017년 2월

서울대학교 대학원

산림과학부 산림환경학 전공

박 지 민

곰솔(*Pinus thunbergii*) 2세대 채종원에서 개화량과 유구과 생산량 변이 및 구과와 종자의 유전적 특성 분석

Variation of Strobilus and Conelet Production and Analysis of Cone and Seed Characteristics in the Second Generation Seed Orchard of Japanese Black Pine (*Pinus thunbergii* Parl.)

지도 교수 강 규 석

이 논문을 농학석사 학위논문으로 제출함
2017년 1월

서울대학교 대학원
산림과학부 산림환경학 전공
박 지 민

박지민의 농학석사 학위논문을 인준함
2017년 1월

위 원 장 _____ (인)

부위원장 _____ (인)

위 원 _____ (인)

초 록

채종원은 전국에 분포하는 우수한 형질의 개체(수형목)를 선발하고 이로부터 유성 또는 무성으로 증식된 개체로 조성된 종자공급원이며, 유전적으로 개량된 우량한 종자를 안정적으로 대량 생산하여 공급하는데 그 목적이 있다.

곰솔(*Pinus thunbergii*)은 우리나라 해안에 자생하는 대표적인 이엽송이며, 개량종자 생산 및 공급을 위하여 충청남도 태안군 안면읍에 1세대 채종원 22 ha가 1979년에 조성되었다. 보다 높은 개량효과의 획득을 위해 1세대 채종원에서 차대검정 결과를 바탕으로 진전세대인 2세대 채종원이 2006년에 조성되었다.

본 연구에서는 곰솔 2세대 채종원에서 교배조합별 개화량과 유구과 생산량 변이 및 구과와 종자의 특성을 분석하였다. 즉, 교배조합별 암·수꽃 개화량, 유구과 생산량을 조사하여 채종원산 종자의 유전다양성(유효집단크기) 및 각 형질별 유전모수(분산성분, 유전력, 상관 등)를 추정하였다. 이러한 자료는 유전적으로 개량된 우량 종자의 안정적 생산과 공급을 위한 효율적인 채종원 관리 및 향후 진전세대 채종원 조성을 위한 기초자료로 제공될 수 있을 것이다.

개화량 및 유구과 생산량은 2015년부터 2016년까지 2년 간 조사되었다. 개화량의 평균차에 의한 Tukey HSD 다중범위 분석 결과, 암꽃 개화량에 비해 수꽃 개화량의 조합 간 평균 차이가 높게 나타났다. 유구과 생산량의 평균차에 의한 Tukey HSD 다중범위 분석 결과,

2015년에는 9개 그룹, 2016년에는 7개 그룹으로 나누어졌다. 특히, 2016년의 유구과 생산량의 평균은 17개 교배조합이 모두 한 그룹에 포함되어 조합 간 차이가 크지 않았다.

채종원내 유효집단크기는 2015년의 수꽃을 제외한 조사항목 모두 20 이상으로 추정 되었다. 수꽃과 유구과의 유전력은 각각 2015년에 0.236, 0.228 그리고 2016년에 0.140, 0.170으로 추정되었다. 암꽃의 유전력은 2016년(0.194)이 2015년(0.068)보다 높았다.

재적생장, 개화량 그리고 유구과 생산량 간 단순상관 및 순위상관을 분석한 결과, 개화량과 유구과 생산량 간에는 유의한 정의 상관을 보였다($p<0.05$). 하지만 재적생장과 개화량, 재적생장과 유구과 생산량 간에는 대부분 유의 상관을 보이지 않았다. 따라서 곰솔 2세대 채종원의 경우, 추후 개체 선발 시 재적생장과 개화량 그리고 유구과 생산량은 독립적인 형질로 판단해야 할 것으로 사료되며, 지속적인 모니터링을 통하여 육종목적에 맞는 적절한 선발이 필요할 것으로 판단된다.

구과의 형태적 특성을 조사한 결과(2014~1016)), 구과의 길이, 폭 및 무게 간에 유의한 정의 상관을 보였다($p<0.05$). Tukey HSD 다중범위 분석 결과, 교배조합 간 형태적 특성의 평균 차이가 존재했으며, 교배조합 간 구과의 길이와 폭, 무게의 차이는 2014년부터 2016년까지 매년 비슷한 경향을 보였다.

구과분석에 의한 종자 생산성 및 품질 분석 결과, 조사년도 간 충실종자와 고사배주는 증가하며, 비립종자는 감소하는 것으로 나타났다. 이에 따라 종자생산능력, 충실종자율 및 종자효율은 높아지는 것으로 나타났으나 고사배주율은 매년 비슷한 경향을 보였다. 충실

종자율과 종자효율의 경우 2014년에 하위 10% 그룹에 포함되었던 교배조합이 2016년에는 상위 10% 그룹에 포함되는 것으로 확인되었다. 하지만 명확한 반복성을 확인하기 위해서는 추가 조사가 필요할 것으로 판단된다. 곰솔 2세대 채종원의 경우, 미국 농무성의 구과분석 지침서 기준으로 비교적 고사배주율이 높고, 충실종자율이 낮은 것으로 확인되었다. 그 원인은 구과 해충의 피해 가능성 보다는 근친 교배에 따른 근교 약세의 현상으로 판단되며, 추후 곰솔 2세대 채종원내 화분수에 대한 추가 연구가 필요할 것으로 사료된다.

교배조합별 종자특성에 대한 분산성분 산출 결과, 모든 종자특성의 유전력은 0.3에서 0.8 범위로 추정되어 환경인자 보다는 유전적 영향을 더 강하게 받는 것으로 나타났다.

주 요 어 : 곰솔, 2세대 채종원, 개화량 변이, 구과분석, 유효집단크기, 유전다양성

학 번 : 2014-20036

목 차

제1장 서 론 1

1. 연구 배경 1

2. 연구 목적 6

제2장 연 구 사 8

1. 곰솔의 유전 및 생태 8

2. 임목 집단의 개화특성 연구 11

3. 임목 집단의 구과분석 연구 14

제3장 재료 및 방법 17

1. 연구 대상지 17

2. 개화량 및 유구과 생산량 조사 18

3. Parental balance curve 19

4. 유효집단크기 및 유전다양성 추정 19

5. 구과 분석 21

6. 통계 분석 23

4장 연구 결과 26

1. 개화량 및 유구과 생산량 변이 분석 26

1.1 교배조합 간 개화량 및 유구과 생산량 26

1.2 유전력 추정 37

1.3 Parental balance curve 39

1.4 유효집단크기 및 유전다양성 추정 41

1.5 재적생장 지수와 개화량 및 유구과 생산량 간 상관 42
2. 구과 및 종자특성 분석 44
2.1 구과의 형태학적 특성 44
2.2 구과분석 및 종자특성 57
2.3 유전력 추정 76
2.4 구과의 형태적 특성과 종자특성 간 상관 79
제5장 고 찰 82
1. 개화량 및 유구과 생산량 변이 82
2. 구과분석 및 종자특성 86
제6장 결 론 91
참고 문헌 93
부 록 104
1. 구과분석 항목 104
2. 곰솔 2세대 채종원 년도별 구과분석 결과 106
3. 미국 농무성 구과분석 지침 기준 109
ABSTRACT 110

List of Table

Table 1. Estimation of broad sense heritability (h^2) using variance components. · 23

Table 2. Specific combining ability (SCA) for volume growth of the combination of *Pinus thunbergii* grafted in the second generation seed orchard. …… 25

Table 3. Mean, range, *CV* (coefficient of variation) and *F* value for the production of female and male strobilli and conelet during the period of 2015 and 2016 in the second generation seed orchard of *Pinus thunbergii*. …… 27

Table 4. Multiple comparison for female (A), male (B) strobilus and conelet (C) production in 2015 by post-hoc Tukey HSD test ($p<0.05$). …… 29

Table 5. Multiple comparison for female (A), male (B) strobilus and conelet (C) production in 2016 by post-hoc Tukey HSD test ($p<0.05$). …… 34

Table 6. Variance component and broad-sense heritability (h^2) for the production of female, male strobilli and conelet in the second generation seed orchard of *Pinus thunbergii*. …… 38

Table 7. Effective population size (N_s), relative effective size (N_r) and gene diversity (*GD*) for female, male strobili and conelet production in the second generation seed orchard of *Pinus thunbergii*. …… 41

Table 8. Person's (below the diagonal) and Spearman's (above the diagonal) correlation coefficients. Between specific combining ability (SCA) and female, male strobili and conelet production. (* : $p<0.05$, ** : $p<0.01$). 42

Table 9. Length, width and weight of conelets in the second generation seed orchard of *Pinus thunbergii* during the period of 2014~2016. ····· 44

Table 10. Multiple comparison for length (A), width (B) and weight (C) in 2014 by post-hoc Tukey HSD test ($p<0.05$). ····· 46

Table 11. Multiple comparison for length (A), width (B) and weight (C) in 2015 by post-hoc Tukey HSD test ($p<0.05$). ····· 50

Table 12. Multiple comparison for length (A), width (B) and weight (C) in 2016 by post-hoc Tukey HSD test ($p<0.05$). ····· 54

Table 13. Cone analysis at the second generation seed orchard of *Pinus thunbergii* between 2014 and 2016. ····· 57

Table 14. Multiple comparison for seed characteristics from cone analysis in 2014 by post-hoc Tukey HSD test ($p<0.05$).····· 59

Table 15. Multiple comparison for seed characteristics from cone analysis in 2015 by post-hoc Tukey HSD test ($p<0.05$).····· 65

Table 16. Multiple comparison for seed characteristics from cone analysis in 2016 by post-hoc Tukey HSD test ($p<0.05$).····· 71

Table 17. *F*-value, variance components and broad-sense heritability (h^2) based on the analysis of cone and seed for the studied years (2014～2016) ····· 78

Table 18. Pearson's correlation coefficient (below the diagonal) and Spearman's correlation coefficient (above the diagonal) between cone and seed characteristics for the studied years (2014～2016). ····· 80

List of Figure

Figure 1. Flow chart for a generation of the seed orchards (Kang, 2009). Values for genetic gain are from Li et al. (1999).····· 2

Figure 2. The distribution of *Pinus thunbergii* (Critchfield and Little, 1966).····· 9

Figure 3. Location of the second generation seed orchard of *Pinus thunbergii* in Anmyeon-eup, Taean-gun, Chung-nam province, Republic of Korea. ·· 17

Figure 4. Morphological characteristics of mature cone collected from the second generation seed orchard of *Pinus thunbergii*. ····· 21

Figure 5. Method of cone analysis.····· 22

Figure 6. Parental balance curve; accumulated contribution of female (A), male (B) strobili and conelet (C) production for proportion of parents during the period of 2015 and 2016. Straight line represents equal contribution among combinations.····· 40

제1장 서 론

1. 연구 배경

임목육종은 17세기를 전후로 서유럽, 일본 등에서 우량 종자에 대한 중요성이 인식되면서 시작되었으며, 19세기부터 선발육종 방법을 이용한 개량종자 생산에 대한 연구가 활발해졌다. 임목육종 방법은 일반 농작물과 같은 유전법칙을 따르지만 임목만이 가지는 특수성이 있다. 이는 임목이 농작물이나 가축과는 달리 생장기간이 길어 수확까지 장시간이 필요하다는 것과 부피가 커서 다루기가 어렵고 생육환경의 국소적 변화가 심하다는 것이다. 뿐만 아니라 임목집단은 유전적으로 잡종성(heterozygosity)이 매우 높고 근교약세(inbreeding depression)가 일어나기 쉽다. 따라서 임목 개량을 위해서는 교배를 통하여 차대를 거쳐 우량 유전자를 반복 선발해야 하며, 품종개량을 위하여 유전다양성을 확보하고 우량한 종자를 보급하는 육종집단을 지속적으로 유지하고 관리해야 할 필요가 있다.

채종원은 수형과 형질이 우량하여 선발된 수형목으로부터 유성 또는 무성으로 증식된 개체들로 조성되며(종묘사업 실시요령, 1995; 산림청 예규 제427호), 유전적으로 우수하며 유전다양성이 높은 개량된 종자를 대량으로 생산하여 안정적으로 공급하는 것이 궁극적인 목적이다 (김영미 등, 2012; 오창영 등, 2007). 채종원은 임목육종의 성과를 조림 및 임업경영 현장에 실제로 전달해 주는 중요한 수단이며, 채종원산

종자는 채종원 집단의 유전적 변이를 다음 세대로 전달해 주는 중요한 기능을 한다. 채종원을 조성하는 방법에는 수종의 특성, 경제성, 식재 가능면적, 육종기대효과 등을 종합적으로 고려하여 조성된다. 일반적으로 자연집단이나 개발되지 않은 조림지에서 수형목을 선발하여 차대 검정림과 1세대 채종원을 조성한다(Figure 1).

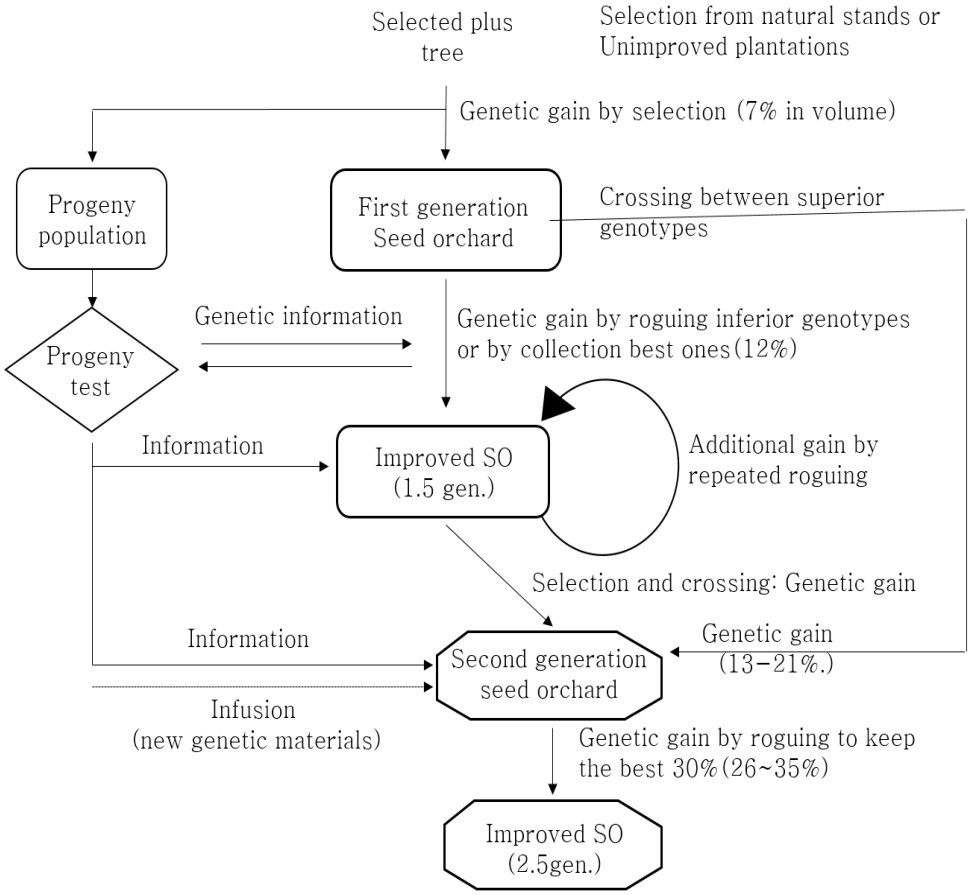

Figure 1. Flow chart for a generation of the seed orchards (Kang, 2009). Values for genetic gain are from Li et al. (1999).

1세대 채종원에서는 차대검정 결과와 종자생산량 등을 기준으로 유전간벌(roguing)을 실시하는데 유전간벌 된 채종원을 1.5세대 채종원이라 한다. 또한 차대검정에 의하여 형질이 우수하다고 판단된 수형목 간 인공교배를 통하여 생산된 차대를 이용하여 2세대 채종원을 조성한다. 선발에 의한 개량효과는 대상 형질의 유전력과 선발강도에 따라 결정되는데 채종원의 경우 매 세대당 약 15%로 예측하며, 유전간벌 등을 통한 채종원에서의 누적 개량효과는 약 25%로 예측된다(Li et al, 1999). 채종원 조성을 통한 선발육종 방법의 장점은 개량효과가 비교적 크며 2세대 수형목의 양친에 대한 정보가 있기 때문에 진전세대 선발 시 자식약세 현상을 피할 수 있다. 또한 인공교배를 실시하기 때문에 특수조합능력(SCA)이 좋은 조합의 선발이 가능하여 높은 개량효과를 기대할 수 있다. 반면 작업이 복잡하고 전체 육종기간이 오래 걸리며, 경제적인 부담이 크다는 단점도 있다(노의래 등, 2010).

채종원산 종자의 개량효과 극대화 및 안정적인 유전다양성 유지를 위해서는 1) 채종원 외부로부터 화분이 유입(화분오염) 되지 않아야 하고, 2) 채종원을 구성하고 있는 각 채종목이 균등하게 암·수꽃을 생산하고, 3) 채종목 간에 개화시기가 일치해야 하며, 4) 채종목 간 완전임의 교배가 이루어지고, 5) 근친교배(자가수정)가 무시될 정도로 낮게 일어나는 것이 전제 되어야 한다(El-Kassaby and Cook, 1994; Erickson and Adams, 1989; Funda, 2012; Kang, 2000; Matziris, 1993). 하지만 위와 같은 조건에 부합하는 채종원은 현실적으로 존재하기 어렵기 때문에, 채종원산 종자의 개량효과와 유전다양성은 이상적인 조건보다 감소하게 된다. 결국 채종원산 종자의 유전적 품질에

중요하게 영향을 미치는 인자는 채종목 간 유전적 유연관계, 암꽃과 수꽃의 생산량 변이, 종자 생산에 기여하는 암꽃의 화분 수용시기와 화분의 비산 시기, 수관의 크기와 공간 구조의 차이 등으로 볼 수 있다(El-Kassaby and Cook, 1994; Funda et al., 2009; Pakkanen et al., 2000).

유효집단크기(effective population size)에 대한 개념은 Wright (1931)에 의하여 처음 제안되었다. 유효집단의 크기는 집단 내 개체들이 동일한 수의 차대를 가질 것으로 기대되는 이상적인 집단(idealized population)에서의 크기를 의미한다(Wang et al., 2016). 일반적으로 채종원을 구성하는 개체목들은 다음 세대에 균일하게 기여하지 못하기 때문에 집단의 세대 간 변화를 알고자 할 때, 집단 내 실제 개체수(census number)를 이상적인 집단에서의 개체수와 상응하는 숫자(유효집단크기)로 계산해야 할 필요가 있으며, 유효집단크기는 장기 임목육종에 유용하게 이용되고 있다.

어느 집단에서든지 선발 후에는 유전자 빈도의 분산(variance)에 변화가 나타나며, 실제 집단에서 일어나는 분산의 변화와 동일한 양의 분산 변화가 일어나는 이상적인 집단의 크기, 즉 유효집단크기를 계산할 수 있다. 안정적인 유전변이 유지를 위한 유효집단의 크기에 대해서는 여러 가지 주장이 있지만 일반적으로 20~30정도로 추정된다. 그러나 실제로 유효집단 크기를 30 이상으로 유지하기 위해서는 초기 선발목의 수가 50~100 이상 이어야 가능하며, 200 이상이 되어야 한다는 주장도 있다(Lindgren and Mullin, 1998).

유전자 빈도는 세대 간 표본추출 변이(sampling variation)에 직접적으로 영향을 미치므로, 집단의 크기가 작을수록 표본추출 변이는 더욱 커지게 된다. 접합자(zygote)수준에 있어서도 개체 간 그리고 종자, 묘목, 성목 단계로 나아가면서 살아 남는 정도에 차이가 있어 결국 세대 간 유전자 빈도에 변화가 나타나게 된다. 또한 채종목들 간의 생식력 차이(fertility variation)는 다음 세대에 대한 배우자(gamete) 기여도를 균일하지 못하게 하므로 유전자 빈도의 변화를 가져온다.

채종원 집단의 밀도와 수령 그리고 개화특성은 다음 세대로 유전자를 전달하기 위한 교배 기회와 종자 생성에 있어 중요한 역할을 한다. 집단 내 개체 밀도가 증가하면 대기 중에 방출된 화분의 모수가 다양해지고 종자생산에 기여하는 화분수가 증가한다. 따라서 타가교배율 (out-crossing rate)이 높아지기 때문에 종자의 유전적 다양성에 영향을 미친다(Mitton, 1992). 또한 채종목이 어릴 경우에는 화분의 생산이 부족하여 채종원 외부로부터 유입되는 화분의 양이 많아지기 때문에 화분오염에 의하여 자가교배 보다는 타가교배의 가능성이 높아진다 (Burczyk et al., 1996; O'Connell et al., 2001).

개화특성은 교배와 종자생산에 직접적인 영향을 미친다. 수꽃은 암꽃이 화분을 수용하는 시기에 개화한 개체와 교배할 수 있으며, 암꽃과 수꽃의 개화량 변이는 교배 및 종자생산에 기여하는 유효집단 크기의 차이를 발생시킨다. 대기 중에 방출된 화분의 밀도는 기여 화분수에 영향을 미치고 개체간 교배율에 변이를 발생시켜 임목 집단 내 유전자형의 변이를 초래한다(Burczyk, 1996; Burczyk et al., 1996; Erickson and Adams, 1989). 따라서 여러 지역에서 선발된 수형목들이

동일한 장소에 조성된 채종원에서는 채종목 간 개화시기와 개화량에 대한 정보가 매우 중요하다.

채종목 간의 균일한 배우자 생산 및 임의교배는 종자의 유전적 품질을 향상시키며, 채종원산 종자의 유전적 다양성을 유지시킨다. 반면 근친교배(related mating)는 열성 동형접합 비율을 증가시켜 근교약세를 유발하여 종자의 충실율과 발아율의 감소를 초래하며, 결국 채종원산 종자의 생산성과 품질을 감소시킨다. 채종원과 같이 개량종자 생산을 목적으로 하는 육종집단의 경우, 유전자 수준(genetic level)의 다양성이 중요하다. 따라서 채종목들 간에 개화량 및 구과와 종자 생산량의 변이에 대한 정보와 채종원에서 생산된 종자에 대한 유전다양성 추정은 매우 중요하다.

개화량 및 종자생산량 변이 분석에 관한 선행 연구로는 클론보존원 또는 1세대 채종원의 채종목에 대한 연구가 대부분 이었으며(강규석 등, 2002; 강규석 등, 2003; 김인식 등, 2008; 한상억 등, 2000), 우리나라 최초의 2세대 채종원인 곰솔 채종원에서 교배조합별 암·수꽃 개화량 변이, 구과 및 종자의 유전적 특성 등과 관련한 유전모수(genetic parameter) 추정에 대한 연구는 시도된 바 없다.

2. 연구 목적

본 연구의 목적은 우리나라 최초의 진전세대 채종원인 곰솔 2세대 채종원에서 1) 교배조합 간(클론 간) 년도별 암·수꽃 개화량 및 유구과 생산량 변이를 조사하여 이를 바탕으로 채종원산 종자의

유효집단크기(effective population size)를 추정하고, 2) 재적생장지수, 개화량과 유구과 생산량 간 상관관계 및 구과와 종자 특성 간의 상관관계를 분석하며, 3) 구과분석(cone analysis)을 실시하여 채종원 관리상황을 추정함과 아울러, 4) 구과 및 종자 형질에 대한 교배조합의 분산성분을 계산하여 광의의 유전력(broad-sense heritability)을 추정하는 것이다. 이를 통하여 채종원산 종자의 유전적 품질을 파악할 수 있으며, 효율적인 채종원 관리 기법을 도출함과 아울러 향후 진전세대 채종원 조성을 위한 기초자료를 제공할 수 있을 것이다.

제2장 연 구 사

1. 곰솔의 유전 및 생태

곰솔(*Pinus thunbergii* Parl.)은 해송(海松), 흑송(黑松), 검솔, 숫솔, 완솔이라고도 불리며, 줄기와 가지가 검은 빛을 띠는 소나무속(genus *Pinus*)의 수종이다. 암수 한그루이며, 4월부터 5월 사이에 개화한다. 늦봄에 수분이 되면 암꽃이 연한 붉은색에서 자주색으로 변하고 그 해 유구과가 된다. 유구과는 다음해 9월에 녹갈색으로 성숙한다(Bonner and Karrfalt, 2008).

곰솔은 한반도 중부 이남과 일본 그리고 중국의 도서 및 해안 지방에 우점하고 있으며, 우리나라에서는 제주도를 비롯하여 동해안에서는 북위 36° 30′ , 서해안에서는 북위 37° 15′ 까지 분포하고 있다(박준형 등, 2013; Lee et al., 2012)(Figure 2).

곰솔의 분포권역을 살펴보면 알 수 있듯이 주로 해안식생에 우점하며, 해풍에 대한 저항력이 높고 내염성이 뛰어나다(Toda and Terada, 2001). 또한 소나무에 비해 높은 산성우 내성과 높은 중금속 저항성이 확인된 바 있어(Kim, 1991; Kim, 1992) 소나무보다 척박한 환경에서 생육하며 높은 생존력과 적응성을 갖는 것으로 판단된다.

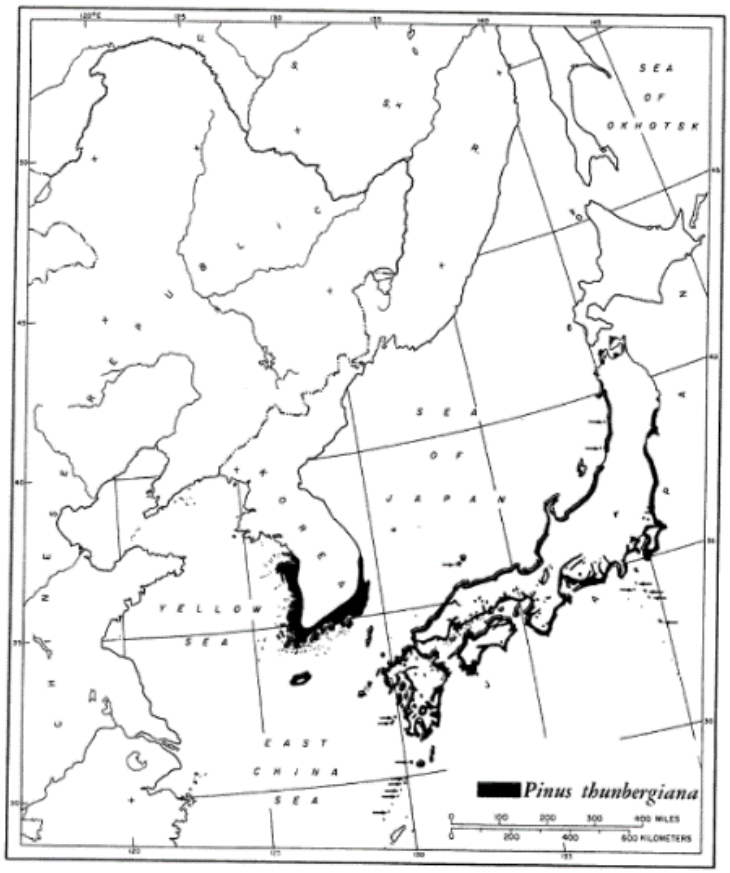

Figure 2. The distribution of *Pinus thunbergii* (Critchfield and Little, 1966).

우리나라는 2002년 국제식물신품종보호동맹(UPOV)에 가입하였고, 2009년부터 품종보호 대상 식물이 전종으로 확대되면서 자생수종 및 품종에 대한 관심이 높아졌다. 특히 침엽수 중에서도 곰솔의 출원 신청이 가장 많이 되었으며, 이미 Royal Horticultural Society에 등록되었거나 시험명으로 등록 중인 곰솔의 변종과 품종이 약 40 여개에 이르는 것으로 보고되었다(황용 등, 2013). 따라서 국내에서는 수입 곰솔을 대체하고 국내산 곰솔의 비중을 높이기 위한 연구가 활발하다.

이에 따라, 국립산림과학원 남부산림연구소에서는 남해안에 위치한 한 섬에서 발견된 곰솔 변종의 접목에 성공하여 대량증식을 시도한 사례가 있으며, 일부 농원에서도 접목이나 삽목을 통한 곰솔 품종에 대한 선발을 지속적으로 시도하고 있다(황용 등, 2013). 또한, 곰솔은 2016년 산림용 종묘생산 중암심의회에서 발표한 향후 3년간 조림계획 침엽수 중 5위에 해당하는 수종으로써 연구의 가치가 높다.

기존에 곰솔을 이용한 유전학적 연구로는 일본에서 자연임분에 생육하는 곰솔을 대상으로 동위효소(isozyme) 및 SNP (single nucleotide polymorphism) 표지를 이용한 유전변이 연구(Shiraishi and Susumu, 2011; Suharyanto et al., 2012)가 보고 된 바 있다. 일본의 오키나와 해안지역에 한정되어 자생하면서 곰솔과 유사하지만 상대적으로 왜성을 나타내는 *Pinus lichuensis*와 소나무 그리고 곰솔에 대하여 SNP 표지를 이용한 종 식별 연구가 보고된 바 있는데 *Pinus lichuensis*는 곰솔과 서로 다른 종이지만, 소나무보다 유전적으로 근연관계에 있는 수종으로 밝혀졌다(Suharyanto and Shiraishi, 2011).

국내에서는 형태적인 특성과 외부형질을 측정하는 연구가 주로 이루어졌으며 수지구나 기공의 수와 위치, 구과 및 종자의 형태적 특성에 대한 연구(강동훈, 2012; 손두식 등, 1990), 침엽 형태 변이에 대한 연구(Ghimire et al., 2014), 한국산 곰솔 5품종에 대한 외부 형태학적 연구(황용 등, 2013) 등이 보고된 바 있다. 또한 일부 해안지역에서 곰솔과 소나무의 중간적 특성을 나타내는 잡종 소나무에 대한 이입교잡 연구(강동훈, 2012; 손두식 등, 1990)가 수행된 바

있으나, 대부분 조사지와 개체 수에 한계가 있어 실제 육종에서 이를 활용한 사례는 드물다.

효율적인 유전자원의 보존을 위해 곰솔에 대한 클론 보존원이나 1세대 채종원에서 개화량이나 구과 생산량을 이용하여 얻은 자료를 토대로 유효집단크기를 추정하거나(강규석 등. 2002; 김규식, 1989; 유세걸, 2000; 한상억 등, 2001a), 재적생장에 대한 유전력과 개량효과를 추정한 연구(한상억 등, 2007) 등이 있으며, Kim et al. (1997)의 동위효소 표지자를 이용한 유전변이 연구가 있다. 최근에는 nSSR (nucleotide simple sequence repeats, microsatellite DNA) primer를 이용하여 곰솔 1세대 채종원에서 생산된 종자에 기여한 유전자형 변이와 교배양식에 대한 유전모수를 추정한 연구(김영미 등, 2015)가 수행 되었다. 하지만 국내에서 곰솔 2세대 채종원을 대상으로 한 유전다양성 평가에 대한 연구는 보고된 바 없다.

2. 임목 집단의 개화특성 연구

임목 집단(tree population)은 단순히 나무들의 그룹이라는 개념뿐만 아니라 집단을 구성하고 있는 개체목들의 유전적 구성과 세대 간 유전자들의 유전양상 등을 연구하는 유전적 집단을 의미한다. 한 집단에서 유전자 빈도의 변화는 집단의 크기(population size), 개체 간 생식력차이(fertility variation), 교배양식(mating system) 등에 의하여 크게 영향을 받는다.

채종원과 클론보존원에서 침엽수를 대상으로 수행된 개화특성과 관련된 연구를 살펴보면 테다소나무(*Pinus teada*)는 클론의 22%가 전체 개화량(종자생산량)의 58%를 차지하였고(Schmidtling, 1983), 라디아타소나무(*Pinus radiata*)는 전체 클론의 23%가 전체 개화량의 50%를 차지했으며(Griffin, 1982), 니그라소나무(*Pinus nigra*)는 전체 클론의 25%가 총 개화량의 43%를 차지하는 것으로 보고되었다 (Matziris, 1993).

국내에서는 한상억 등(1997)이 잣나무 클론보존원에서 5년간 개화량 변이를 조사한 결과, 암꽃과 수꽃 모두 년도 간에는 고도의 정의 상관을 나타냈으며 전체 클론의 20%가 전체 암꽃 개화량의 50%이상을 차지했고, 수꽃 개화량은 연도별로 다르나 전체 클론의 8~15%가 전체 개화량의 80%를 차지하는 것으로 나타나 종자생산 과정에서 극히 제한된 클론에 의해 지배를 받는 것으로 보고하였다.

소나무 채종원(8~9년생)에서 클론별 암꽃과 수꽃이 차지하는 비율을 조사한 결과, 전체 클론의 약 30%가 암꽃 개화량의 75%를 차지했으며, 수꽃 개화량 역시 소수의 클론에 의해 지배를 받는 것으로 조사되었다(한상억 등, 2001c; Choi et al., 1999). 곰솔 1세대 채종원에서도 암꽃과 수꽃 개화량에 유의적인 차이가 있었으며 전체 클론의 30%가 차지하는 암꽃의 기여도가 수꽃보다 낮게 나타나, 소나무와 마찬가지로 개화량은 소수의 클론에 의하여 지배를 받고 있으나 다른 수종에 비해서는 양호한 것으로 보고되었다(한상억 등, 2001b).

광의의 유전력(broad sense heritability)은 채종목의 개화량, 구과와 종자생산량이 유전적으로 얼마나 영향을 받는지 확인하기 위하여 사용된다. 한상억 등(2001)의 연구에 의하면 1세대 소나무 채종원의 경우, 암꽃 개화량의 유전력은 0.15, 수꽃 개화량의 유전력은 0.36으로 추정되어 암꽃은 유전적인 영향보다는 환경의 영향을 더 많이 받으나, 수꽃의 개화량은 암꽃 개화량 보다 유전적인 영향을 더 많이 받는 것으로 보고하였다. 곰솔 1세대 채종원의 경우도 소나무와 마찬가지로 암꽃 개화량의 유전력이 0.06, 수꽃 개화량의 유전력이 0.25로 암꽃 개화량의 경우 유전적인 영향을 거의 받지 않는 것으로 보고된 바 있다(Kang and Lindgren, 1998).

이렇듯 대부분의 채종원에서는 수종 및 수령 그리고 클론 간에 개화능력의 차이가 나타나기 때문에 종자생산 과정에서 채종원을 구성하고 있는 클론 간의 불균등한 교배 기여율로 인한 심각한 유전적 분화의 문제가 발생하고 있으며, 개량효과에도 많은 영향을 미칠 것으로 추정된다. 따라서 채종원산 종자의 유전다양성 추정을 하기 위해서는 암꽃과 수꽃의 년도 간 개화량 변이, 유효집단크기(effective population size), 유전력(heritability), 년도 간 상관관계, 암꽃과 수꽃 간의 성적 균형도(parental balance) 등에 대한 지속적인 연구와 대책이 필요하다.

채종원의 유전다양성은 채종원을 구성하고 있는 개체들이 차대에 균일하게 기여할 때 최고로 유지될 수 있다. 그러나 거의 모든 채종원에서 이러한 균일한 기여도는 거의 찾아볼 수 없으며, 비균일한 기여도는 다음 세대에 있어 공동조상도(coancestry)의 누적과 유전다양성의 감소를 초래하게 된다. Kang and Lindgren (1998)은 1세대

채종원에서 클론 간 유전적 근연관계(genetic relatedness)가 없는 경우 또는 천연림에서와 같이 개체 간 유전적 근연관계를 알 수 없는 상황에서, 개체 간 기여도(종자 또는 화분 생산량 등) 변이를 이용하여 유효집단크기(effective size of clone)를 추정할 수 있는 기법을 개발하여 보고한 바 있다.

3. 임목 집단의 구과분석 연구

선발육종을 기본으로 한 개량종자의 생산은 19세기 초부터 세계 각국에서 관심을 가지면서 조림용 개량종자의 생산과 공급에 영향을 미쳤다. 이후 국제임업연구기구연합회(IUFRO)에서 세계 각국에 채종원 사업을 제안하였으며, 우리나라는 1959년부터 소나무에 대한 수형목 선발을 시작하였고, 1968년부터 본격적으로 채종원을 조성하였다.

채종원에서 종자생산에 영향을 미치는 중요한 요인은 기상, 토양, 채종목의 개화능력, 자배율(inbreeding), 화분 비산량 및 병충해의 피해 등을 들 수 있다(구영본 등, 1993; Lee et al., 1984). 특히 화분 비산량과 병충해의 피해는 채종원 내 구과의 생존율과 종자생산의 가장 중요한 변수로 여겨진다. 대기 중의 화분 밀도가 높아지면 교배율이 높아져 성숙종자가 많이 생산된다. 병충해는 구과와 종자에 직접적인 상해를 입힌다. 따라서 미국 농무성에서는 채종원내 화분량과 병충해의 피해를 간접적으로 측정할 수 있는 구과분석법을 개발하여 보고하였다 (Bramlett et al., 1977) (부록 1). 구과분석은 구과의 형태적 특성(길이, 폭, 무게 등) 및 종자의 특성(성숙종자, 고사배주 등)을

조사하고 이를 통해 산출된 다양한 종자품질을 분석하여 채종원의 운영 및 관리상태를 파악한다. 이것은 구과 마다 생산되는 실질적인 종자 즉, 각 구과에서 생산될 수 있는 종자의 한계치, 실제로 얻을 수 있는 충실종자수와 잠재적인 종자 생산능력 등을 비교하여 종자의 효율성을 수치화 할 수 있는 장점이 있다. 또한 고사배주를 첫 해 고사배주와 둘째 해 고사 배주로 구분하여 종자발달의 어떤 단계에서 손실이 일어나며 어떤 유형의 손실이 일어났는지 추정할 수 있으며, 이를 정량화하여 채종원의 현황을 분석하고 평가 하는데 활용할 수 있다(Bramlett et al., 1977).

기존에 클론보존원과 채종원에서 수행된 구과분석 연구 결과, 우리나라에서 접목 15년생의 채종원산 구과의 평균 종자생산능력은 소나무 46립, 잣나무 146립, 낙엽송 81립으로 조사되었으나, 구과의 형태적인 크기에 따라서 변이가 큰 것으로 나타났다. 소나무의 경우 첫 해 및 둘째 해 고사배주는 각각 10%와 17%였고, 잣나무의 경우 첫 해 고사배주는 평균 80%, 낙엽송은 16%로 나타났다. 잣나무의 첫 해 고사배주율이 높은 이유는 화분부족으로 추정되었다. 충실종자율은 소나무 72%, 잣나무 73%, 낙엽송이 27%였으며, 낙엽송 클론보존원의 충실종자율은 62%였다. 종자생산효율은 소나무 52%, 잣나무 12%, 낙엽송 23%였으며, 이것은 외국의 결과에 비해 낮은 수치였다. 잣나무와 낙엽송의 낮은 종자생산 효율은 화분부족으로 추정되었으나, 수령이 증가함에 따라 높아질 것으로 보고되었다(Lee et al., 1984).

Lee et al.(1984)은 소나무와 잣나무 그리고 낙엽송에 대한 구과분석 결과 구과와 종자의 발달 과정에서 성숙 종자는 구과 중간부분의

인편에서만 생성되는 경향을 보였으며, 구과의 기부와 첨단부의 비염성 인편에서는 작은 날개만 생성되는 경향을 나타낸다고 보고한 바 있다. 또한 둘째 해 고사배주의 경우 날개는 정상으로 발달하지만 종자의 크기는 성숙종자보다 반 이하로 작았으며, 첫 해 고사배주는 정상적인 날개만 존재하고 종자는 없는 것으로 보고하였다. Bramlett et al.(1974) 또한 고사배주를 첫 해 고사배주와 둘째 해 고사배주로 구분하였으며, 첫 해 고사배주는 유구과 시기에 죽은 배주로 주 원인을 화분부족과 노린재류 등의 구과 해충 피해에 의한 현상으로 진단하였다. 둘째 해 고사배주는 종피가 형성되기 전에 죽은 배주로 종자 가해유충이나 자배에 의한 현상이라고 진단하였다. 이와 같이 구과분석은 채종원의 종자생산능력뿐만 아니라, 구과와 종자의 발달 과정에 따른 여러 가지 형태를 분석함으로써 종자 생산에 관계된 문제점을 분석하는데 많은 정보를 제공한다. 따라서 종자의 특성과 성숙 단계별로 문제점을 파악하고 분석하는 것은 채종원의 취약점을 찾아내고 해결하기 위한 대책으로 반드시 필요한 과정이다.

제3장 재료 및 방법

1. 연구 대상지

본 연구의 조사지는 2006년에 조성된 곰솔 2세대 채종원으로 충청남도 태안군 안면읍 중장리 산 51-1 (북위 36° 27′, 동경 126° 22′)에 위치하고 있다(Figure 3).

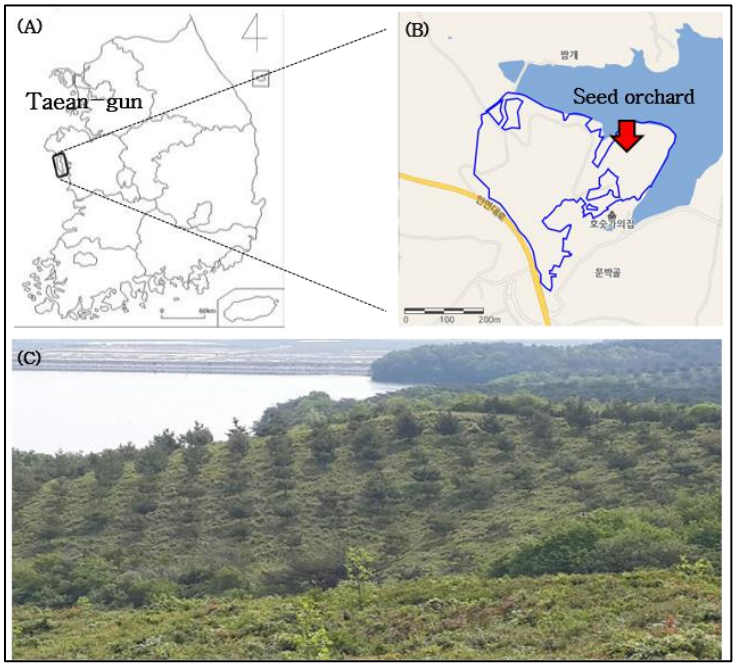

Figure 3. Location of the second generation seed orchard of *Pinus thunbergii* in Anmyeon-eup, Taean-gun, Chung-nam province, Republic of Korea.

입지조건은 해발고 40~50 m, 경사 0~5° 로 완만한 구릉지대를 이루고 있다. 연평균 기온은 13.0 ℃, 강수량은 1,380 mm이며, 최고기온은 7~8월경 29 ℃, 최저기온은 12~2월경 −4.9℃로 해안지대이다(산림청, 2016).

곰솔 1세대 채종원에서 인공교배를 실시하였고, 차대검정을 통하여 재적생장이 우수하다고 판단된 0214×0661 등 총 26개의 우수교배조합을 선발하고, 접목 증식하여 곰솔 2세대 채종원이 조성되었다.

채종원 조성 면적은 1.0 ha이고, 5 m × 5 m 간격으로 총 312본이 식재 되었으나, 조사 당시 현존하고 있는 채종목 본수는 총 308본이었다. 채종원 내 개체목들은 개량효과와 유전다양성을 높이기 위하여 동일 교배조합과 인접하지 않도록 임의배열 되어 있다. 조사 당시 교배조합 당 최소 3본에서 최대 16본의 개체(ramet)가 생존하고 있었으며, 교배조합별 평균 12본이 생립하고 있었다.

2. 개화량 및 유구과 생산량 조사

개화량 및 유구과 생산량 조사는 곰솔 2세대 채종원 조성 9년 후인 2015년부터 2016년까지 2년간 전수(26개 조합, 308본)를 대상으로 실시하였다. Lee et al. (1984)과 한상억 등(1997)의 방법에 따라 유구과와 암꽃 생산량은 새순과 암꽃의 구분이 확실한 5월 초순(Bonner and Karrfalt, 2008)에 그 수를 하나씩 세어서 전수조사하였고, 수꽃 생산량은 화분비산 전에 매 가지의 화서수(catkin)를 세어서 산출하였다.

3. Parental balance curve

암꽃 및 수꽃의 개화량과 유구과 생산량에 대한 각 조합별 기여도 분석을 위하여 parental balance curve를 그렸다. Parental balance curve는 총 개화량 및 유구과 생산량에 대한 각 교배조합별 비율(기여도)을 바탕으로 작성되었으며, 채종원 내 교배조합의 조성비율을 x축으로 하고 각 조합의 누적기여도를 y축으로 하여 도식화 하였다. 암꽃과 수꽃 생산량 및 유구과 생산량에 교배조합이 모두 균일하게 기여했을 때는 직선으로 나타나며, 이 직선에서 멀어질 수록 소수 조합에 의한 기여율이 높아져 클론 간 불균형을 이룬다는 것을 의미한다(Kang, 2000).

Parental balance curve는 채종원에 조성된 교배조합(클론)이 어느 정도 비율로 얼마만큼의 개화량 또는 유구과 생산량을 점유하는지 파악하는데 매우 중요하며, 유전간벌, 선택적 구과채취 및 인위적 화분공급 등 채종원 관리 방안을 결정하는데 중요한 기준이 된다.

4. 유효집단크기 및 유전다양성 추정

조합간 평균 개화량과 변이계수(coefficient of variance, *CV*)를 산출하여 개화량 및 유구과 생산량의 안정성을 비교 분석하였다. 본 연구에서는 전체 암·수꽃 생산량에 대한 교배조합당 생산 비율을 각 교배조합의 자성 · 웅성 배우자 생산능력(gamete fertility)으로 간주

하였으며, 변이계수(*CV*)는 다음과 같이 교배조합의 개화량 표준편차(standard deviation, S.D.)를 평균(mean)으로 나누어 산출하였다.

$$\mathrm{CV} = \frac{\mathrm{S.D.}}{\mathrm{Mean}}$$

유효집단크기(effective population size, N_s)는 형매계수(Ψ)와 변이계수(*CV*)를 이용하는 Kang and Lindgren (1998)의 방법에 따라 아래와 같이 추정하였다.

$$N_s = \frac{N}{\Psi} = \frac{N}{CV^2 + 1}$$

여기서 *N*은 채종원 집단 내 총 교배조합 숫자이며, Ψ는 형매계수(sibling coefficient)이고 *CV*는 변이계수(coefficient of variation)이다.

상대유효집단크기(relative effective population size, N_r)는 유효집단크기(N_s)를 전체 교배조합 수(*N*)로 나눈 상대적 비율(%)이며, 아래와 같이 계산하였다.

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

유전다양성(genetic diversity, *GD*)은 아래 공식과 같이 추정하였다(Lindgren and Mullin, 1998; Kang, 2000).

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

5. 구과 분석

구과분석을 위하여 곰솔 채종원 내 전수(26개 조합, 308본)를 대상으로 2014년부터 2016년까지 3년간 매9월에 개체당 성숙 구과를 2~3개씩 채취하였다. 26개 교배조합별로 병해충 피해를 받지 않은 건전구과를 5개씩 임의로 선택하여 채취한 당일 구과의 길이(mm), 폭(mm) 및 무게(g)를 측정하였다(권용락 등, 2011)(Figure 4).

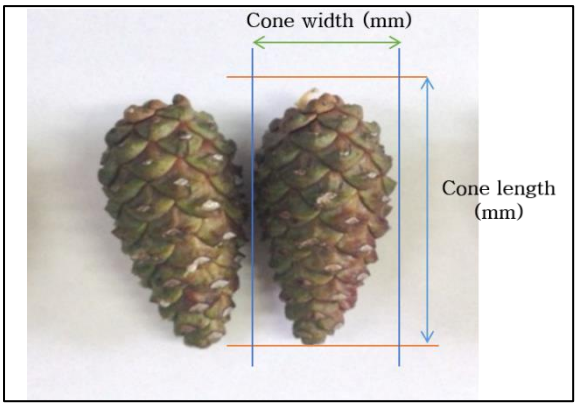

Figure 4. Morphological characteristics of mature cone collected from the second generation seed orchard of *Pinus thunbergii*.

형태적 특성이 조사 완료된 구과는 구과분석을 위하여 약 4주간 실내에서 음건한 뒤, 완전히 건조된 구과의 인편을 기부로부터 하나씩 떼어내면서 종자를 모두 분리하였다(Figure 5).

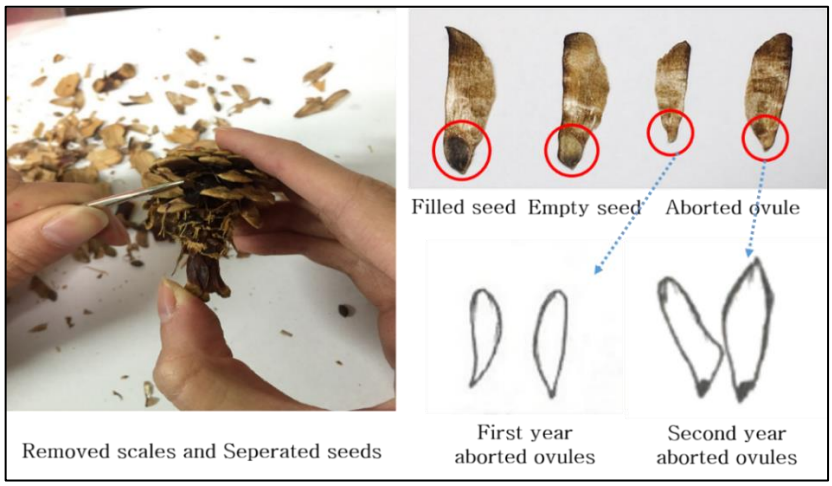

Figure 5. Method of cone analysis.

분리된 인편은 모양에 따라 임성 인편(fertile scale)과 불임성 인편(infertile scale)으로 구분하였으며, 종자는 성숙종자(developed seeds)와 고사배주(aborted ovules)로 구분하였다. 성숙종자는 충실종자(filled seeds), 비립종자(empty seeds) 및 상해종자(damaged seeds)로 구분하였으며, 고사배주는 첫 해 고사배주(first-year aborted ovule)와 둘째 해 고사배주(second-year aborted ovule)로 구분하였다(Lee et al., 1984) (부록 1).

조사된 종자의 특성 자료을 이용하여 종자생산능력(seed potential), 성숙종자율(percent developed seeds), 충실종자율(percent filled seeds), 고사배주율(percent aborted ovules) 및 종자효율(seed

efficiency)을 산출하였다(김인식과 허성두, 2013; Bramlett et al., 1977) (부록 1).

6. 통계 분석

교배조합 간 암꽃과 수꽃 개화량 및 유구과 생산량의 차이를 검정하고, 구과특성(길이, 폭, 무게) 및 종자의 유전적 특성(종자생산능력, 종자생산율, 충실종자율, 고사배주율)을 분석하기 위하여 IBM SPSS statistics ver. 23.0을 사용하여 일원배치 분산분석(one-way ANOVA)를 실시하였다. 아울러 각각의 분산성분(variance components)을 산출하였으며, 이로부터 광의의 유전력(broad-sense heritability)을 추정하였다(Table 1).

Table 1. Estimation of broad sense heritability (h^2) using variance components.

Source of variation	df	Expected mean square	h^2
Among clones	[a]C−1	$\sigma_e^2 + {}^c k\sigma_c^2$	$\sigma_e^2 / (\sigma_e^2 + \sigma_c^2)$
Within clones	[b]N−[a]C	σ_e^2	

[a] C : number of clones

[b] N : number of ramets within the clone

[c] k : harmonic mean $(1/C-1)(N-\sum N_i^2/N)$

또한 재적생장 지수(SCA)와 개화량 및 유구과 생산량 간 그리고 구과특성과 구과분석 항목 간에 관계를 알아보기 위해 단순상관(Pearson's correlation) 및 순위상관(Spearman's correlation) 분석을 실시하였다. 재적생장 지수는 국립산림과학원에서 발표한 곰솔 교배조합별 특수조합능력(special combining ability) 자료를 활용하였다 (한상억 등, 2009)(Table 2).

통계분석을 시행하기 이전에 각각의 데이터에 대한 Shapiro-Wilk 정규성 검정을 실시하였으며, Tukey HSD (Honestly Significant Difference)방법으로 사후검정을 실시하였다. 유의 수준은 0.05로 설정하였다.

Table 2. Specific combining ability (SCA) for volume growth of the combination of *Pinus thunbergii* grafted in the second generation seed orchard.

NO.	Combination	SCA	NO.	Combination	SCA
1	0638×076	3.8810	14	075×045	1.4363
2	0644×0646	3.3300	15	075×0641	0.9113
3	0648×0815	3.3179	16	072×0636	0.7868
4	087×0645	2.4431	17	096×083	0.6563
5	0641×073	2.4347	18	0619×083	0.6196
6	0640×094	2.0727	19	076×092	0.6159
7	0621×0817	2.0344	20	0619×062	0.5067
8	0233×0643	1.9332	21	0634×077	0.4505
9	0638×083	1.8347	22	0634×081	0.4273
10	0214×0661	1.6481	23	072×045	0.3998
11	0614×0229	1.6205	24	096×0638	0.3394
12	0224×063	1.6006	25	075×0636	0.3367
13	0644×087	1.4382	26	076×0641	0.3180

※출처 : 국립산림과학원(2009)

4장 연구 결과

1. 개화량 및 유구과 생산량 변이 분석

1.1 교배조합 간 개화량 및 유구과 생산량

암꽃 개화량 평균은 2015년 164.6개, 2016년 187.1개 였으며, 수꽃 개화량 평균은 2015년 2,257.1개, 2016년 5,112.9개였다. 유구과 생산량 평균은 2015년에 126.5개, 2016년에 176.2개였다(Table 3). 개화량과 유구과 생산량에 대한 일원배치 분산분석의 F 통계량 결과, 교배조합 간 유의한 차이가 있었으며 암꽃 개화량과 유구과 생산량에 비해 수꽃 개화량의 변이가 적은 편으로 나타났다.

교배조합간 차이를 확인하기 위하여 Tukey HSD 다중범위검정을 실시한 결과, 2015년의 암꽃 개화량은 개체(ramet) 간 최소 2개부터 최대 600개까지 차이를 보였다. 26개 교배조합은 평균 차이의 순서에 따라 5개 그룹으로 나누어졌다. 평균적으로 가장 적게 개화한 조합은 0619×083(94.5개)이었고, 가장 많이 개화한 조합은 0638×083(272개)이었다. 수꽃 개화량 차이는 개체(ramet) 간 전혀 개화하지 않은 것부터 16,900개까지 범위가 넓었다. 교배조합별 평균 차이의 순서에 따라 5개 그룹으로 나누어 졌으며, 평균적으로 가장 적게 개화한 조합은 0233×0661(155개), 가장 많이 개화한 조합은 0644×0646(4,960개)으로 약 30배 이상 차이를 보였다.

Table 3. Mean, range, *CV* (coefficient of variation) and *F* value for the production of female and male strobilli and conelet during the period of 2015 and 2016 in the second generation seed orchard of *Pinus thunbergii*.

	2015 (N=26)			2016 (N=26)		
	Female	Male	Conelet	Female	Male	Conelet
Mean	164.6	2,172.0	121.0	187.1	28,211.0	171.9
Range	94.5 ~272.0	155.0 ~4,960	23.5 ~271.0	27.1 ~337.8	22,171.8 ~39,333.3	88.4 ~271.0
CV (%)	25.1	11.2	52.9	29.4	16.0	23.8
F-value	3.03***	4.36***	4.67***	2.61***	4.92***	3.19***

*** : $p<0.001$

2015년의 유구과 생산량은 개체(ramet) 간 0개부터 600개까지 차이가 있었다. 유구과 생산량 평균 차이에 따라 9개 그룹으로 나누어졌으며, 평균적으로 가장 많이 생산한 조합은 0619×062(271개), 가장 적게 생산한 조합은 0619×083(23.5개) 이었다(Table 4). 유구과 생산량이 가장 많았던 0619×062의 경우 수꽃 생산량과 암꽃 생산량이 비교적 낮은 그룹에 포함되었다.

0619×083의 경우 2015년에 암꽃 개화량과 유구과 생산량이 가장 낮았던 반면, 수꽃 개화량은 비교적 높은 그룹에 속하였다. 087×0645 또한 암꽃 개화량이 가장 낮은 그룹에 속하였고 유구과 생산량 역시 비교적 낮은 편에 속했지만, 수꽃 개화량은 높은 그룹에 포함되었다. 암꽃 개화량이 가장 많았던 0638×083의 경우, 수꽃의 개화량은 낮은 그룹에 포함되었다. 하지만 26개 교배조합 중 19개 교배조합이 암꽃 개화량의 평균에 차이를 보이지 않았으며, 같은 그룹에 포함되었다.

2015년에 수꽃 개화량이 가장 많았던 0648×0815의 경우, 암꽃 개화량과 유구과 생산량은 중간 그룹에 포함 되었다. 수꽃 개화량이 가장 낮았던 0233×0643의 경우, 암꽃 개화량과 유구과 생산량 모두 낮은 그룹에 포함 되었다. 수꽃 개화량의 경우도 암꽃 개화량과 마찬가지로 최 상 · 하위 그룹에 포함된 2개 조합을 제외한 나머지 24개 교배조합은 중간 그룹으로 나누어 졌다.

Table 4. Multiple comparison for female (A), male (B) strobilus and conelet (C) production in 2015 by post-hoc Tukey HSD test ($p<0.05$).

(A) Female strobilus production in 2015

Group	Combination	Mean
a	0619×083	94.55
	087×0645	102.00
ab	0644×0646	115.17
	0233×0643	117.14
	0224×063	117.33
abc	075×045	138.18
	096×0638	144.62
	0640×094	147.86
	075×0641	155.00
	0648×0815	156.67
	0619×062	159.00
	072×045	160.67
	0641×073	162.67
	0644×087	168.75
	075×0636	170.67
	076×092	175.00
	072×0636	176.67
	0214×0661	179.17
	0614×0229	184.62
	076×0641	185.63
	0634×077	192.00
	0638×076	203.64
	0634×081	209.09
	0621×0817	218.18
bc	096×083	249.00
c	0638×083	272.00

(B) Male strobilus production in 2015

Group	Combination	Mean
a	0233×0643	155.00
ab	075×045	367.73
	0619×062	567.00
	076×0641	588.75
	0640×094	701.79
	0638×083	856.00
	0214×0661	922.50
	072×0636	1554.44
	0641×073	1566.67
	0621×0817	1765.45
	076×092	1884.00
abc	0644×087	2047.50
	0614×0229	2057.69
	075×0636	2058.00
	096×083	2068.00
	0224×063	2114.67
	0634×081	2321.82
	096×0638	2370.77
	0634×077	2884.30
	075×0641	3052.86
	0638×076	3064.55
	0619×083	3091.82
bc	0644×0646	3137.50
	087×0645	3219.00
	072×045	3301.33
c	0648×0815	4960.00

(C) Conelet production in 2015

Group	Combination	Mean
a	0619×083	23.45
ab	075×045	50.00
abc	0233×0643	58.57
	072×045	74.67
	0640×094	83.86
	076×0641	84.81
abcd	0614×0229	91.38
	0644×087	93.75
	076×092	95.50
	096×083	95.50
	096×0638	97.69
	087×0645	98.40
	0224×063	101.93
	0641×073	103.27
abcde	075×0636	117.13
	0648×0815	125.67
	0644×0646	126.42
	0638×083	141.20
	075×0641	149.50
	072×0636	152.11
	0634×077	154.80
bcde	0621×0817	198.00
	0634×081	210.64
cde	0214×0661	212.00
de	0638×076	250.64
e	0619×062	271.00

2016년 암꽃 개화량의 경우 전혀 개화하지 않은 것부터 최대 1,560개까지 개체(ramet) 간 변이가 컸다. 개화량과 유구과 생산량에 대한 Tukey HSD 다중범위 검정을 실시한 결과, 교배조합별 평균의 차이에 의해 5개의 그룹으로 나누어졌으며, 0619×083, 0233×0643, 0621×0817, 072×0636을 제외한 22개 교배조합이 동일한 그룹에 속해 있는 결과를 나타냈다(Table 5). 평균적으로 암꽃이 가장 많이 개화한 조합은 072×0636(337.8개)이었고 가장 적게 개화한 조합은 0619×083(81.1개)이었다.

2016년의 수꽃 개화량은 전혀 개화하지 않은 것부터 60,000개까지 개체 간 차이가 컸지만, 조합 간 평균을 비교했을 때 가장 많이 개화한 조합 0648×0815(39,333.3개)과 가장 적게 개화한 조합 075×045(22,181.1개)의 차이는 크지 않았다. 평균의 차이에 의해 26개 교배조합이 11개 그룹으로 나누어 졌다.

암꽃 개화량이 가장 적었던 0619×083의 경우 수꽃 개화량 그리고 유구과 생산량 또한 낮은 그룹에 속해 있었다. 암꽃 개화량이 가장 많았던 072×0636의 경우, 수꽃 개화량은 낮은 그룹에 속해 있었지만 유구과 생산량의 경우 높은 그룹에 포함되었다. 하지만 26개 교배조합 중 24개 조합이 모두 같은 그룹에 포함되어 조합 간 암꽃 개화량의 평균에는 큰 차이가 없는 것으로 나타났다.

수꽃 개화량이 가장 낮았던 075×045의 경우 암꽃 개화량과 유구과 생산량이 모두 낮은 그룹에 속했다. 0648×0815의 경우 수꽃 개화량과 유구과 생산량이 가장 많았으나, 암꽃 개화량은 중간 그룹에 포함

되었다. 수꽃 개화량 또한 11개 교배조합이 중간 그룹에 포함되었으나, 조합간 평균 차이는 암꽃에 비해 높은 것으로 나타났다.

유구과 생산량은 개체 간 0개부터 528개까지 조사되었다. 교배조합 간 평균 차이에 의해 7개 그룹으로 나누어졌으며, 유구과를 평균적으로 가장 많이 생산한 조합은 0648×0815(271개), 가장 적게 생산한 조합은 0233×0643(88.4개)이었다. 유구과 생산량은 17개 교배조합이 하나의 그룹으로 포함되어 조합간 평균 차이가 크지 않은 것으로 나타났다.

Table 5. Multiple comparison for female (A), male (B) strobilus and conelet (C) production in 2016 by post-hoc Tukey HSD test ($p<0.05$).

(A) Female strobilus production in 2016

Group	Combination	Mean
a	0619×083	81.09
ab	0233×0643	120.50
abc	0619×062	127.90
	0644×0646	131.58
	087×0645	133.60
	075×045	140.91
	075×0641	156.43
	076×092	162.08
	0641×073	171.67
	075×0636	178.87
	096×0638	179.92
	0638×076	181.82
	0644×087	183.06
	0224×063	184.47
	072×045	188.93
	0638×083	193.40
	0614×0229	203.85
	0634×081	207.36
	0648×0815	215.00
	076×0641	216.44
	0634×077	225.00
	0214×0661	225.83
	096×083	229.50
	0640×094	233.14
bc	0621×0817	315.73
c	072×0636	337.78

(B) Male strobilus production in 2016

Group	Combination	Mean
a	075×045	22181.82
ab	0619×083	22272.73
abc	096×0638	22769.23
abcd	0638×076	23636.36
abcde	075×0636	24866.67
	0634×077	24900.00
	072×0636	25333.33
	0224×063	25400.00
	076×0641	25562.50
	0638×083	25800.00
	072×045	26200.00
	075×0641	26214.29
	0619×062	26400.00
	076×092	26416.67
	096×083	26800.00
abcdef	087×0645	29100.00
	0621×0817	30000.00
	0214×0661	30083.33
	0233×0643	31214.29
	0644×0646	31750.00
bcdef	0640×094	33071.43
cdef	0644×087	33375.00
def	0634×081	33727.27
ef	0641×073	34600.00
	0614×0229	35461.54
f	0648×0815	39333.33

(C) Conelet production in 2016

Group	Combination	Mean
a	0233×0643	88.43
ab	075×045	113.45
	0619×083	114.45
abc	087×0645	118.80
	0224×063	136.73
abcd	075×0641	153.71
	0640×094	155.71
	096×0638	155.85
	072×045	160.47
	076×0641	161.75
	0644×087	165.81
	0641×073	168.53
	0644×0646	171.25
	0638×076	176.91
	075×0636	184.87
	0621×0817	193.73
	0638×083	194.00
	072×0636	199.56
	076×092	200.17
	0634×077	201.10
	0214×0661	204.83
	0619×062	206.10
bcd	096×083	220.40
	0634×081	221.64
cd	0614×0229	242.15
d	0648×0815	271.00

1.2 유전력 추정

곰솔 2세대 채종원에 조성되어 있는 26개 교배조합(총 308 개체)에 대하여 분산성분을 이용하여 광의의 유전력을 추정한 결과, 2015년의 암꽃, 수꽃 개화량 및 유구과 생산량에 대한 유전력은 각각 0.068, 0.236 및 0228로 암꽃에 비해 수꽃의 유전력이 높게 나타났다(Table 6). 2016년의 암·수꽃 개화량과 유구과 생산량의 유전력은 각각 0.191, 0.140 그리고 0.170으로 수꽃에 비해 암꽃의 유전력이 높게 나타나 2015년의 결과와 차이를 보였다.

Table 6. Variance component and broad-sense heritability (h^2) for the production of female, male strobilli and conelet in the second generation seed orchard of *Pinus thunbergii*.

	2015			2016		
	Female	Male	Conelet	Female	Male	Conelet
Var(clone)	857.8	711,930.8	2,741.6	11,698,027	14,995,443	1,352.1
Var(error)	11,814	2,306,492	9,295	49,663,992	92,387,122	6,623.6
h^2	0.068	0.236	0.228	0.191	0.140	0.170

1.3 Parental balance curve

암꽃 개화량은 2015년의 경우, 채종원 조성 총 26개 교배조합 가운데 11조합(38%)이 전체 개화량의 약 50% 이상을 차지하였고, 2016년도에는 22조합(85%)이 전체 개화량의 약 90% 이상을 각각 차지하여 전체적으로 조합 간 암꽃의 기여도는 균일하였다(Figure 6).

수꽃 개화량의 경우, 전체 26개 교배조합 중 2015년에는 8조합(30%), 2016년에는 12조합(46%)이 전체 개화량의 약 50%를 차지했으며, 전체 개화량의 약 90% 이상을 차지하는 조합이 2015년에는 18조합(69%), 2016년에는 23조합(88%)으로 추정되어 2015년에 수꽃의 기여도가 비교적 제한된 조합으로 구성되었음을 알 수 있었다.

유구과 생산량의 경우, 전체 26개 교배조합 중 2015년에는 9조합(35%), 2016년에는 11조합(42%)이 전체 유구과 생산량의 50%를 차지했으며, 전체 유구과 생산량의 90% 이상을 차지하는 조합수가 2015년에는 21조합(81%), 2016년에는 22조합(85%)으로 유구과 생산량에 조합별 기여율이 전반적으로 고르게 나타남을 알 수 있었다.

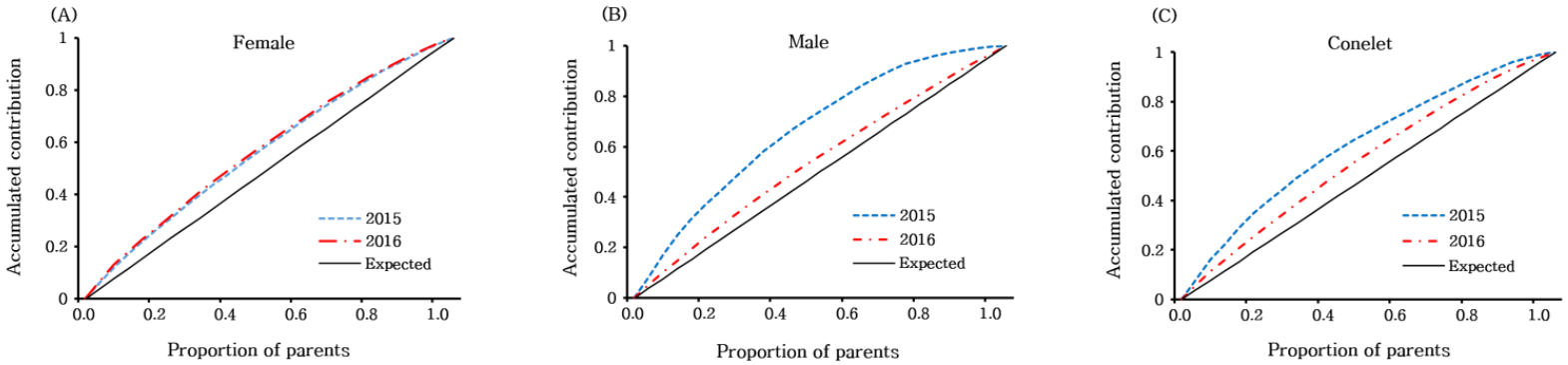

Figure 6. Parental balance curve; accumulated contribution of female (A), male (B) strobili and conelet (C) production for proportion of parents during the period of 2015 and 2016. Straight line represents equal contribution among combinations.

1.4 유효집단크기 및 유전다양성 추정

유효집단크기(N_s)는 2015년의 경우 암꽃 24.5, 수꽃 12.6 그리고 유구과량이 20.3으로 추정되었으며, 2016년의 경우 암꽃 23.9, 수꽃 25.4 그리고 유구과량이 24.6으로 추정되었다(Table 7).

2015년의 경우 수꽃의 유효집단크기가 매우 낮게 추정되어 유전다양성(*GD*) 역시 가장 낮게 추정되었다(Table 7). 즉, 유전다양성이 0.957로 추정되어 곰솔 2세대 채종원산 종자의 웅성배우자 수준에서의 유전다양성 감소는 모수 집단(교배조합)과 비교하여 약 4.3%[=(1−0.957)x100]로 추정되었다.

Table 7. Effective population size (N_s), relative effective size (N_r) and gene diversity (*GD*) for female, male strobili and conelet production in the second generation seed orchard of *Pinus thunbergii*.

	2015 (N=26)			2016 (N=26)		
	Female	Male	Conelet	Female	Male	Conelet
N_s	24.5	11.5	20.3	23.9	25.4	24.6
N_r (%)	94.1	44.2	78.1	92.0	97.5	94.7
GD	0.980	0.957	0.975	0.979	0.980	0.980

1.5 재적생장 지수와 개화량 및 유구과 생산량 간 상관

암 · 수꽃 개화량과 유구과 생산량의 단순상관(Person's correlation) 분석 결과, 2015년과 2016년 모두 유의한 정의 상관을 보였다($p<0.05$) (Table 8). 암 · 수꽃 개화량과 유구과 생산량에 대한 순위상관 (Spearman's correlation)에서는 2016년에 수꽃과 유구과 간 상관을 제외하고 모두 유의한 정의상관을 보였다($p<0.05$).

Table 8. Person's (below the diagonal) and Spearman's (above the diagonal) correlation coefficients. Between specific combining ability (SCA) and female, male strobili and conelet production. (* : $p<0.05$, ** : $p<0.01$).

2015	SCA	Female	Male	Conelet
SCA	−	−0.52	−.011	.038
Female	−.067	−	.171**	.403**
Male	.007	.187**	−	.174**
Conelet	.047	.411**	.184**	−
2016	SCA	Female	Male	Conelet
SCA	−	−.009	.290**	−.085
Female	−.019	−	.307**	.366**
Male	.233**	.305**	−	.320
Conelet	−.099	.379**	.341**	−

2015년의 경우 개화량, 유구과 생산량과 재적생장 지수(SCA) 간 단순상관 분석 결과, 암꽃 개화량과 재적생장지수는 부의 상관을 보였으나, 유의하지 않았다($p>0.05$). 재적생장 지수와 수꽃 개화량 간, 재적생장 지수와 유구과 생산량 간에는 정의 상관을 보였으나, 유의하지 않았다($p>0.05$). 순위상관 분석 결과, 재적생장 지수와 수꽃 생산량 간 부의 상관을 보인 결과를 제외하고 단순 상관분석 결과와 일치하였다.

2016년의 경우 개화량, 유구과 생산량과 재적생장 지수 간 단순상관 분석 결과, 수꽃과 재적생장 지수만 유의한 정의 상관을 보였다($p<0.05$). 나머지 항목은 부의 상관을 나타냈으며 유의하지 않았다($p>0.05$). 2016년의 순위상관 분석 결과는 단순상관 분석 결과와 일치하였다.

모든 조사년도에서 암꽃 생산량과 수꽃 생산량 간에 단순상관 및 순위상관이 모두 유의적으로 연관되어 있는 것으로 나타나, 암꽃을 많이 생산하는 교배조합이 수꽃도 많이 생산하고 있었다. 또한 예측된 바와 같이, 암꽃 생산량과 유구과 생산량 간에도 단순상관 및 순위상관 모두 유의적인 정의 상관이 존재하여 암꽃을 많이 생산하는 교배조합이 유구과도 많이 생산하는 것으로 나타났다.

2. 구과 및 종자특성 분석

2.1 구과의 형태학적 특성

구과 길이의 평균은 2014년이 55.4 mm, 2015년이 51.5 mm, 2016년이 60 mm였다. 구과 폭의 평균은 2014년이 31.4 mm, 2015년이 29.7 mm, 2016년이 31.7 mm로 나타났다. 구과의 평균 무게는 2014년이 18.1 g, 2015년이 22 g, 2016년이 28.4 g으로, 전반적으로 2016년의 구과가 가장 우수한 형질을 나타냈다(Table 9).

Table 9. Length, width and weight of conelets in the second generation seed orchard of *Pinus thunbergii* during the period of 2014~2016.

	2014			2015			2016		
	L	Wd	Wt	L	Wd	Wt	L	Wd	Wt
Mean	55.4	31.4	18.1	51.5	29.7	22	60.0	31.7	28.4
S.D.	5.32	3.31	5.13	5.7	2.46	5.73	6.37	2.77	6.95
CV	0.083	0.097	0.251	0.098	0.072	0.224	0.088	0.079	0.210
Min	43.3	23.7	8.6	41.1	23.5	11.6	52.8	23.61	12.87
Max	70	40.4	31.3	73.3	38	48.9	77.8	39.4	53.8

* L : length (mm), Wd : width (mm) and Wt : weight (g) of conelet, respectively.

구과의 길이와 폭, 무게는 교배조합별 차이를 보였다. 2014년의 구과 길이, 폭 및 무게에 대한 Tukey HSD 다중범위검정 결과, 구과의 평균 길이는 075×045(46.6 mm)가 가장 짧았으며, 0614×0229(64.7 mm)가 가장 긴 것으로 나타났다. 구과 길이는 15 그룹으로 나누어져 조합간 차이가 비교적 많은 것으로 나타났다 (Table 10). 구과 폭은 11 그룹으로 나누어졌다. 구과 폭은 087×0645(26.02 mm)가 가장 짧았으며, 0614×073 (38.84 mm)이 가장 넓은 것으로 나타났다.

구과의 무게는 12 그룹으로 나누어 졌으며 096×0638(9.59 g)이 가장 가벼웠고, 0641×0229(28.53 g)이 가장 무거웠다. 2014년의 경우 구과 길이, 폭, 무게의 평균을 각각 비교 하였을 때, 상위 그룹에 속한 교배조합의 경우 대부분 일치하는 경향을 나타냈다.

Table 10. Multiple comparison for length (A), width (B) and weight (C) in 2014 by post-hoc Tukey HSD test ($p<0.05$).

(A) Cone length in 2014

Group	Combination	Mean (mm)
a	075×045	46.64
ab	0619×083	49.32
abc	0634×077	49.96
	0634×081	50.34
	0638×083	50.36
	076×0641	50.90
abcd	0644×0646	51.52
	096×083	52.06
abcde	0619×062	53.94
	0224×063	54.10
	087×0645	54.10
bcde	075×0641	55.14
	0648×0815	55.86
bcdef	0233×0643	56.00
	096×0638	56.00
bcdefg	0644×087	56.52
	0638×076	56.60
cdefg	0214×0661	56.90
	075×0636	57.08
cdefgh	0621×0817	57.18
	076×092	57.32
defgh	072×045	58.90
efgh	072×0636	60.48
fgh	0641×073	63.46
gh	0640×094	63.90
h	0614×0229	64.70

(B) Cone width in 2014

Group	Combination	Mean (mm)
a	087×0645	26.02
	0638×083	26.48
ab	0638×076	28.22
	076×0641	28.44
	0644×0646	28.62
	075×045	28.74
abc	0634×081	29.32
	075×0641	29.38
	0619×083	29.62
bcd	096×083	30.20
	0648×0815	30.40
	072×0636	30.64
	0224×063	30.78
bcde	0619×062	31.44
	0634×077	31.60
	072×045	31.70
cdef	0644×087	32.62
	0640×094	32.74
	075×0636	32.94
def	076×092	33.50
	0214×0661	33.82
ef	0621×0817	34.82
efg	0614×0229	35.14
fg	0233×0643	35.54
	096×0638	35.54
g	0641×073	38.84

(C) Cone weight in 2014

Group	Combination	Mean (g)
a	096×0638	9.59
ab	0233×0643	13.10
	075×045	13.17
	087×0645	13.31
	0638×083	13.59
abc	075×0636	13.87
	0644×0646	15.39
	0638×076	15.47
	0619×083	15.84
bcde	096×083	16.36
	0224×063	16.49
	076×0641	16.52
	075×0641	16.53
	0634×081	16.74
bcdef	0634×077	18.72
	0641×073	18.74
bcdefg	0619×062	18.80
	0648×0815	18.81
cdefg	072×0636	20.43
defg	072×045	21.70
efgh	0214×0661	22.92
fgh	076×092	23.46
	0621×0817	23.68
	0644×087	24.14
gh	0640×094	25.44
h	0614×0229	28.53

2015년의 구과 길이, 폭 및 무게에 대한 Tukey HSD 다중범위 검정 결과, 구과 길이는 10 그룹으로 구분되었으며, 구과 길이의 평균은 0224×063(44.41 mm)이 가장 짧았고, 0638×076(63.15 mm)이 가장 긴 것으로 나타났다(Table 11). 구과 폭은 12 그룹으로 나누어졌다. 075×0641(25.9 mm)가 가장 짧았으며, 0638×076 (33.64 mm)가 가장 넓었다.

구과의 무게는 14 그룹으로 나누어 졌으며 075×0641(15.42 g)이 가장 가벼웠고, 0638×076(35.49 g)이 가장 무거웠다. 2015년의 경우, 0638×083과 0638×076의 구과의 길이, 폭, 무게 평균이 모두 최 상위 그룹에 속하였다. 교배조합별로 구과의 길이와 폭, 무게 평균 각각의 순위는 거의 유사한 경향을 나타냈다. .

Table 11. Multiple comparison for length (A), width (B) and weight (C) in 2015 by post-hoc Tukey HSD test ($p<0.05$).

(A) Cone length in 2015

Group	Combination	Mean (mm)
a	0224×063	44.41
	075×045	44.63
ab	0648×0815	45.49
abc	096×0638	46.03
	0214×0661	46.26
	0614×0229	47.16
	075×0641	47.57
	0621×0817	47.71
	076×092	48.01
	0619×083	48.48
abcd	072×045	50.56
	096×083	50.58
	072×0636	50.66
	0634×077	51.24
abcdf	0641×073	51.36
	0619×062	52.06
	0644×087	52.27
cdfg	0644×0646	52.86
	087×0645	53.17
	076×0641	53.33
dfgh	0634×081	56.73
fgh	0233×0643	58.25
	075×0636	58.60
	0640×094	58.65
gh	0638×083	59.13
h	0638×076	63.15

(B) Cone width in 2015

Group	Combination	Mean (mm)
a	075×0641	25.91
ab	0634×077	26.31
abc	0648×0815	26.45
	087×0645	26.75
abcd	075×045	27.76
	0621×0817	28.13
abcde	0224×063	28.80
	0644×087	28.84
	0214×0661	29.09
	072×0636	29.12
abcdef	096×0638	29.17
	076×092	29.20
	0641×073	29.24
bcdef	0634×081	29.25
	072×045	29.63
cdef	096×083	29.69
defg	076×0641	30.67
	0640×094	30.71
efg	0619×083	31.60
	0614×0229	31.66
	075×0636	31.92
	0644×0646	31.92
	0619×062	32.06
fg	0233×0643	32.47
g	0638×083	33.36
	0638×076	33.65

(C) Cone weight in 2015

Group	Combination	Mean (g)
a	075×0641	15.42
	075×045	15.82
ab	0634×077	16.95
abc	0648×0815	17.35
	087×0645	17.51
	0224×063	18.16
abcd	096×0638	18.46
abcde	0214×0661	18.85
	0621×0817	19.23
	076×092	19.30
	0641×073	19.94
	0644×087	20.13
	072×045	20.19
	072×0636	20.49
	096×083	21.08
	0614×0229	22.65
abcdef	0619×083	23.04
abcdefg	0634×081	23.33
bcdefg	076×0641	24.70
	0619×062	24.76
cdefg	0644×0646	25.18
defg	0640×094	26.45
efg	075×0636	26.80
fgh	0233×0643	29.77
gh	0638×083	30.98
h	0638×076	35.49

2016년의 구과의 형태를 교배조합별로 Tukey HSD 다중범위 검정 결과, 구과 길이는 16 그룹으로 나누어졌다. 평균적으로 087×0645(52.78 mm)가 가장 짧았으며, 0640×094(69.71 mm)가 가장 길었다(Table 12). 구과 폭은 15 그룹으로 나누어졌다. 구과 길이와 마찬가지로 087×0645(25.41 mm)의 폭이 가장 좁았으며, 0644×087(35.95 mm)이 가장 넓게 나타났다. 구과의 길이가 가장 길었던 0640×094의 경우 구과 폭이 비교적 넓은 그룹에 속하였지만 0644×087과는 다른 그룹에 포함되었다.

구과 무게는 087×0645(14.60 g)가 길이, 폭과 마찬가지로 가장 하위 그룹에 속하였고, 0640×094(41.28 g)가 가장 무거웠다. 교배조합별 구과의 길이와 폭, 무게의 평균에 차이가 존재했으며 무게의 경우 최 하위 그룹과 최 상위 그룹의 평균은 2배 이상 차이를 보였다.

Table 12. Multiple comparison for length (A), width (B) and weight (C) in 2016 by post-hoc Tukey HSD test ($p<0.05$).

(A) Cone length in 2016

Group	Combination	Mean (mm)
a	087×0645	52.78
ab	096×083	53.00
	0634×081	53.04
abc	0619×062	54.33
	0619×083	54.41
	0621×0817	55.03
abcd	075×045	55.28
abcde	0638×083	56.19
	0214×0661	56.23
abcdef	0224×063	56.70
	075×0641	57.37
	096×0638	58.37
abcdefg	072×0636	58.58
abcdefgh	0644×087	60.23
	076×0641	60.57
	0644×0646	61.79
	0641×073	62.15
bcdefgh	0638×076	62.69
cdefgh	0648×0815	63.30
defgh	0634×077	64.95
defgh	0614×0229	65.06
efgh	076×092	65.44
fgh	075×0636	66.33
gh	0233×0643	68.34
h	072×045	68.57
	0640×094	69.71

(B) Cone width in 2016

Group	Combination	Mean (mm)
a	087×0645	25.41
ab	0644×0646	28.38
abc	0638×083	28.55
	0638×076	28.58
bcd	096×083	29.20
bcde	075×0641	29.67
bcdef	0214×0661	30.49
	072×0636	30.57
	096×0638	30.73
	0648×0815	30.80
	0619×062	31.24
bcdefg	075×045	31.42
	0621×0817	31.46
cdefgh	0634×081	31.80
defghi	076×0641	32.23
	076×092	32.27
	075×0636	32.31
	0619×083	32.54
efghij	072×045	32.74
	0641×073	32.87
fghij	0224×063	33.34
ghij	0233×0643	34.63
hij	0614×0229	35.03
ij	0640×094	35.18
	0634×077	35.49
j	0644×087	35.95

(C) Cone weight in 2016

Group	Combination	Mean (g)
a	087×0645	16.15
ab	096×083	22.30
	0638×083	23.12
	075×045	23.53
	075×0641	23.53
abc	0638×076	23.91
	0644×0646	24.24
	0621×0817	24.58
	0634×081	24.60
	0619×062	25.21
bc	072×0636	26.09
	096×0638	26.47
bcd	0619×083	26.68
	0224×063	26.69
	0214×0661	26.89
bcde	076×092	28.51
bcdef	076×0641	28.82
	0648×0815	28.84
	075×0636	30.43
bcdefg	0641×073	31.83
cdefg	072×045	33.50
defg	0634×077	36.29
efg	0644×087	37.78
	0614×0229	38.14
fg	0233×0643	38.18
g	0640×094	41.28

2.2 구과분석 및 종자특성

구과 당 종자생산능력은 2014년에 80.4, 2015년에 80.9, 2016년에 96.5로 산출되었으며, 평균 염성 인편수는 2014년 40.1개, 2015년에 40.4개 2016년에 49개로 년도별 차이가 크지 않았다(Table 13). 그러나 비염성 인편수는 2014년이 평균 29.8개, 2015년이 평균 38.3개, 2016년이 평균 46.8개로 년도별 차이가 비교적 크게 나타났다.

고사배주는 2014년 평균 20.0개, 2015년이 15.8개, 2016년이 25.5개였다(Table 13). 고사배주율은 2014년에 24.9%, 2015년에 18.9%, 2016년에 23.9%로 2014년이 가장 높았다.

Table 13. Cone analysis at the second generation seed orchard of *Pinus thunbergii* between 2014 and 2016.

Year	Seed potential	Aborted ovules	Aborted ovules (%)	Developed seed			Filled seed (%)	Seed efficiency (%)
				Total	Empty seed	Filled seed		
2014	80.4	20.0	24.9	60.4	13.1	47.3	77.6	58.8
2015	80.7	15.8	18.9	65.0	10.0	55.0	84.2	68.5
2016	96.5	25.5	23.9	71.0	6.8	64.2	90.1	68.6

구과 당 평균 성숙 종자수는 2014년에 60.4개, 2015년에 65.0개, 2016년에 71.0개였으며 그 중 충실종자수는 2014년 47.3개, 2015년 55.0개, 2016년 64.2개였다.

충실종자율은 2014년에 77.6%, 2015년에 84.2% 그리고 2016년에 90.1%로 2016년의 충실종자율이 가장 우수하였다. 종자효율은 2014년에 58.8%, 2015년에 68.5%, 2016년에 68.9%로 2016년에 가장 높게 나타났다. 교배조합별 구과분석 결과는 부록에 첨부하였으며, 구과 및 종자 특성은 조합 간 차이를 보였다(부록 2).

교배조합별로 구과 분석으로부터 도출된 종자 특성을 Tukey HSD 다중범위검정 한 결과, 2014년의 경우 종자생산능력은 11개 그룹으로 나누어졌으며, 075×0636 조합이 50.4로 가장 낮았으며, 0614×0229 조합이 114.0으로 가장 높았다(Table 14). 성숙종자율은 10개 그룹으로 나누어졌으며, 075×0641(34.47)이 가장 낮았고 0648×0815와 072×0636 또한 가장 낮은 그룹에 포함되었고 096×0638(86.10)의 성숙종자율이 가장 높았다. 충실종자율은 14개 그룹으로 나누어졌고, 0644×0646(11.36)으로 가장 낮았으며 075×0641(96.11)이 가장 높았다. 고사배주율은 11개 그룹으로 나누어졌다. 0214×0661(4.8)이 가장 낮았고, 0640×094(63.18)가 가장 높았다. 096×0638과 0638×083이 0640×094와 같이 최 상위 그룹에 포함되었다. 종자효율은 12개 그룹으로 나누어 졌으며, 0644×0646(9.8)이 가장 낮았고 096×0638(80.26)이 가장 높았다.

Table 14. Multiple comparison for seed characteristics from cone analysis in 2014 by post-hoc Tukey HSD test ($p<0.05$).

(A) Seed potential in 2014

Group	Combination	Mean (seed)
a	075×0636	50.40
ab	0648×0815	60.80
	075×0641	60.80
abc	0634×081	61.60
	0644×0646	66.00
	0638×076	69.20
	0214×0661	70.00
	0233×0643	71.20
abcd	075×045	72.40
	0641×073	73.20
abcde	072×0636	78.00
	0644×087	78.40
	0640×094	79.20
bcde	096×083	82.00
bcdef	0224×063	83.20
	072×045	84.00
	0619×083	87.60
	087×0645	87.60
	096×0638	88.00
	0638×083	88.80
	0619×062	90.40
	0621×0817	91.20
cdef	076×092	92.80
def	076×0641	102.80
ef	0634×077	105.20
f	0614×0229	114.00

(B) Developed seed rate (%) in 2014

Group	Combination	Mean
a	075×0641	22.21
	0648×0815	33.77
	072×0636	38.31
b	0634×081	57.47
	075×045	57.64
bc	075×0636	59.48
	0644×087	59.90
	0641×073	60.96
bcd	0214×0661	61.69
	0619×083	64.1
bcde	087×0645	65.61
	0233×0643	66.01
	0619×062	66.14
bcdef	0640×094	68.29
	0638×083	68.32
	072×045	69.36
	076×092	70.44
	0638×076	70.50
	0634×077	70.95
	0224×063	70.99
	0621×0817	74.66
	096×083	74.90
cdef	076×0641	76.41
def	0614×0229	78.91
ef	0644×0646	82.89
f	096×0638	86.10

(C) Filled seed rate (%) in 2014

Group	Combination	Mean
a	0644×0646	11.37
b	075×045	52.87
bc	0648×0815	63.09
bcd	0634×081	69.36
cd	076×0641	70.16
cde	075×0636	70.64
cdef	0638×076	71.94
cdefg	0638×083	77.46
	0214×0661	78.36
cdefgh	0640×094	79.32
	0634×077	79.57
defgh	087×0645	80.10
	096×083	80.44
	0619×083	81.40
	0224×063	81.57
	0233×0643	81.73
	0619×062	83.68
	096×0638	84.21
	0621×0817	84.53
efgh	0641×073	87.35
fgh	072×0636	87.85
gh	072×045	90.21
	0644×087	90.30
	076×092	91.56
	0614×0229	92.59
h	075×0641	96.11

(D) Aborted ovules rate (%) in 2014

Group	Combination	Mean
a	0214×0661	4.84
ab	0224×063	8.75
	0638×076	9.10
abc	0644×0646	12.40
abcd	0648×0815	13.90
	096×083	14.00
abcde	072×045	17.78
	0614×0229	18.01
	0641×073	19.02
	0634×077	19.35
	0233×0643	19.46
bcde	072×0636	20.68
	0619×083	21.79
	076×092	23.39
cde	0621×0817	24.92
	075×0636	24.94
	0634×081	25.72
	075×045	26.95
de	087×0645	27.76
	076×0641	27.89
	075×0641	28.28
e	0644×087	32.30
	0619×062	32.56
f	0638×083	52.12
	096×0638	55.34
	0640×094	63.19

(E) Seed efficiency (%) in 2014

Group	Combination	Mean
a	0644×0646	9.80
ab	0648×0815	27.90
bc	075×045	35.40
bcd	075×0641	35.61
bcde	072×0636	41.97
cdef	076×0641	52.64
def	0634×077	53.95
ef	0634×081	54.54
efg	0619×083	58.37
	087×0645	58.44
	0638×083	58.56
	0619×062	60.37
fgh	0214×0661	63.25
	075×0636	64.37
	0640×094	65.34
	0638×076	65.60
	0644×087	66.98
	0224×063	67.00
	0614×0229	67.33
	0621×0817	68.19
	076×092	68.87
	0641×073	69.16
	0233×0643	70.19
	096×083	70.30
gh	072×045	73.02
h	096×0638	80.26

2014년의 경우, 성숙종자율과 종자효율이 높은 그룹에 속한 조합들이 대부분 종자생산능력과 충실종자율 그리고 고사배주율이 낮은 그룹에 속해있었다.

2015년 구과분석에 의하여 추정된 교배조합별 종자생산능력은 9개 그룹으로 구분되었다(Table 15). 0632×077(56.4)이 가장 낮았고, 0638×076 (100)이 가장 높게 나타났다. 성숙종자율은 12개 그룹으로 075×045 (50.83)가 가장 낮았고, 072×0636(96.26)이 가장 높았다. 충실 종자율은 7개 그룹으로 나누어 졌다. 075×0636(43.92)이 가장 낮았고, 072×0636(94.57)이 가장 높게 나타났으며 0638×076 외 4개의 교배조합이 072×0636과 같이 가장 상위그룹에 속하였다. 고사배주율은 12개 그룹으로 구분되었다. 072×0636(3.7)이 가장 낮았으며, 075×045(49.1)가 가장 높게 나타났으며, 075×0641과 0644×087이 가장 상위 그룹에 속하였다. 종자 효율은 11개 그룹으로 구분되었다. 075×0636(35.04)이 가장 낮았고, 072×0636(90.99)이 가장 높았다(Table 15).

2015년의 경우, 성숙종자율, 충실종자율과 종자효율이 낮은 그룹에 속한 교배조합의 고사배주율이 상위 그룹에 속하는 경향을 나타냈다.

Table 15. Multiple comparison for seed characteristics from cone analysis in 2015 by post-hoc Tukey HSD test ($p<0.05$).

(A) Seed potential in 2015

Group	Combination	Mean (seed)
a	0634×077	56.40
ab	0640×094	58.40
abc	0648×0815	66.80
abcd	087×0645	69.60
	075×045	71.20
abcde	076×092	74.40
	072×045	76.00
	072×0636	76.00
	0224×063	76.40
	075×0636	77.60
	0621×0817	78.40
	096×0638	78.40
	0233×0643	80.80
	0644×087	82.40
	0614×0229	82.80
	0641×073	82.80
	096×083	83.20
bcde	0634×081	85.60
cde	0644×0646	86.00
cde	076×0641	87.60
	0619×062	91.20
	0638×083	92.80
	075×0641	94.00
de	0214×0661	94.40
	0619×083	94.80
e	0638×076	100.40

(B) Developed seed rate (%) in 2015

Group	Combination	Mean
a	075×045	50.84
	075×0641	52.32
	0644×087	52.54
b	0214×0661	69.48
bc	072×045	77.25
bcd	0233×0643	77.52
	0641×073	77.75
	0638×083	78.21
	0621×0817	78.95
	0619×062	79.74
bcde	075×0636	80.08
bcdef	0224×063	81.84
bcdefg	0638×076	82.64
cdefg	076×092	85.27
	0614×0229	85.41
	087×0645	86.61
	0619×083	86.74
	0644×0646	88.45
	0648×0815	88.80
	076×0641	89.32
	096×0638	91.00
	0640×094	91.18
defg	0634×081	91.70
efg	096×083	94.05
fg	0634×077	95.88
g	072×0636	96.26

(C) Filled seed rate (%) in 2015

Group	Combination	Mean
a	075×0636	43.92
b	0614×0229	69.96
bc	096×0638	74.45
bcd	0634×077	79.55
	0641×073	81.27
	075×045	82.05
	075×0641	82.59
	0644×0646	82.68
	0640×094	82.78
	0644×087	83.39
	0224×063	83.49
	072×045	84.62
	0648×0815	85.19
	076×0641	85.76
	0621×0817	85.85
	0214×0661	85.87
cd	096×083	87.53
	0619×083	88.65
	0233×0643	90.18
d	076×092	91.69
	087×0645	91.85
d	0638×083	91.98
	0634×081	92.66
	0619×062	93.20
	0638×076	93.59
	072×0636	94.57

(D) Aborted ovule rate (%) in 2015

Group	Combination	Mean
a	072×0636	3.74
ab	0634×077	4.12
abc	096×083	5.95
abcd	0634×081	8.30
abcde	0640×094	8.81
	096×0638	9.00
	076×0641	10.68
	0648×0815	11.20
	0644×0646	11.54
	0619×083	13.26
	087×0645	13.39
	0614×0229	14.59
	076×092	14.73
abcdef	0638×076	17.36
bcdef	0224×063	18.16
cdef	075×0636	19.91
def	0619×062	20.25
	0621×0817	21.05
	0638×083	21.79
	0641×073	22.25
	0233×0643	22.48
ef	072×045	22.75
f	0214×0661	30.52
g	0644×087	47.46
	075×0641	47.68
	075×045	49.16

(E) Seed efficiency (%) in 2015

Group	Combination	Mean
a	075×0636	35.04
ab	075×045	41.81
	075×0641	42.94
	0644×087	44.02
bc	0614×0229	59.56
	0214×0661	59.64
cd	0641×073	63.14
cde	072×045	65.77
cdef	096×0638	67.73
	0621×0817	67.81
	0224×063	68.36
	0233×0643	69.81
	0638×083	71.93
cdefg	0644×0646	73.17
	0619×062	74.32
	0648×0815	75.54
	0640×094	75.98
	0634×077	76.20
	076×0641	76.73
	0619×083	77.01
	0638×076	77.42
defg	076×092	78.18
	087×0645	79.46
efg	096×083	82.38
fg	0634×081	85.01
g	072×0636	90.99

2016년의 교배조합별 종자 특성에 의한 Tukey HSD 다중범위 분석 결과, 종자생산능력은 17개 그룹으로 구분되었다(Table 16). 0233×0643(60.4)이 가장 낮았고 0644×0646(158.8)이 가장 높았으며 0644×087과 0214×0661이 0644×0646과 함께 최 상위 그룹에 속하였다. 성숙종자율은 14개 그룹으로 나누어졌다. 0644×087(32.56)이 가장 낮았고, 096×083(92.43)이 가장 높았다.

충실종자율은 4개 그룹으로 구분 되었으며, 075×0636(43.96)이 가장 낮았고 0638×083(97.7)이 가장 높았다. 충실종자율의 경우, 하위 그룹에 속하는 6개의 교배조합을 제외하고 모두 0638×083과 같은 상위 그룹에 포함되었다.

고사배주율은 14개 그룹으로 구분되었다. 096×083(7.57)이 가장 낮았으며 0644×087(67.4)이 가장 높았다. 종자효율은 14개 그룹으로 구분되었으며, 0644×087(29.35)이 가장 낮았고 096×083 (84.23)이 가장 높았다. 0640×094외 3개 조합이 0644×087과 같은 그룹에 포함되었다(Table 16).

2016년의 경우 종자생산능력이 높은 그룹의 교배조합이 성숙종자율, 충실종자율과 종자효율이 낮은 그룹에 포함되는 경향을 보였으나, 고사배주율은 높은 그룹에 포함되는 경향을 나타냈다.

Table 16. Multiple comparison for seed characteristics from cone analysis in 2016 by post-hoc Tukey HSD test ($p<0.05$).

(A) Seed potential in 2016

Group	Combination	Mean (seed)
a	0233×0643	60.40
ab	0619×083	67.20
abc	0641×073	70.00
abcd	087×0645	74.80
abcde	096×083	78.40
abcdef	0634×081	82.40
abcdefg	072×045	84.40
bcdefg	0648×0815	85.20
	075×045	88.00
bcdefg	075×0636	88.00
bcdefgh	0640×094	89.60
	072×0636	90.40
cdefgh	0224×063	92.00
	096×0638	92.80
	0619×062	94.40
defghi	0634×077	96.00
	076×0641	98.80
efghi	0614×0229	102.40
fghi	0621×0817	104.00
	0638×076	106.00
ghi	0638×083	108.40
	075×0641	108.40
hi	076×092	112.80
i	0214×0661	119.60
j	0644×087	155.20
	0644×0646	158.80

(B) Developed seed rate (%) in 2016

Group	Combination	Mean
a	0644×087	32.56
b	0214×0661	52.77
	075×045	54.30
bc	0644×0646	57.76
bcd	075×0641	64.27
bcde	0619×062	66.35
cdef	0638×076	71.45
defg	0634×077	74.18
defgh	076×092	75.39
	0614×0229	75.98
defghi	096×0638	79.33
efghi	0648×0815	81.41
	0638×083	81.81
	0621×0817	82.00
fghi	072×0636	82.42
	0619×083	82.51
	0224×063	83.06
	075×0636	83.59
	087×0645	83.99
	0233×0643	84.75
	076×0641	85.26
	072×045	85.35
ghi	0640×094	88.05
	0641×073	88.66
hi	0634×081	91.16
i	096×083	92.43

(C) Filled seed rate (%) in 2016

Group	Combination	Mean
a	075×0636	43.97
b	087×0645	73.57
bc	0619×062	85.20
	075×045	85.46
	0619×083	86.01
	0621×0817	86.39
c	0634×081	89.98
	0644×087	90.94
	0214×0661	91.08
	096×083	91.12
	0638×076	92.06
	072×045	92.51
	0641×073	92.71
	075×0641	93.56
	072×0636	93.73
	0640×094	93.82
	0644×0646	94.32
	0233×0643	94.98
	096×0638	95.14
	076×0641	95.36
	0634×077	95.42
	0224×063	95.82
	076×092	95.94
	0614×0229	97.21
	0648×0815	97.32
	0638×083	97.70

(D) Aborted ovule rate (%) in 2016

Group	Combination	Mean
a	096×083	7.57
ab	0634×081	8.84
abc	0641×073	11.34
	0640×094	12.16
abcd	072×045	14.65
	076×0641	14.74
	0233×0643	15.25
	087×0645	16.01
	075×0636	16.41
	0224×063	16.94
abcde	0619×083	17.49
	072×0636	17.58
	0621×0817	18.00
	0638×083	18.19
	0648×0815	18.59
abcdef	096×0638	20.66
bcdef	0614×0229	24.02
	076×092	24.61
cdef	0634×077	25.82
defg	0638×076	30.43
efgh	0619×062	33.65
fgh	075×0641	35.73
gh	0644×0646	42.23
	075×045	45.24
h	0214×0661	47.23
i	0644×087	67.44

(E) Seed efficiency (%) in 2016

Group	Combination	Mean
a	0644×087	29.35
ab	075×0636	36.91
abc	075×045	46.28
abcd	0214×0661	47.93
bcde	0644×0646	54.47
cdef	0619×062	56.94
cdefg	075×0641	59.94
cdefgh	087×0645	61.86
defghi	0638×076	65.98
efghi	0634×077	70.86
	0621×0817	71.13
	0619×083	71.39
	076×092	72.36
	0614×0229	73.88
fghi	096×0638	75.43
ghi	072×0636	77.34
	072×045	78.96
	0648×0815	79.30
hi	0224×063	79.53
	0638×083	80.00
	0233×0643	80.53
	076×0641	81.21
i	0634×081	82.00
	0641×073	82.12
	0640×094	82.51
	096×083	84.23

2014년부터 2016년까지 교배조합간 구과의 크기와 폭, 무게의 차이는 매년 비슷한 경향을 보였다. 하지만 해가 거듭할수록 크기는 커지면서 염성 및 비염성 인편은 증가하는 것으로 보여진다. 충실종자와 고사배주는 증가하며 비립종자는 감소하는 것으로 나타났다. 이에 따라 종자생산능력, 충실종자율 종자효율은 높아지는 것으로 나타났으나 고사배주율은 매년 비슷한 경향을 보였다.

종자 특성의 각 항목에 대하여 년도 간 교배조합 순위를 비교한 결과, 충실종자율과 종자효율의 경우 2014년에 하위 10% 그룹에 포함되었던 교배조합이 2016년에는 상위 10% 그룹에 포함되는 것으로 확인되었다.

2.3 유전력 추정

교배조합의 분산성분을 산출하여 광의의 유전력(broad sense heritability, h^2)을 추정한 결과, 구과길이는 최소 0.081(2016), 최대 0.651(2014)로 나타났으며, 구과폭은 최소 0.171(2015), 최대 0.759(2014) 그리고 구과무게는 최소 0.456 (2015), 최대 0.748(2014)로 나타났다(Table 17). 따라서 구과의 형태적 특성에서는 구과 길이가 가장 강한 유전적 영향을 받는 것으로 나타났고, 2014년도의 구과 형질이 가장 높은 유전력을 보였다.

종자특성의 유전력을 추정한 결과, 종자생산능력은 최소 0.328 (2015), 최대 0.528(2016), 성숙종자율은 최소 0.417(2016), 최대 0.699(2014)로 나타났다. 충실종자율의 유전력은 최소 0.214(2016), 최대 0.466(2014)이었으며, 고사배주율의 유전력은 최소 0.422(2016)

최대 0.746(2014)이었다. 그리고 종자효율의 유전력은 최소 0.538(2016), 최대 0.661(2015)로 추정되었다. 종자특성의 유전력은 대부분 0.5 이상으로 추정되어 강한 유전적 조절을 받고 있는 것으로 판단되었다.

Table 17. *F*-value, variance components and broad-sense heritability (h^2) based on the analysis of cone and seed for the studied years (2014~2016)

	2014				2015				2016			
	F	σ_c^2	σ_e^2	h^2	*F*	σ_c^2	σ_e^2	h^2	*F*	σ_c^2	σ_e^2	h^2
L	10.58***	19.1	10.2	0.651	12.84***	15.2	28.8	0.345	7.09***	201.3	2,292.9	0.081
Wd	19.43***	8.5	2.7	0.759	13.37***	7.2	34.7	0.171	10.65***	8.7	18.8	0.316
Wt	12.34***	20.9	7.0	0.748	12.39***	31.2	37.2	0.456	10.60***	37.9	30.0	0.558
SP	7.08***	125.8	207.0	0.378	4.42***	68.8	141.1	0.328	17.48***	293.2	262.1	0.528
DS (%)	11.63***	157.5	67.8	0.699	14.13***	113.0	55.0	0.672	10.52***	89.4	125.0	0.417
FS (%)	11.49***	159.8	182.8	0.466	7.50***	69.3	118.9	0.368	4.16***	53.0	162.5	0.246
AO (%)	16.96***	148.5	50.5	0.746	14.13***	154.8	145.5	0.515	10.63***	179.8	245.8	0.422
SE (%)	10.63***	180.3	134.1	0.573	13.57***	139.4	71.4	0.661	9.82***	182.7	157.1	0.538

*** : $p<0.001$

L : length (mm) and Wd : width (mm) and Wt : weight (g) of conelet, , respectively. SP : seed potential, DS : developed seed percentage (%), FS : filled seed rate (%), AO : aborted ovules rate (%), and SE : seed efficiency (%)

2.4 구과의 형태적 특성과 종자특성 간 상관

구과의 형태적 특성(길이, 폭, 무게)과 구과분석으로 도출된 종자특성(종자생산능력, 성숙종자율, 충실종자율, 고사배주율 및 종자효율) 간의 상호관계를 구명하기 위해 단순상관 분석과 순위상관 분석을 실시하였다. 단순상관과 순위상관 모두 구과의 형태적 특성 간 고도의 유의한 정의 상관을 보였다($p<0.05$) (Table 18).

단순상관 분석 결과, 2014년의 경우 구과의 길이, 폭, 무게와 충실종자율, 종자효율 간 유의한 정의 상관을 보였다($p<0.05$). 고사배주율과 구과의 길이와 폭, 무게 간에는 부의상관을 보였지만 유의하지 않았다($p>0.05$). 2015년의 경우 구과의 길이와 폭, 무게와 종자생산능력과 성숙종자율, 충실종자율, 종자효율 간에 정의 상관을 보였으나 유의하지 않았고($p>0.05$), 종자생산능력과 충실종자율 간 유의한 차이를 보였다($p<0.05$). 고사배주율과 구과의 길이와 폭, 무게 간에는 부의 상관을 보였으나 유의하지 않았다($p>0.05$). 2016년에는 구과의 폭과 충실종자율 간, 구과 무게와 충실종자율 간에 유의한 정의 상관을 보였다($p<0.05$). 성숙종자율과 구과의 길이, 폭 및 무게 간에는 정의 상관을 보였으나 유의하지 않았다($p>0.05$).

순위상관 분석 결과, 대부분 단순상관 분석과 그 결과가 유사했으나 2014년의 경우 고사배주율과 폭 간에 정의 상관을 나타냈으며, 종자효율과 고사배주율 간에 부의 상관을 보였지만 유의하지 않았다($p>0.05$). 2015년의 경우 충실종자율과 종자생산능력 간에 유의한 정의 상관을 나타냈다($p<0.05$). 2016년의 경우 충실종자율과

구과의 길이 간 유의한 정의 상관을 나타냈으며($p<0.05$), 성숙종자율과 구과의 폭, 무게 간에 정의 상관을 나타냈으나 유의하지 않았다 ($p>0.05$).

Table 18. Pearson's correlation coefficient (below the diagonal) and Spearman's correlation coefficient (above the diagonal) between cone and seed characteristics for the studied years (2014~2016).

(A) 2014

2014	L	Wd	Wt	SP	DS (%)	FS (%)	AO (%)	SE (%)
L	-	.679**	.622**	-.065	-.043	.358**	-.062	.287**
Wd	.667**	-	.500**	.070	.134	.375**	.012	.477**
Wt	.628**	.417**	-	.136	-.051	.341**	-.076	.117
SP	-.054	.035	.128	-	.576**	.320**	.193*	.185*
DS (%)	-.031	.122	-.074	.577**	-	-.017	-.055	.407**
FS (%)	.352**	.337**	.291**	.269**	-.100	-	.106	.535**
AO (%)	-.028	-.003	-.127	.180*	-.019	.106	-	-.014
SE (%)	.285**	.442**	.053	.214*	.376**	.533**	.020	-

(B) 2015

2015	L	Wd	Wt	SP	DS (%)	FS (%)	AO(%)	SE (%)
L	−	.518**	.759**	.221*	.069	.293**	−.073	.147
Wd	.584**	−	.901**	.452**	.035	.111	−.021	.040
Wt	.798**	.915**	−	.421**	.082	.210*	−.071	.113
SP	.217*	.449**	.404**	−	−.318**	.179*	.303**	−.075
DS (%)	.105	.041	.104	−.342**	−	.137	−1000**	.736**
FS (%)	.250**	.105	.191*	.152	.144	−	−.138	.708**
AO (%)	−.115	−.034	−.103	.306**	−.999**	−.148	−	−.731**
SE (%)	.131	.045	.122	−.095	.748**	.708**	−.745**	−

(C) 2016

2016	L	Wd	Wt	SP	DS (%)	FS (%)	AO(%)	SE (%)
L	−	.797**	.797**	.122	−.007	.214*	.050	.052
Wd	.783**	−	1.000**	.072	.008	.209*	.012	.082
Wt	.783**	1.000**	−	.072	.008	.209*	.012	.082
SP	.081	.081	.081	−	−.595**	.243**	.595**	−.400**
DS (%)	−.015	−.057	−.057	−.622**	−	.012	−.999**	.826**
FS (%)	.169	.210*	.210*	.211*	.007	−	−.019	.433**
AO (%)	.071	.088	.088	.618**	−.998**	−.028	−	−.824**
SE (%)	.014	.011	.011	−.437**	.829**	.455**	−.826**	−

* : p<0.05, ** : p<0.01

L : length (mm), Wd : width (mm), Wt : weight (g), SP : seed potential, DS : developed seed percentage (%), FS : filled seed rate (%), AO : aborted ovules rate (%), and SE : seed efficiency (%)

제5장 고 찰

1. 개화량 및 유구과 생산량 변이

곰솔 2세대 채종원의 개화량과 유구과 생산량 변이에 대한 Tukey HSD 다중범위 검정 결과, 조합별 암꽃 개화량의 경우 매년 5개 그룹으로 나누어졌다. 조사 년도 모두 조합별 개화량의 차이가 크지 않았으며, 대부분의 교배조합이 중간 그룹에 포함되었다. 수꽃 개화량의 경우 2015년에는 5개 그룹, 2016년에는 11개 그룹으로 나누어졌다. 수꽃 개화량의 경우 암꽃에 비해 조합 간 차이가 크게 나타났다. 유구과 생산량의 경우 2015년에는 9개 그룹, 2016년에는 7개 그룹으로 나누어졌으며, 2016년의 경우 17개 교배조합이 모두 하나의 동일한 그룹에 포함되었다.

이상의 연구결과는 동일 수종에서 클론 간 암꽃에 비해 수꽃 개화량의 변이 폭이 크고, 년도 간 풍흉의 차이는 있었으나 비교적 안정된 개화특성을 보였다는 연구결과(김규식, 1989; 유세걸, 2000; 한상억 등, 2001b)와 유사했다. 개화량에 대한 교배조합 순위의 반복성은 명확하지 않았으나, 0619×083의 암꽃 개화량이 조사년도 간 가장 낮은 것으로 확인 되었으며, 암꽃 개화량 평균이 하위 그룹에 포함된 조합은 다음해 유구과 생산량 또한 낮은 경향을 보였다.

채종원 내에 매년 개화가 많이 되는 조합이 있다면 개량종자 생산 측면에서는 유리할 것이다. 하지만 임목은 결실주기에 따라 개화량이

크게 좌우되며(김인식 등, 2008), 채종원내 일부 개체의 개화량이 지나치게 많을 경우 년도별 그리고 조합별로 생산된 종자의 유전다양성은 감소하게 될 것이다. 따라서 곰솔 2세대 채종원내 개화량과 유구과 생산량에 대한 정보를 지속적으로 축적하여 조합별 개화량 및 개화주기와 유구과 생산량 간의 관계를 정확하게 확인 할 필요가 있을 것으로 판단된다.

개화량과 유구과 생산량에 대한 분산분석을 실시한 결과, 모든 조사년도에서 조합 간 고도의 유의차가 인정되었다. 또한 분산성분을 산출하여 광의의 유전력을 추정한 결과, 2015년에는 수꽃과 유구과의 유전력이 암꽃의 유전력보다 높게 나타났으며, 2016년에는 암꽃의 유전력이 수꽃과 유구과의 유전력 보다 높게 나타났으나 동일 수종에서의 연구 결과(김규식, 1989; 한상억 등, 2001b)와 다른 침엽수종의 연구 결과(Bilir et al., 2006; Choi et al., 2004; Hannerz et al., 2001)를 비교했을 때 전반적으로 수꽃의 유전력이 암꽃의 유전력보다 높게 나타났다는 연구 결과와 유사하였다.

현재까지 소나무류의 개화 및 결실에 대한 특성은 주로 강한 유전적 조절을 받아 유지되는 것으로 보고되었으며, 선발육종을 통한 개량의 가능성이 있다고 알려져 있다. 하지만 본 연구의 결과와 같이 개화량에 대한 유전력은 고정된 값이 아니며, 기후인자의 영향이나 결실주기 그리고 클론(조합)별 개화량 변이에 따라 같은 장소에 조성된 임분 내에서도 그 추정치가 달라질 수 있다(Nikkanen and Ruotsalainen, 2000). 따라서 곰솔 2세대 채종원에서 개화량에 대한 유전력을 이용하여 조합을 선발할 경우, 환경조건이나 조합별 개화량 변이에 대한

지속적인 모니터링을 통하여 육종목적에 맞는 적절한 선발이 필요할 것으로 판단된다.

채종원에서 각 조합이 차대(종자)를 생산하는 과정에서 얼마만큼 균일하게 기여하는가를 추정한 parental-balance curve를 분석한 결과, 개화량 및 유구과 생산량에 대한 조합 간 기여율의 차이는 크지 않았다. 이 결과는 동일 수종에 대한 연구(김규식, 1989; 한상억 등, 2001a; 한상억 등, 2001b)와 일치 하였으며, 소나무나 잣나무 등 다른 침엽수종과 비교했을 때(한상억 등, 2001c; 한상억 등, 1997) 곰솔 2세대 채종원내 채종목의 경우 특정 조합에 의해 편중되는 현상이 비교적 낮은 것으로 판단되었다. 따라서 본 연구의 채종원 내 기여도는 소수 조합에 의해 편중되지 않고 전반적으로 균일한 것으로 판단된다.

천연집단 또는 육종집단에서 유효집단의 크기가 충분히 크다면, 상가적 유전변이(additive genetic variation)가 중요한 선발기준으로 사용될 수 있고, 육종에 의하여 개량하고자 하는 형질은 지속적으로 향상될 수 있다. 유효집단크기를 추정하기 위해서는 유전적 관계(genetic relatedness)나 앞서 언급한 배우자 기여도 변이(gametic contribution variation) 등을 이용하는데, 클론(조합) 간 유전적 유연관계가 낮고 배우자 기여도가 균일할 때 높게 추정되며(Kang, 2001), 곰솔 육종집단의 경우 수형목 클론의 개화 기여도 변이를 이용한 상대 유효클론수를 0.90로 보고한 바 있다(신준환 등, 2006).

본 연구에서 유효집단크기는 교배조합 간 개화량 및 유구과 생산량에 대한 변이계수(CV)로부터 계산된 형매계수(sibling coefficient, Ψ)를 이용하여 추정하였다. 형매계수는 채종원과 같은 육종집단에서 모든

유전자형에 대한 생식력(fertility, 기여도)을 조사했을 때 모수 간 생식력 변이가 어느 정도 있는지 표현하는 수리학적 계수이며, 생식력 변이에 따른 반형매 또는 전형매 개체의 발생 확률을 의미한다. 즉, 분모(CV+1)가 1이라면 개체 간에 균일한 생식력이 있는 상태라고 할 수 있으며, 생식력 변이(CV)가 존재할 때 그 값은 1보다 커지게 되어 형매 개체의 생산이 증가하게 된다. 이러한 형매계수는 변이계수로부터 쉽게 구할 수 있다($\Psi = CV^2 + 1$) (Kang, 2001).

총 26개 교배조합으로 구성된 곰솔 2세대 채종원의 암꽃과 수꽃 그리고 유구과 생산량에 대한 상대유효집단크기를 추정한 결과, 2015년의 수꽃과 유구과를 제외하고 모두 0.90보다 높게 추정되었다. 이것은 채종원의 유효집단크기는 개화량과 유구과 생산량이 많을수록 높게 추정되었다는 결과(El-Kassaby and Cook, 1994; Kjær and Erik. D., 1996; Reynolds and El-Kassaby, 1990)와 일치하였다.

조합별 재적생장과 암 · 수꽃 개화량, 유구과 생산량 간의 단순상관 및 순위상관을 분석한 결과, 모든 조사년도에서 개화량 및 유구과 생산량 간에는 유의한 정의 상관을 보였다. 하지만 재적생장 지수와 개화량 및 유구과 생산량 간에는 2016년 수꽃 개화량만 유의한 정의 상관을 보였고, 나머지는 항목 간에는 유의하지 않아 상호 독립적임을 알 수 있었다. 따라서 추후 26개 조합으로 진전세대 채종원 조성을 위하여 육종재료를 선발하거나 차대검정 결과에 의해 유전간벌을 실시할 때 재적생장을 우선적으로 고려한 후 개화 및 유구과 생산량을 동시에 고려하는 다형질 선발(multi-trait selection)이 효율적일 것으로 판단된다.

소나무의 경우 접목 10년 전후를 어린 단계에서 성숙 단계로 전이되는 시기라고 추정하고 있다(한상억 등, 2001c). 본 연구 대상지인 곰솔 2세대 채종원의 경우 또한 2006년에 조성되어, 소나무와 유사하게 조사 당시 어린 단계에서 성숙 단계로 전이되는 시기라고 판단된다. 이에 따라 개화량과 유구과 생산량에도 영향을 미쳤을 것으로 생각되며, 개화량 및 유구과 생산에 대한 년도별, 조합별 특성은 기후인자와 결실주기 그리고 채종목의 수령까지 고려하여 다년간에 걸친 조사와 분석이 필요할 것으로 사료된다.

본 연구에서는 외부로부터의 유전자 이입(gene migration) 즉, 화분 오염에 대한 조사는 이루어 지지 않았다. 외부로부터 유입된 화분은 채종원산 종자의 개량효과를 저하시키는 주요 인자이다. 하지만 화분오염은 채종원 집단으로의 추가적인 유전자 이입이므로 종자의 유전다양성이 높아질 수 있다(Kang and El-Kassaby 2002). 따라서 채종원내 개화량에 대한 조사 뿐만 아니라 추후 외부로부터 유입된 화분수에 대한 연구 또한 수행되어야 채종원산 종자의 개량효과 및 유전다양성에 대한 정확한 추정이 이루어 질 것으로 사료된다.

2. 구과분석 및 종자특성

채종원산 종자는 임업에 있어 중요한 번식재료이므로 조림지에서 경영목적에 부합하는 형질을 획득하고 유지하는 것 뿐만 아니라, 벌기령에 이르는 기간 동안 생존과 적응성의 문제까지 고려하여 개량되어야 한다. 따라서 선발과 교배를 통한 개량효과 증진과 유전다양성의 확보가

중요하며, 안정적인 수급을 위한 정확한 종자 생산량의 예찰이 필요하다.

채종원산 종자의 품질은 모수에서 차대로 유전되는 형질과 관련된 유전적 품질, 종자의 생리적 상태와 관련된 생리적 품질, 그리고 물리적 품질로 나눌 수 있다(Kim et al., 2006). 채종원산 종자의 개량효과와 생산량 증대에 관여하는 주요 인자로는 채종목의 생장 인자, 개화·수분·결실 인자, 구과의 병해충 피해 및 근친교배(inbreeding) 등이 있다.

미국 농무성 산림청에서는 loblolly pine (*Pinus taeda*), virginia pine (*P. virginiana*), shortleaf pine (*P. echinata*) 및 slash pine (*P. elliottii*) 등에 대한「구과분석 지침서」를 작성하고, 주기적인 구과분석 및 종자특성 분석을 통해 채종원에서의 종자생산성, 종자품질 및 채종원 관리상태를 종합적으로 진단하고 있다(권용락 등, 2011) (부록 3). 미국 농무성 산림청의 구과분석 지침서(Bramlett et al., 1977) 에 따라 곰솔 2세대 채종원(2014~2016)에서 산출된 종자생산효율은 조사년도 모두 적용 기준수치(55)보다 높아 채종원 관리가 양호한 것으로 나타났다.

구과 해충과 수분 문제의 가능성을 확인 할 수 있는 첫 해 및 둘째 해 고사배주는 매년 차이를 보였으나 년도별 합산 평균 22.5%로 나타났다. 이 결과는 미국 농무성의 지침서 기준으로 볼 때, 충해나 화분 부족의 가능성을 검토하고 개선대책을 마련해야 하는 수준에 해당한다. 구영본 등(1993)의 연구 결과에 따르면 침엽수류 채종원에 있어서 가장 문제가 되는 것은 구과 해충에 의한 것이었다. 본 연구의 고사배주율이 높게

나타난 원인 중 하나로 구과 해충의 가능성 또한 배제할 수는 없다. 하지만 본 연구 대상지의 경우 주기적으로 병충해에 대한 방제가 이루어지는 곳이며, 성숙 종자 내 곤충과 곰팡이 등에 의한 피해는 관찰되지 않았다. 따라서 고사배주율이 높게 나타난 원인은 앞서 언급한 것과 같이, 조사 당시 곰솔 2세대 채종원내의 채종목이 유령기에서 성숙기가 되는 시기의 영향으로 암꽃의 개화량에 비해 수꽃의 개화량이 안정되지 못하여 나타난 현상으로 추정된다.

충실종자율은 2014년 77.6%, 2015년 84.2% 그리고 2016년 90.1%로 평균 약 84%로 추정되었다. 이 또한 미국 농무성의 기준으로 종자 가해유충의 피해 가능성이나 자배에 따른 문제로 분석될 수 있으나, 앞에서 언급한 것과 같이 종자 가해유충의 피해 가능성 보다는 근친교배에 따른 열성 동형접합 비율의 증가로 인한 근교약세로 충실종자율이 낮아진 결과로 판단되며, 이것은 곰솔 1세대 채종원에서의 교배양식이 일반적인 침엽수류와 같이 높은 근교약세를 나타냈다는 연구결과(김영미 등, 2012)에 부합하였다.

종자 특성에 대한 분산분석 및 유전력 추정 결과, 조합 간 통계적으로 고도의 유의성이 인정되었으나, 년도별 연관성은 부족하였다. 하지만 조사 항목의 유전력 관측치가 대부분 0.5 이상으로 강한 유전적 조절을 받고 있는 것으로 나타났으므로 추후 유전간벌이나 개체 선발 시 유용할 것으로 사료된다.

교배조합 간 구과의 형태에 대한 Tukey HSD 다중범위 분석에서는 조합간 평균차가 있었지만, 구과의 길이와 폭 및 무게가 상위 그룹에

속한 교배조합의 순위가 대부분 일치하는 경향을 나타냈으며 조사년도 간 유사했다.

종자 특성에 대한 조합별 Tukey HSD 다중범위 분석 결과, 2014년의 성숙종자율과 종자효율이 높은 그룹에 속한 조합들이 대부분 종자생산능력과 충실종자율, 고사배주율이 낮은 그룹에 속해있었다. 2015년의 경우, 성숙종자율, 충실종자율, 종자효율이 낮은 그룹에 속한 교배조합이 대부분 고사배주율이 상위그룹에 속하는 경향을 나타냈다. 2016년의 경우 종자생산능력이 높은 그룹의 교배조합이 성숙종자율, 충실종자율, 종자효율이 낮은 그룹에 포함되는 경향을 나타냈다.

종자 특성의 각 항목에 대하여 교배조합을 비교한 결과, 년도 간 뚜렷한 반복성은 확인하기 어려웠다. 하지만 충실종자율과 종자효율의 경우 2014년에 하위 10% 그룹에 해당하는 교배조합이 2016년에는 상위 10% 그룹에 포함되는 것이 확인되었다. 따라서 충실종자율과 종자효율의 경우 해거리 영향을 받는 것으로 판단하였으며, 2015년의 경우도 같은 현상을 보이는지에 대한 추가 연구가 이루어져야 할 것으로 판단된다.

단순상관 및 순위상관 분석 결과, 모든 조사 년도에서 구과 길이, 폭 및 무게 간에 유의한 정의 상관을 보였다($p<0.05$). 구과의 형태적 특성과 종자 특성 사이의 상관 관계는 대체로 구과의 형태(길이, 폭, 무게)가 우수할수록 종자생산능력이 뛰어났다. 또한, 종자생산능력과 종자효율이 높을수록 성숙종자수는 많아지며 고사배주율이 감소하는 경향을 보였는데, 이 결과는 잣나무와 Jack pine에서 충실종자율과

종자효율이 높은 정의 상관관계가 있다는 보고와 유사했다(Han et al., 1999; Todhunter and Polk, 1981).

본 연구에서는 교배조합별 최종 구과생산량, 즉 착과수에 대한 조사는 이루어지지 않았다. 잣나무의 경우, 구과의 착과수가 많아질 때 종자생산능력, 충실종자율, 종자무게, 종자효율 등과 같이 종자 생산성과 관련된 지표의 수치가 낮아지는 경향을 나타내는 연구 결과가 보고된 바 있다(김인식과 허성두, 2013). 곰솔의 경우에도 구과가 다량 착과되는 년도에 종자 생산량은 우수할 수 있지만 종자의 균일성 및 품질이 저하될 가능성이 나타날 수 있다. 따라서 구과분석 정보와 더불어 구과의 착과량에 대한 정보 또한 추가적으로 고려해야 할 필요가 있을 것으로 사료되었다.

제6장 결 론

본 연구는 곰솔 2세대 채종원에서 암·수꽃 개화량 및 유구과 생산량의 교배조합 간 년도별 변이, 구과와 종자의 특성을 분석하여 채종원산 종자의 유전 다양성을 추정함으로써 궁극적으로는 개량종자의 안정적인 생산과 공급을 위한 채종원의 효율적인 관리 및 향후 진전세대 채종원 조성을 위한 기초 자료를 제공하는데 그 목적이 있다.

암·수꽃 개화량과 유구과 생산량 변이를 분석한 결과, 년도별 그리고 교배조합 간에 생산량의 차이가 존재했다. 따라서 암꽃과 수꽃의 개화가 풍년인 해에 결실된 종자를 채취하는 것이 유전다양성을 높이는 방법이 될 것으로 사료되며, 유전간벌과 진전세대를 위하여 육종을 할 때 선발 지표로 활용할 수 있을 것으로 판단된다.

암·수꽃 개화량과 유구과 생산량에 대한 교배조합의 분산성분 및 유전력을 추정한 결과, 대부분 적정한 수치를 보였으나 년도별, 조합별로 차이가 일부 존재하였다.

생장특성과 개화량 그리고 유구과 생산량 간 상관분석 결과, 개화량과 유구과 생산량 간에는 유의한 정의 상관을 보였으나 생장특성과 개화량, 유구과 생산량 간에는 유효 상관을 보이지 않았다. 조사 당시 곰솔 2세대 채종원에 식재된 8~10년생 접목묘의 경우 어린 단계에서 성숙 단계로 전이되는 시기라고 생각되며, 분석 결과에도 영향을 미쳤을 것으로 사료된다. 따라서 개체의 크기 보다는 수령에 따른 지속적인 관찰이 필요할 것으로 판단된다.

구과 및 종자 특성을 분석한 결과, 조사 년도 간에 충실종자율 등 종자품질에 차이가 존재하였고 이것은 채종목의 개화량 및 교배양식과 관계가 있는 것으로 판단된다. 구과와 종자 특성에 대한 유전력 추정 결과, 대부분 높은 추정치를 나타냈으므로, 종자 품질을 측정하거나 진전세대를 위하여 육종을 할 경우 활용이 가능 할 것으로 사료된다.

채종원과 같이 개량종자의 생산을 목적으로 하는 종자 생산집단의 경우, 클론 간 종자 및 화분 생산량은 균일할 것이고 화분은 채종원 내 채종목으로부터만 생산될 것으로 가정하지만 실제로는 자가교배 등에 의한 근교약세, 유전적으로 불량한 화분의 유입 등이 존재하여 채종원산 종자의 유전적 가치를 떨어뜨리게 된다. 따라서 곰솔 2세대 채종원에서 개량효과를 증진시키기 위해서는 생장 및 종자 품질이 우수한 조합의 구과를 선택적으로 채취를 하는 방법(선택적 구과채취)과 낮은 유전적 가치를 지닌 조합을 제거한 후 남은 우량 개체로부터 종자를 생산하는 방법(유전간벌), 종자 생산량(균일성)을 조절하기 위한 적과 처리 등 다각적인 대안 마련이 필요할 것으로 판단된다.

금후 곰솔 2세대 채종원을 구성하고 있는 채종목의 암·수꽃 개화시기, 결실주기성, 화분오염도, 자배율, 착과율 등 채종원산 종자의 유전적 품질에 영향하는 인자에 대한 연구 또한 지속적으로 수행되어야 할 것이다.

참고 문헌

강규석, 김원우, 강병서, 한상억, 김장수. 2003. 삼나무 및 편백 채종원에서 클론간 개화량 변이와 유전다양성. 한국임학회 정기학술발표논문집. 257-259.

강규석, 장경환, 박유헌, 김장수, 한상억, 김태수. 2002. 소나무, 해송 및 잣나무 채종원에서 개화량 변이 및 종자의 유전다양성. 한국작물학회 · 한국육종학회 · 한국약용작물학회 공동심포지엄. 108-108.

강동훈. 2012. 소나무와 곰솔의 형태·해부학적 특성과 온도환경에 따른 치수의 생리적 반응에 관한 연구. 원광대학교 대학원 석사학위논문. 전북. 40 pp.

구영본, 이위영, 조동광. 1993. 잣나무 클론보존원의 유구과 낙과 및 구과해충 피해에 의한 종자손실. 임육연보. 29: 135-139.

권용락, 서명원, 이경미, 김용율, 조경진, 황의식. 2011. 구과분석에 의한 잣나무 (*Pinus koraiensis*) 3 개 채종원의 종자생산 진단. 산림과학 공동학술발표논문집. 1038-1041.

김규식. 1989. 海松 採種園에서 開花. 配偶者 生産의 遺傳的 均一率 및 種子效率에 關한 硏究. 서울대학교 대학원 석사학위논문. 서울. 34 pp.

김남호. 2015. 경제수의 개량종자보급을 위한 채종원 조성 방안에 관한 연구. 강원대학교 대학원 석사학위논문. 강원. 52 pp.

김영미. 2015. nSSR 표지를 이용한 안면도 지역 곰솔(*Pinus thunbergii*) 채종원과 자연집단의 교배양식 구명. 충북대학교 대학원 박사학위논문. 충북. 183 pp.

김영미, 홍경낙, 박유진, 홍용표, 박재인. 2015. nSSR 표지를 이용한 안면도지역 곰솔 채종원과 자연집단의 교배양식 유전모수 연간 변이. 2015 한국육종학회 차세대 BG21 사업단 GSP 사업단 공동심포지엄. 144.

김영미, 홍용표, 안지영, 양병훈, 강진택, 이제완. 2012. 안면도 해송 채종원 교배양식. 산림과학 공동학술발표논문집, 1064-1065.

김인식, 김종한, 강진택, 이병실. 2008. 낙엽송 클론의 암꽃 개화량 변이. 한국자원식물학회지. 21(1): 1-4.

김인식, 허성두. 2013. 잣나무 채종원에서 구과 착과수에 따른 구과 및 종자특성. Korean J. Plant Res. 26(1): 1-8.

노의래, 현정오, 김규식, 강규석, 이병실, 장용석, 김태훈, 현금석, 엄정애. 2010. 임목 선발육종. 국립산림품종관리센터. 충북.

박준형, 이광수, 유병오, 강영제, 유석봉, 정수영, 배은지. 2013. 한국 남부권역 곰솔 임분의 식생구조 및 생장 특성. Journal of Agriculture and Life Science. 47(5): 135-145.

산림청. 2016. 채종원 및 시험림현황. http://www.forest.go.kr (2016.12.1)

손두식, 박상준, 황재우. 1990. 소나무 및 곰솔의 수지구지수에 (樹脂溝脂數) 따른 침엽, 구과 (毬果) 및 종자의 형태적 특성과 동위효소의 변이. 한국임학회지. 79(4):424-430.

신준환 외 34명. 2006. 임목육종 50년. 국립산림과학원. 서울. 11-71.

오창영, 강규석, 최완용, 한상억, 김장수. 2007. 영양생장과 생식생장간 상관을 고려한 잣나무 채종원 관리 방안. 한국육종학회지. 39(4): 419-426.

유세걸. 2000. 해송 clone 채종원에서 clone 별 개화특성. 충북대학교 석사학위논문. 충북. 32 pp.

종묘사업 실시요령. 1995. 산림청 예규 제427호.

한상억, 강규석, 전병환, 김장수. 2007. 해송 수형목 풍매차대의 수고, 직경, 재적생장에 대한 유전력 및 개량효과. 한국육종학회지. 39(1): 15-19.

한상억, 김장수, 강규석, 오창영. 2007. 개량종자 생산을 위한 채종원 조성 및 관리. 국립산림과학원. 서울. 138 pp.

한상억, 김태수, 최완용, 송정호, 장경환. 2001a. 해송 채종원 (採種園) 에서 개화특성 (開花特性) 에 의한 유효집단수 (有效集團數) 및 성적불균형도 (性的不均衡度) 추정 (推定). 한국육종학회 학술발표회 발표요지. 33(1): 160-161.

한상억, 박유헌, 허성두, 윤양, 최완용. 2000. 잣나무 채종원의 개량종자 생산. 韓國作物學會誌 第 45 卷 別冊 1 號. 45(1): 208-209.

한상억, 오창영, 강규석, 김장수. 2009. 용재수종의 유전검정 시험. 국립산림과학원. 서울. 190 pp.

한상억, 최완용, 장경환, 김태수, 송정호. 2001b. 해송 채종원에서 개화특성의 클론 변이. 한국임학회지. 90(6): 717-724.

한상억, 최완용, 장경환, 이봉수. 2001c. 소나무 채종원에서 개화특성에 의한 유효 집단수 및 성적 불균형도 추정. 한국육종학회지. 33(1): 29-34.

한상억, 최완용, 탁우식. 1997. 잣나무 클론의 개화특성변이. 한국육종학회지. 29(1):139-144.

황용, 조민정, 이정호. 2013. 한국산 곰솔 (*Pinus thunbergii*) 품종에 대한 연구. 한국산림휴양학회 학술발표회 자료집. 1051-1053.

Bilir, N., Prescher, F., Ayan, S., Lindgren, D. 2006. Growth characters and number of strobili in clonal seed orchards of Pinus sylvestris. Euphytica. 152(2): 1-9.

Bonner, F. T., Karrfalt, R. P. 2008. The woody plant seed manual. United State Department of Agriculture Forest Service. Washington, D.C. 809-847

Bramlett, D. L., Belcher Jr, E. W., DeBarr, G. L., Hertel, G. D., Karrfalt, R. P., Lantz, C. W., Miller, T., Ware, K. D., Yates III, H. O. 1977. Cone analysis of southern pines - A guide book. US Department of Agriculture, Forest Service, Southeastern Forest Experiment Station Asheville, NC; Southeastern Area, State and Private Forestry Atlanta, Georgia. 3-23.

Burczyk, J. 1996. Variance effective population size based on multilocus gamete frequencies in coniferous populations: an

example of a Scots pine clonal seed orchard. Heredity. 77: 74-82.

Burczyk, J., Adams, W. T., Shimizu, J. Y. 1996. Mating patterns and pollen dispersal in a natural knobcone pine (*Pinus attenuata Lemmon.*) stand. Heredity. 77(3): 251-260.

Choi, W. Y., Hattemer, H. H., Chung, H. G. 1999. Estimation of sexual asymmetry based on effective population number by flowering assessment and its application to an observed data from *Pinus densiflora* clonal seed orchard. FRI. J. For. 61: 33-42.

Choi, W. Y., Kang, K. S., Han, S. U., Hur, S. D. 2004. Estimation of heritabilities and clonal contribution based on the flowering assessment in two clone banks of *Pinus koraiensis* Sieb. et Zucc. Proceedings of USDA Forest Service. 172-180.

Critchfield, W. B., Little, E. L. 1966. Geographic distribution of the pines of the world, vol. 991. United State Department of Agriculture Forest Service. Washington, D.C. p. 67.

El-Kassaby, Y. A., Cook, C. 1994. Female reproductive energy and reproductive success in a Douglas-fir seed orchard and its impact on genetic diversity. Silvae Genetica. 43(4): 243-245.

Erickson, V. J., Adams, W. T. 1989. Mating success in a coastal Douglas-fir seed orchard as affected by distance and floral

phenology. Canadian Journal of Forest Research. 19(10): 1248-1255.

Funda, T. 2012. Population genetics of conifer seed orchards. Ph, D, Dissertation. University of British Columbia. Canada. 165 pp.

Funda, T., Lstibůrek, M., Lachout, P., Klápště, J., El-Kassaby, Y. A. 2009. Optimization of combined genetic gain and diversity for collection and deployment of seed orchard crops. Tree Genetics and Genomes. 5(4): 583-593.

Ghimire, B., Kim, M. Y., Lee, J. H., Heo, K. 2014. Leaf anatomy of *Pinus thunbergii* Parl. (Pinaceae) collected from different regions of Korea. Korean J. Pl. Taxon. 44(2): 91-99.

Griffin, A. R. 1982. Clonal variation in radiata pine seed orchards, 1. Some flowering, cone and seed production traits. Australian Forest Research. Australia. 295-302.

Han, S. U., Yoo, S. K., Ching, H. G. 1999. Estimates of Seed Production Efficiency by Cone Analysis in Korean Pine(*Pinus koraiensis* S. et Z.) Seed Orchard. FRI. J. For. Sci. 61: 27-32.

Hannerz, M., Aitken, S. N., Ericsson, T., Ying, C. C. 2001. Inheritance of strobili production and genetic correlation with growth in lodgepole pine. Forest Genetics. Slovak Republic. 8: 323-329.

Kang, K. S. 2000. Clonal and annual variation of flower production and composition of gamete gene pool in a clonal seed orchard of *Pinus densiflora*. Canadian journal of forest research, 30(8): 1275-1280.

Kang, K. S. 2001. Genetic gain and gene diversity of seed orchard crops. Ph, D, Dissertation, Acta University Agriculturae Suecuae. Sweden. Silvestria 187: 8-75.

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.

Kim, G. T. 1991. Effects of artificial acid rain on seed germination and seedling growth of several conifers (1). Journal of Korean Forestry Society. 80(2): 1-8.

Kim, I. S., Kim, J. H., Jang, K. H. 2006. The strategy to massedly produce and systematically supply of superior seed in seed orchard. Korea Forest Seed and Variety Center, Korea Forest Seed and Variety Center. Chung-buk, Korea Republic. 36 pp.

Kim, K. T. 1992. Effects of artificial acid rain on seed germination radicle growth and seedling growth of several woody species. Journal of Korean Forestry Society. 81(1): 30-39.

Kjær, Erik, D. 1996. Estimation of effective population number in a *Picea abies*(Karst.) seed orchard based on flower assessment. Scandinavian Journal of Forest Research. 11(1-4): 111-121.

Lee, K. J., Lee, J. S., Lee, J. J., 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.

Lee J. H., Kwon O. W., Woo H. J., Cho M. J., and M. Y. Kim. 2012. A study on ecology and vegetationat the growing district of *Pinus thunbergii* Parl. Jour. Korean For. Soc. 2012: 1116-1118.

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

Lindgren, D., Mullin, T. J. 1998. Relatedness and status number in seed orchard crops. Canadian Journal of Forest Research, 28(2): 276-283.

Matziris, D. l. 1993. Variation in cone production in a clonal seed orchard of black pine. Silvae Genetica, 42: 136-136.

Mitton, J. B. 1992. The dynamic mating systems of conifers. New Forests. 6(1-4): 197-216.

Nikkanen, T., Ruotsalainen, S. 2000. Variation in flowering abundance and its impact on the genetic diversity of the seed crop in a Norway spruce seed orchard. Silva Fennica. 34(3): 205-222.

O'Connell, L. M., Viard, F., Russell, J., Ritland, K. 2001. The mating system in natural populations of western red cedar (*Thuja plicata*). Canadian Journal of Botany. 79(6): 753-756.

Pakkanen, A., Nikkanen, T., Pulkkinen, P. 2000. Annual variation in pollen contamination and outcrossing in a *Picea abies* seed orchard. Scandinavian Journal of Forest Research. 15(4): 399-404.

Reynolds, S., El-Kassaby, Y. A. 1990. Parental balance in Douglas-fir seed orchards-cone crop vs. seed crop. Silvae Genet. 39: 40-42.

Schmidtling, R. C. 1983. Genetic variation in fruitfulness in a loblolly pine (*Pinus taeda* L.) seed orchard. Silvae Genet. 32: 76-80.

Shiraishi, Susumu. 2011. An identification system using multiplex allele-specific PCR assay in the Japanese black pine (*Pinus thunbergii* Parl.). Breeding science. 61(3): 301-306.

Spittlehouse, D. L., Stewart, R. B. 2004. Adaptation to climate change in forest management. Journal of Ecosystems and Management. 4(1): 1-11.

Suharyanto, Nose, M., Shiraishi, S. 2012. Characterization of 14 anonymous nuclear loci in *Pinus thunbergii* and their cross-species transferability. Journal of Forestry Research. 23(1): 161-163.

Suharyanto, Shiraishi, S. 2011. Nucleotide diversities and genetic relationship in the three Japanese pine species; *Pinus thunbergii*, *Pinus densiflora*, and *Pinus luchuensis*. Diversity. 3(1): 121-135.

Templeton, G. F. 2011. A two-step approach for transforming continuous variables to normal: implications and recommendations for IS research. Communications of the Association for Information Systems. 28(4): 41-58.

Toda, T., Terada, K. 2001. Forest tree breeding project (3)-breeding project for resistant to pine wood nematode. For. Tree. Breed. 198: 39-43.

Todhunter, M. N., Polk, R. B. 1981. Seed and cone production in a clonal orchard of jack pine (*Pinus banksiana*). Canadian Journal of Forest Research. 11(3): 512-516.

Wang, J., Santiago, E., Caballero, A. 2016. Prediction and estimation of effective population size. Heredity. 117(4): 193-206.

부 록

1. 구과분석 항목

Cone analysis items	Classification
Cone morphology	Cone length (mm) Cone width (mm) Cone weight (g)
Seed characters	Filled seeds Damaged seed Empty seeds First-year aborted ovules Second-year aborted ovules
Cone analysis	[a] Seed potential [b] Developed seeds [c] Percent of developed seeds [d] Percent of filled seeds [e] Percent of damaged seeds [f] Percent of empty seeds [g,h] Percent of aborted ovules [I] Seed efficiency

^{a}Seed potential = Fertile scale × 2

^{b}Total developed seeds = Filled seeds + Empty seeds + Damaged seeds

$^{c}\text{Percent of developed seeds} = \frac{\text{Total developed seeds}}{\text{Seed potential}} \times 100$

$^{d}\text{Percent of filled seeds} = \frac{\text{Filled seeds}}{\text{Total developed seeds}} \times 100$

$^{e}\text{Percent of damaged seeds} = \frac{\text{Dmaged seeds}}{\text{Total developed seeds}} \times 100$

$^{f}\text{Percent of empty seeds} = \frac{\text{Empty seed}}{\text{Total deveoped seeds}} \times 100$

$^{g}\text{Percent of first year aborted ovules} = \frac{\text{First year aborted ovules}}{\text{Seed potential}} \times 100$

$^{h}\text{Percent of second year aborted ovules}$

$$= \frac{\text{Second year aborted ovules}}{\text{Seed potential}} \times 100$$

$$^{i}\text{Seed efficiency} = \frac{\text{Total filled seeds}}{\text{Seed potential}} \times 100$$

2. 곰솔 2세대 채종원 년도별 구과분석 결과

(A) 2014년 결과

Combination	Seed potential	Aborted ovules	Aborted ovules (%)	Developed seed			Filled seed (%)	Seed efficiency (%)
				Total	Empty seed	Filled seed		
0214x0661	70	13.6	19.4	56.4	12	44.4	78.7	63.4
0224x063	83.2	15	18	68.2	12.2	56	82.1	67.3
0233×0643	71.2	10.2	14.3	61	10.8	50.2	82.3	70.5
0614×0229	114	34.4	30.2	79.6	5.6	74	93	64.9
0619×062	90.4	25.4	28.1	65	10.6	54.4	83.7	60.2
0619×083	87.6	25.2	28.8	62.4	11.6	50.8	81.4	58
0621×0817	91.2	17.6	19.3	73.6	11.4	62.2	84.5	68.2
0634×077	105.2	33.8	32.1	71.4	14.2	57.2	80.1	54.4
0634×081	61.6	13.6	22.1	48	14.2	33.8	70.4	54.9
0638×076	69.2	6.4	9.2	62.8	17.6	45.2	72	65.3
0638×083	88.8	22.2	25	66.6	14.8	51.8	77.8	58.3
0640×094	79.2	14.4	18.2	64.8	13.4	51.4	79.3	64.9
0641×073	73.2	15	20.5	58.2	7.4	50.8	87.3	69.4
0644×0646	66	9	13.6	57	50.4	6.6	11.6	10
0644×087	78.4	20	25.5	58.4	5.8	52.6	90.1	67.1
0648×0815	60.8	33.2	54.6	27.6	10.6	17	61.6	28
072×045	84	16	19	68	6.6	61.4	90.3	73.1
072×0636	78	41	52.6	37	4.6	32.4	87.6	41.5
075×045	72.4	23.8	32.9	48.6	23	25.6	52.7	35.4
075×0636	50.4	4.4	8.7	46	13.4	32.6	70.9	64.7
075×0641	60.8	39	64.1	21.8	0.8	21	96.3	34.5
076×0641	102.8	25.6	24.9	77.2	23.2	54	69.9	52.5
076×092	92.8	21.6	23.3	71.6	7.6	64	89.4	69
087×0645	87.6	23.8	27.2	63.8	12.8	51	79.9	58.2
096×0638	88	4.2	4.8	83.8	12.6	71.2	85	80.9
096×083	82	10.2	12.4	71.8	14.2	57.6	80.2	70.2
Average	80.4	20.0	24.9	60.4	13.1	47.3	77.6	58.8

(B) 2015년 결과

Combination	Seed potential	Aborted ovules	Aborted ovules (%)	Developed seed			Filled seed (%)	Seed efficiency (%)
				Total	Empty seed	Filled seed		
0214×0661	94.4	29.6	30.5	64.8	9	55.8	85.9	59.6
0224×063	76.4	14.2	18.2	62.2	10.2	52	83.5	68.4
0233×0643	80.8	18.4	22.5	62.4	5.8	56.6	90.2	69.8
0614×0229	82.8	12.2	14.6	70.6	21	49.6	70	59.6
0619×062	91.2	18.4	20.3	72.8	5	67.8	93.2	74.3
0619×083	94.8	12.8	13.3	82	9.2	72.8	88.6	77
0621×0817	78.4	16.6	21	61.8	8.6	53.2	85.8	67.8
0634×077	56.4	2.4	4.1	54	11.2	42.8	79.5	76.2
0634×081	85.6	6.8	8.3	78.8	5.6	73.2	92.7	85
0638×076	100.4	17.6	17.4	82.8	5.2	77.6	93.6	77.4
0638×083	92.8	20.4	21.8	72.4	5.8	66.6	92	71.9
0640×094	58.4	5.6	8.8	52.8	10.4	42.4	82.8	76
0641×073	82.8	18.4	22.2	64.4	12.4	52	81.3	63.1
0644×0646	86	10	11.5	76	13	63	82.7	73.2
0644×087	82.4	39.2	47.5	43.2	7	36.2	83.4	44
0648×0815	66.8	7.8	11.2	59	9	50	85.2	75.5
072×045	76	17.6	22.8	58.4	9	49.4	84.6	65.8
072×0636	76	2.8	3.7	73.2	4	69.2	94.6	91
075×045	71.2	34.6	49.2	36.6	6.4	30.2	82.1	41.8
075×0636	77.6	16.2	19.9	61.4	34	27.4	43.9	35
075×0641	94	45.8	47.7	48.2	8.4	39.8	82.6	42.9
076×0641	87.6	9.4	10.7	78.2	11	67.2	85.8	76.7
076×092	74.4	11	14.7	63.4	5.4	58	91.7	78.2
087×0645	69.6	9.8	13.4	59.8	4.8	55	91.9	79.5
096×0638	78.4	7.2	9	71.2	18.2	53	74.5	67.7
096×083	83.2	5	5.9	78.2	9.8	68.4	87.5	82.4
Average	80.7	15.8	18.9	65.0	10.0	55.0	84.2	68.5

(C) 2016년 결과

Combination	Seed potential	Aborted ovules	Aborted ovules (%)	Developed seed			Filled seed (%)	Seed efficiency (%)
				Total	Empty seed	Filled seed		
0214×0661	119.6	57.4	47.2	62.2	5.6	56.6	91.1	47.9
0224×063	92.0	15.2	16.9	76.8	3.4	73.4	95.8	79.5
0233×0643	60.4	9.2	15.2	51.2	2.6	48.6	95.0	80.5
0614×0229	102.4	24.4	24.0	78.0	2.2	75.8	97.2	73.9
0619×062	94.4	31.4	33.7	63.0	8.2	54.8	85.2	56.9
0619×083	67.2	11.6	17.5	55.6	7.2	48.4	86.0	71.4
0621×0817	104.0	19.0	18.0	85.0	11.6	73.4	86.4	71.1
0634×077	96.0	24.8	25.8	71.2	3.2	68.0	95.4	70.9
0634×081	82.4	7.4	8.8	75.0	7.6	67.4	90.0	82.0
0638×076	106.0	32.2	30.4	75.8	5.6	70.2	92.1	66.0
0638×083	108.4	20.4	18.2	88.0	2.0	86.0	97.7	80.0
0640×094	89.6	11.0	12.2	78.8	4.8	74.0	93.8	82.5
0641×073	70.0	8.2	11.3	61.8	4.4	57.4	92.7	82.1
0644×0646	158.8	67.0	42.2	91.8	5.2	86.6	94.3	54.5
0644×087	155.2	105.0	67.4	50.2	4.8	45.4	90.9	29.3
0648×0815	85.2	15.8	18.6	69.4	1.8	67.6	97.3	79.3
072×045	84.4	12.4	14.6	72.0	5.4	66.6	92.5	79.0
072×0636	90.4	16.8	17.6	73.6	4.6	69.0	93.7	77.3
075×045	88.0	40.0	45.2	47.6	7.0	40.6	85.5	46.3
075×0636	88.0	14.6	16.4	73.4	41.2	32.2	44.0	36.9
075×0641	108.4	38.8	35.7	69.6	4.8	64.8	93.6	59.9
076×0641	98.8	15.2	14.7	83.6	3.8	79.8	95.4	81.2
076×092	112.8	27.8	24.6	85.0	3.4	81.6	95.9	72.4
087×0645	74.8	12.2	16.0	62.6	16.4	46.2	73.6	61.9
096×0638	92.8	20.2	20.7	72.6	3.4	69.2	95.1	75.4
096×083	78.4	6.2	7.6	72.2	6.4	65.8	91.1	84.2
Average	96.5	25.5	23.9	71.0	6.8	64.2	90.1	68.6

3. 미국 농무성 구과분석 지침 기준

-Key indication for data interpretation (Bramlett et al., 1977).

Cone characteristic and threshold level (percent)[1]	Interpretation
1. First-year aborted ovules	
0-10	Good management practice
11-19	Evaluate possible insect or pollination problems
20+	Identify and correct insect or pollination problems
2. Second-year aborted ovules	
0- 5	Good management practice
6-9	Evaluate seedbug control program
10+	Increase seedbug control
3. Percent filled seeds	
85+	Good management practice
50-84	Evaluate possible seedbug or inbreeding problems
Below 50	ldentify and correct seedbug or inbreeding problems
4. Seed efficiency	
55+	Good management practice
35-56	Evaluate causes of seed loss
Below 35	ldentify causes of seed loss and begin correction

[1] Each organization may wish to modify these thresholds to meet its targets.

Abstract

Variation of Strobilus and Conelet Production and Analysis of Cone and Seed Characteristics in the second Generation Seed Orchard of Japanese Black Pine (*Pinus thunbergii*)

Park Ji-Min

Major in Forest Environmental Sciences

Department of Forest Sciences

The Graduate School

Seoul National University

Seed orchards are established from selected trees (plus trees) by sexual or asexual propagation methods, and functioned as the bridge between breeding program and plantation establishment. They are designed and managed to produce genetically improved seeds as many as possible.

Pinus thunbergii is a two needle pine and native along the coastal areas in Korean peninsula. The first generation seed orchard of *P. thunbergii* was established at An-myeon, Chung-nam province in 1979, and the size was 22 ha with 5 m × 5 m spacing. Based on the genetic information of progeny tests, the second generation

seed orchard was established in 2006 to achieve further genetic gain by grafts propagated from the selected combinations.

The main purposes of present study were to survey the variation of female, male strobili and seed conelet production among combinations, and to estimate effective population sizes (gene diversity) and genetic parameters (variance component, heritability and correlation on) based on the variation of strobilus and conlelet production, and to investigate the characteristic of cone and seed by cone analysis in the second generation seed orchard of *P. thunbergii*. The results would be useful for efficient management of seed orchard such as stable, mass production of seed and for basic information of the establishment of advanced generation seed orchards.

The numbers of female, male strobili and conelet were surveyed for two consecutive years (2015 and 2016). The multiple range analysis of Tukey HSD showed that there was a larger difference in male strobilus production than female strobilus among combinations. The conelet production was classified as nine groups in 2015 and seven groups in 2016. Especially, the average of conelet production was not much difference among combinations in 2016, showing 17 combinations were grouped as the same one.

The effective population size was larger than 20 for strobilus and conelet in all studied years except only male strobilus in 2015. The

broad-sense heritabilities of male strobilus and conelet were 0.236 and 0.238 in 2015, and 0.140 and 0.170 in 2016, respectively. The broad-sense heritability of female strobilus was higher in 2016 (0.194) than 2015 (0.068).

The correlation between strobilus and conelet production was positive and statistically significant among combinations. The correlations between volume growth and strobilus production, and volume growth and conelet production did not show significant differences. These results implied that volume growth and conelet production are independent traits each other. A consist monitoring of reproductive characteristics could be needed for the selection breeding of advanced generation.

The morphological characters of cone (length, width and fresh weight) were surveyed for three consecutive years (2014~2016), and all characteristics of cone were significantly correlated each other. The multiple range analysis of Tukey HSD showed that the averages of cone length, width and fresh weight were significantly different among combinations. The difference was consistent during the surveyed years.

The cone analysis revealed that full-filled seeds and aborted ovules were increased but empty seeds were decrease from 2014 to 2016. This was mirrored to the increase of seed potential, filled seed rate and seed efficiency, on the other hand, aborted ovule rate

was almost constant. The high 10% group of combination for filled seed rate and seed efficiency in 2015 was the same 10% group as in 2016. More study on the cone analysis would be necessary for analysis of stability. When the result of cone analysis was compared to the guide line of USDA FS cone analysis, the aborted ovule rate was relatively high but filled seed rate was low. This might be interpreted as inbreeding depression by related mating rather than cone insect damages.

The ANOVA and variance component showed that the broad-sense heritabilities of seed characteristics was ranged from 0.3 to 0.8, implying that seed traits are under strong genetic control.

Keywords : *Pinus thunbergii*, second generation seed orchard, cone analysis, fertility variation, effective population size, gene diversity,

Student Number : 2014-20036