

태안반도에 자생하는 염생식물의 뿌리로부터 분리한 내생진균의 다양성

유영현^{1,2} · 이명철² · 김종국^{1*}

¹경북대학교 생명과학부, ²농촌진흥청 국립농업과학원

Endophytic Fungal Diversity Isolated from the Root of Halophytes in Taean Peninsula

Young-Hyun You^{1,2}, Myung-Chul Lee² and Jong-Guk Kim^{1*}

¹School of Life Science, Kyungpook National University, Daegu 702-701, Korea

²National Agrobiodiversity Center, National Academy of Agricultural Science, RDA, Wanju 565-851, Korea

ABSTRACT : Halophytes of seven species, *Carex scabrifolia* Steud., *Limonium tetragonum* Bullock, *Salicornia europaea* L., *Suaeda glauca* Bunge, *Suaeda japonica* Makino, *Suaeda maritima* Dumort., and *Triglochin maritimum* L. were collected from the Taean Peninsula. Thirty-seven endophytic fungi were isolated from the root of halophytes, and analyzed using the DNA sequences of internal transcribed spacers (ITS). The diversity of all endophytic fungi was analyzed using diversity indices. The endophytic fungi associated with the halophytes belonged to seven orders; Eurotiales (78%), Capnodiales (5%), Hypocreales (5%), Agaricales (3%), Corticiales (3%), Glomerellales (3%), and Pleosporales (3%). At the phylum level, the endophytic fungi were composed of Ascomycota and Basidiomycota. At the genus level, *Alternaria*, *Aspergillus*, *Cladosporium*, *Paecilomyces*, *Penicillium*, *Phanerochaete*, *Schizophyllum*, *Talaromyces*, and *Verticillium* were confirmed. Among them, *Penicillium* was the most abundant in the roots of the halophytes. This study analyzed the distribution and diversity of endophytic fungi on halophytes in the Taean Peninsula.

KEYWORDS : Diversity, Endophytic fungi, Halophyte, Taean peninsula

서 론

태안반도는 서해안에 위치하고 있는 가장 큰 반도이고, 해안선이 매우 복잡하게 발달한 전형적인 리아스식 해안이다. 기후조건은 연평균 강수량 1,038 mm와 연평균 기온이 12.5°C로서, 아시아 계절풍 지대로 해양의 영향을 크게 받는다고 알려져 있다[1, 2]. 그리고 해안이 크게 모래로

구성된 해안사구와 해안염습지로 구분된다. 해안염습지는 해상생태계와 육상생태계의 전이지대이며, 바다와 강으로부터 유기물이 침전되어 해변과 하구에 주로 형성되었고, 해수에 의해 발달하게 되었다[3]. 우리나라 서해안은 수심이 얕고, 경사가 완만하며, 조석간만의 차가 크기 때문에 해안염습지인 갯벌이 아주 잘 발달되어 있다. 최근에는 해안염습지의 관심이 확대됨에 따라 해안환경에 대한 연구 및 중요성이 대두되고 있는 실정이다[4-6].

해안생태계는 독특한 식생을 이루고 있고 최근에 다양한 식물과 공생하는 미생물에 대한 연구가 점차적으로 이루어지고 있는 가운데 해안염습지에 자생하는 염생식물의 내생진균류에 대한 다양성[7, 8] 및 해양성 곰팡이(Marine fungi)에 대한 연구가 보고되고 있다[7, 9, 10]. 그리고 염 내성 내생진균(Endophytic fungi)을 활용하는 기술개발 등의 연구를 통하여 해안식물의 증식과 생장을 촉진함으로써[9, 10], 해안생태계의 식생환경에 긍정적인 효과를 미친다고 보고되고 있다[9-12]. 따라서, 국내 해양성 곰팡이에 대한 다양성, 분류학 연구와 해양성 곰팡이 자원에 대한 많은 연구가 필요할 것이다.

Kor. J. Mycol. 2014 December, 42(4): 269-275
http://dx.doi.org/10.4489/KJM.2014.42.4.269
pISSN 0253-651X • eISSN 2383-5249
© The Korean Society of Mycology

*Corresponding author
E-mail: kimjg@knu.ac.kr

Received July 29, 2014
Revised September 24, 2014
Accepted November 23, 2014

©This is an Open Access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution Non-Commercial License (<http://creativecommons.org/licenses/by-nc/3.0/>) which permits unrestricted non-commercial use, distribution, and reproduction in any medium, provided the original work is properly cited.

본 연구는 태안반도에 자생하고 있는 염생식물의 내생진균류에 대한 미생물 다양성 및 미생물자원 확보와 관련된 연구로서, 염생식물과 상호관계에 있는 내생진균류를 분리하였으며, 이들의 유연관계를 확인하기 위하여 계통 분석과 다양성 지수를 적용하여 염생식물 7종에서 확보된 내생진균류의 다양성을 분석하였다.

재료 및 방법

염생식물의 채집 및 곰팡이 분리

충청남도 태안반도에서 7종의 염생식물이 우점하고 군락지에서 각 15개체씩 채집하였고, 채집한 염생식물은 천일사초(*Carex scabrifolia*: Css), 갯질경(*Limonium tetragonum*: Lt), 통통마디(*Salicornia europaea*: Se), 나문재(*Suaeda glauca*: Sg), 칠면초(*Suaeda japonica*: Sj), 해홍나물(*Suaeda maritima*: Smd), 지채(*Triglochin maritimum*: Tm)이다(Table 1).

태안반도에 자생하는 염생식물의 뿌리 부위 토양을 제거하고, 각각 계면활성제(Tween 80)와 과염소산(Perchloric acid, 1%)을 처리하여 멸균증류수로 세척하였다. 그리고 시료에 수분을 제거하고 3~4 cm 길이로 절단하여 실험 재료로 사용하였다. 세균을 억제하기 위하여 스트렙토마이신(Streptomycin, Sigam-alldrich, USA) 80 ppm을 첨가하였고, 식물뿌리에서 내생진균의 생장을 느리게 하기 위하여, hagem minimal 최소배지를 사용하여 25°C 조건에서 배양하였다. 뿌리시료의 끝 단면에서 생장한 균사를 최소배지에서 25°C 조건으로 배양하였다. 그리고 PDA배지에 계대배양하여 형태를 관찰하였고, 각 대표균주를 선발하여 실험에 이용하였다.

Genomic DNA의 추출

분리된 균주의 ITS염기서열의 분석을 위하여 PDB에 접종하여 25°C 조건에서 120 rpm으로 5~7일 동안 진탕배양을 하였으며, 균체를 여과하여 동결건조를 시킨 후에 시료로 사용하였다.

내생진균류의 분자적인 동정을 위하여, 동결건조 상태인

내생진균류의 균체를 DNeasy Plant mini kit (QIAGEN, Valencia, CA, USA)를 사용하여 genomic DNA를 추출하였다. PCR증폭을 수행하기 위하여, 추출된 genomic DNA는 ITS1과 ITS4 프라이머를 사용하였고[13], PCR반응 후, 1.5% agarose gel에서 전기영동을 한 후에 UV transilluminator로 DNA 밴드를 관찰하였다. 증폭된 PCR 산물은 QIAquick PCR purification kit (Qiagen Inc., Germany)를 사용하여 정제하였다.

ITS염기서열 분석 및 다양성 분석

해독된 염기서열은 NCBI에 BLAST 검색을 통하여 Genbank 데이터베이스와 상동성이 높은 근연종들과 비교 및 분석을 실시하였다. 다양성 분석을 위하여 내생진균의 속(Genus)을 이용하여, Mehinick's index (D_{mn}) [14], Shannon's diversity index (H') [15, 16], Simpson's index (D) [17], Simpson's diversity index ($1-D$) [15, 17], Margalef's richness (D_{mg}) [18]를 적용하였으며, 각 식물에 대한 내생진균류의 다양성을 분석하였다.

결과 및 고찰

염생식물로부터 내생진균의 분리

채집한 식물은 천일사초가 약 35 cm의 지상부 길이와 꽃이 피어 있는 상태였고, 갯질경은 18~25 cm의 길이에 꽃대는 형성되지 않은 상태였으며, 통통마디는 15~19 cm 길이에 10개 이상의 마디를 형성하고 있었다. 나문재는 20~25 cm 길이에 잎이 약간의 선분홍색을 나타내고 있었고, 칠면초는 약 20 cm 길이에 연한 붉은색을 나타내고 있었으며, 해홍나물은 약 25 cm 길이에 꽃대는 형성되지 않은 상태였다. 그리고 지채는 22~25 cm 길이에 꽃대는 형성되지 않은 상태였다. 각 식물 샘플을 채집하여 저온에 보관해서 실험 재료로 사용하였다.

7종의 염생식물 뿌리로부터 115균주의 내생진균을 분리하였고, 형태적으로 다른 내생진균 37균주를 선발되었으며, 천일사초로부터 3균주, 갯질경으로부터 5균주, 통통마디로부터 6균주, 나문재로부터 14균주, 칠면초로부터 4균

Table 1. Plant taxon of halophytes collected in Taean Peninsula

Plant taxon (Family)	Scientific name of plants	Plant code	Sampling date of halophytes
Cyperaceae	<i>Carex scabrifolia</i> Steud.	Css	June 25
Plumbaginaceae	<i>Limonium tetragonum</i> Bullock	Lt	June 25
Chenopodiaceae	<i>Salicornia europaea</i> L.	Se	June 25
Chenopodiaceae	<i>Suaeda glauca</i> Bunge	Sg	June 25
Chenopodiaceae	<i>Suaeda japonica</i> Makino	Sj	June 26
Chenopodiaceae	<i>Suaeda maritima</i> Dumort.	Smd	June 26
Juncaginaceae	<i>Triglochin maritimum</i> L.	Tm	June 26

주, 해홍나물로부터 3균주, 지채로부터 2균주가 선발되었다. 내생진균의 ITS 염기서열은 NCBI GenBank에 등록하여 천일사초 (JX238573-JX238575), 갯질경 (JX238584-JX238588), 통통마디 (JX238638-JX238643), 나문재 (JX238644-JX238657), 칠면초 (JX238658-JX238661), 해홍나물 (JX238

662-JX238664), 지채 (JX238665-JX238666)로부터 분리된 균주들의 accession no.를 제공받았다(Table 2).

내생진균의 다양성 분석

천일사초에서 분리된 내생진균은 Eurotiales목(Order)의

Table 2. Endophytic fungi isolated from roots of halophytes in Taean Peninsula

Fungal isolates	Closest relative based on sequence homology	Similarity (%)	GenBank No.
W-Css-14-1	<i>Talaromyces pinophilus</i> AP-117 (KM100863)	100	JX238573
W-Css-14-2	<i>Penicillium sclerotiorum</i> FRR 1202 (AY373931)	99	JX238574
W-Css-15-1	<i>Verticillium cf. araneum</i> 1905 ARSEF 1905 (AF108467)	99	JX238575
W-Lt-6-1	<i>Talaromyces assiutensis</i> CBS 118440 (JN899320)	99	JX238584
W-Lt-7-1	<i>Penicillium thomii</i> FRR 2077 (AY373934)	100	JX238585
W-Lt-10-1	<i>Penicillium swiecickii</i> NRRL 918 (AF033490)	100	JX238586
W-Lt-13-1	<i>Talaromyces barcinensis</i> CBS 649.95 (JN899349)	99	JX238587
W-Lt-15-1	<i>Aspergillus fumigatus</i> ATCC 1022 (NR_121481)	100	JX238588
W-Se-4-1	<i>Talaromyces verruculosus</i> CBS 254.56 (KF741980)	98	JX238638
W-Se-6-2	<i>Talaromyces pinophilus</i> NRRL 62962 (KM012001)	100	JX238639
W-Se-9-1	<i>Penicillium citrinum</i> QTYC59 (KM103309)	100	JX238640
W-Se-10-1	<i>Talaromyces minioluteus</i> A07A (JQ781710)	98	JX238641
W-Se-10-2	<i>Penicillium sclerotiorum</i> FRR 1202 (AY373931)	99	JX238642
W-Se-11-2	<i>Penicillium spinulosum</i> JP44MY5 (KF031019)	100	JX238643
W-Sg-2-1	<i>Aspergillus</i> sp. H4307 (GU595031)	98	JX238644
W-Sg-3-1	<i>Penicillium thomii</i> (AF034448)	100	JX238645
W-Sg-3-2	<i>Paecilomyces variotii</i> TC03 (JQ796880)	99	JX238646
W-Sg-4-1	<i>Penicillium</i> sp. 2 JJK-2011 (HM469401)	97	JX238647
W-Sg-5-2	<i>Talaromyces helicus</i> (JQ411391)	98	JX238648
W-Sg-8-2	<i>Talaromyces</i> sp. OUCMB1101202 (HQ914887)	98	JX238649
W-Sg-8-3	<i>Talaromyces pinophilus</i> AP-117 (KM100863)	100	JX238650
W-Sg-11-1	<i>Talaromyces helicus</i> NRRL 2106 (AF033396)	99	JX238651
W-Sg-12-2	<i>Talaromyces barcinensis</i> CBS 649.95 (JN899349)	98	JX238652
W-Sg-14-1	<i>Penicillium restrictum</i> DTO_244F7 (KJ775656)	99	JX238653
W-Sg-15-1	<i>Talaromyces helicus</i> BL07-13 (JX076934)	99	JX238654
W-Sg-15-3	<i>Talaromyces pinophilus</i> NRRL 62962 KM012001	100	JX238655
W-Sg-17-1	<i>Penicillium purpurascens</i> KUC1788 (HM469419)	99	JX238656
W-Sg-17-2	<i>Penicillium sclerotiorum</i> FRR 1202 (AY373931)	99	JX238657
W-Sj-1-1	<i>Schizophyllum commune</i> HLJ_20 (JN088243)	99	JX238658
W-Sj-2-1	<i>Paecilomyces variotii</i> TC03 (JQ796880)	100	JX238659
W-Sj-11-1	<i>Cladosporium cladosporioides</i> (KJ789850)	100	JX238660
W-Sj-15-1	<i>Phanerochaete</i> sp. HJF038 (HQ331053)	100	JX238661
W-Smd-1-1	<i>Alternaria alternata</i> HT-02 (KJ716876)	100	JX238662
W-Smd-5-4	<i>Penicillium thomii</i> song-40 (EU910586)	100	JX238663
W-Smd-8-1	<i>Talaromyces pinophilus</i> AP-117 (KM100863)	95	JX238664
W-Tm-13-1	<i>Cladosporium</i> sp. 6 BRO-2013 (KF367544)	100	JX238665
W-Tm-15-1	<i>Penicillium</i> sp. FF15 (FJ379815)	100	JX238666

*Penicillium*속, *Talaromyces*속과 Glomerellales목에 속하는 *Verticillium*속이 확인되었고, 갯질경은 Eurotiales목의 *Talaromyces*속, *Penicillium*속, *Aspergillus*속이 확인되었으며, 통통마디는 Eurotiales목의 *Penicillium*속과 *Talaromyces*속이 확인되었다. 나문재는 Eurotiales목의 *Aspergillus*속, *Penicillium*속, *Talaromyces*속, Hypocreales목에 속하는 *Paecilomyces*속이 확인되었으며, 칠면초는 Agaricales목의 *Schizophyllum*속, Hypocreales목의 *Paecilomyces*속, Capnodiales목의 *Cladosporium*속, Corticiales목의 *Phanerochaete*속이 확인되었다. 그리고 해홍나물은 Pleosporales목 *Alter-*

*naria*속, Eurotiales목의 *Penicillium*속과 *Talaromyces*속이 확인되었고, 지채는 Capnodiales목 *Cladosporium*속, Eurotiales목의 *Penicillium*속이 확인되었다(Fig. 1). 내생진균류는 대부분 자낭균류(Ascomycota)로 확인되었으며, 담자균류(Basidiomycota)도 일부 확인되었다.

내생진균류의 종 풍부도를 확인하기 위하여 Mehinick's index (Dmn)를 적용하였을 때, 천일사초(1.155), 갯질경(1.342), 통통마디(0.408), 나문재(1.336), 칠면초(2.000), 해홍나물(1.155), 지채(1.414)로 확인되었으며, Margalef's richness (Dmg) 다양성 지수의 적용은 천일사초(0.910),

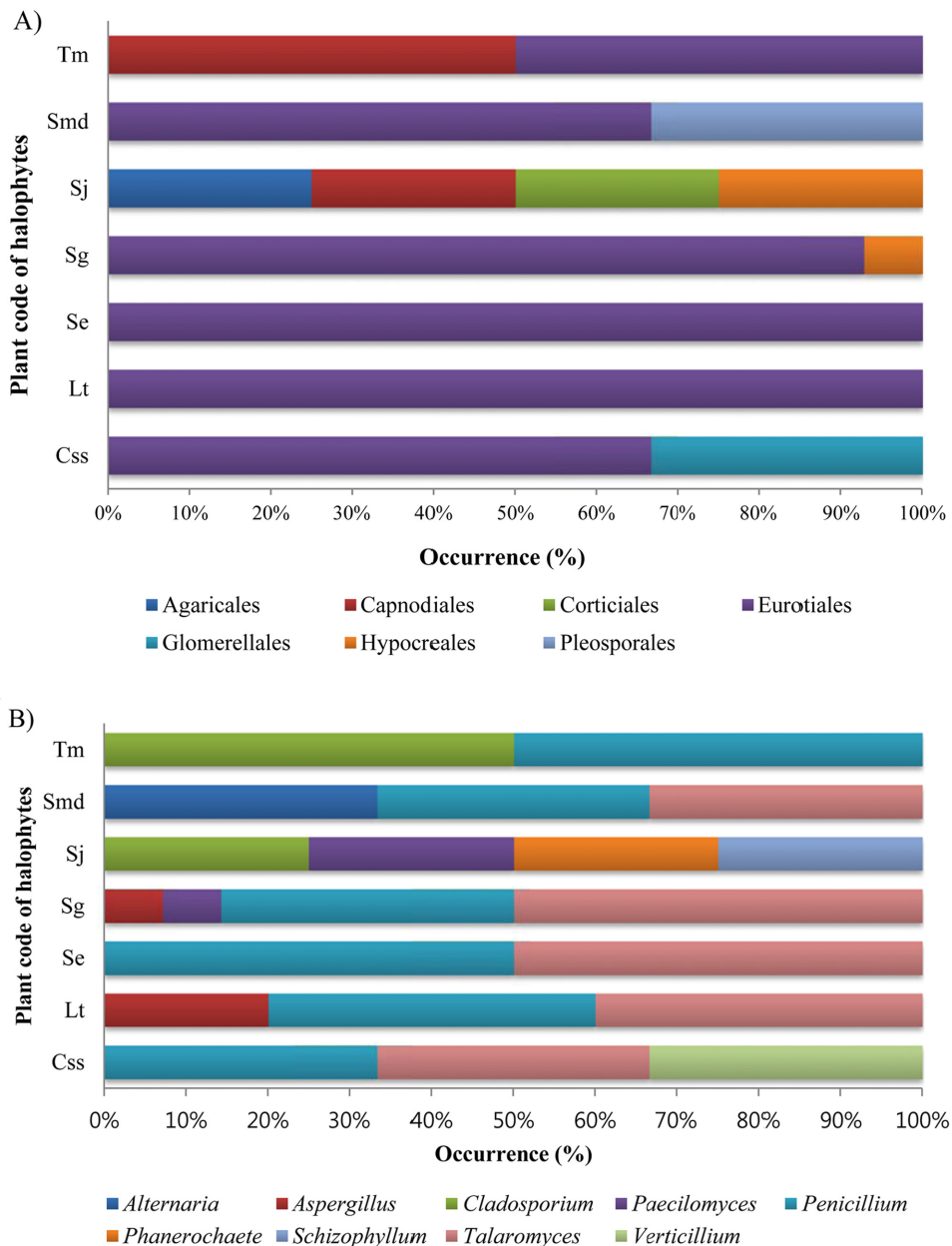


Fig. 1. Distribution of fungal isolates according to the halophytes. A) Fungal isolates at the order level. B) Fungal isolates at the genus level. Plant code: Css (*Carex scabrifolia*); Lt (*Limonium tetragonum*); Se (*Salicornia europaea*); Sg (*Suaeda glauca*); Sj (*Suaeda glauca*); Smd (*Suaeda maritima*); Tm (*Triglochin maritimum*).

갯질경(1.243), 통통마디(0.000), 나문재(1.516), 칠면초(2.164), 해홍나물(0.910), 지채(1.443)으로 확인되었다. 종 다양성 지수인 Shannon's diversity index (H')의 적용은 천일사초(3.296), 갯질경(1.833), 통통마디(1.386), 나문재(7.001), 칠면초(5.545), 해홍나물(3.296), 지채(0.000)으로 확인되었다. Simpson's index (D)를 적용하였을 때는 천일사초(0.000), 갯질경(0.200), 통통마디(0.400), 나문재(0.341), 칠면초(0.000), 해홍나물(0.000), 지채(0.000)으로 확인되었다. Simpson's diversity index ($1-D$)의 적용은 천일사초(1.000), 갯질경(0.800), 통통마디(0.000), 나문재(0.659), 칠면초(1.000), 해홍나물(1.000), 지채(1.000)으로 확인되었다(Table 3).

모든 내생진균은 자낭균문과 담자균문으로 분류되었고, Agaricomycetes강, Dothideomycetes강, Eurotiomycetes강, Sordariomycetes강으로 2문, 4강, 7목, 9속으로 분류되는 것을 확인하였다. 본 연구에서 식물마다 상호관계에 있는 균류를 비교하였을 때 식물 종류에 따라 다르다는 것을 알 수가 있었다. 그리고 지역별, 식물별로 기존의 다른 연구결과와 비교하였을 때, 국내 해양성 균류는 *Penicillium*속이 가장 많이 우점하고 있다는 결과와 부합하였고, *Aspergillus*속, 그리고 *Alternaria*속 등의 내생진균에 대한 분포비율이 높다는 것과는 대비되는 결과를 확인하였다[7, 9].

내생진균류의 종 풍부도 지수 중에서 Menhinick's index (D_{mn})를 적용했을 때 칠면초에서 지수(2.000)가 가장 높았고, 통통마디에서 가장 낮은 지수(0.408)를 나타내었다. 또한, Margalef's richness (D_{mg})의 경우에는 칠면초에서 가장 높은 지수(2.164)를, 통통마디에서 가장 낮은 지수(0.000)를 나타내었다. 종 다양성 지수를 확인하기 위하여 Shannon diversity index (H')를 적용했을 때 나문재에서

가장 높은 지수(7.001)와 통통마디 및 지채에서 가장 낮은 지수(0.000)를 나타내었다. 그리고 다양한 지수에서 나문재가 높은 지수로 확인된 이유는 내생진균류의 분포가 가장 다양했기 때문인 것으로 생각된다. Simpson's index (D)의 경우에는 통통마디에서 가장 높은 지수(0.400)를, 칠면초 및 지채에서 가장 낮은 지수(0.000)를 나타낸 반면에 Simpson's diversity index ($1-D$)를 적용했을 때에는 천일사초, 칠면초, 해홍나물과 지채에서 가장 높은 지수(1.000)를, 통통마디에서 가장 낮은 지수(0.000)를 나타내었다.

Simpson's index는 통통마디가 높은 지수로 확인된 이유는 내생진균류의 다양성은 낮으면서 특정한 속의 분포비율이 가장 높기 때문인 것으로 판단된다. Simpson's index (D)는 다양성 지수를 나타내지만, 우점종(Dominant species)에 대한 의미를 가지고 있다. 또한, Simpson's diversity index ($1-D$)는 다양성 지수에 대한 의미를 나타내지만, 균등성지수(Evenness index)에 대한 의미를 포함하고 있다. 그리고 종 다양성 지수가 높을수록 종 다양성은 높고, 반대로 종 다양성 지수가 낮을수록 종 다양성은 낮다는 것을 의미하고 있다. 본 연구는 5종류의 종 풍부도 및 종 다양성 지수를 적용하여 내생진균의 다양성을 확인하였으며, 지수마다 나타내는 식의 척도가 다르기 때문에 5종류의 지수를 사용하여 비교 및 분석을 수행하였다.

염생식물은 염, 고온 등의 척박한 환경에서 자생하고 있는 식물이고, 이들이 성장하기 위해서는 공생미생물의 도움을 받으며 식물마다 필요로 하는 물질이 다르다. 그리고 식물마다 상호관계에 있는 내생균류가 다르게 작용하며 생장발달[20], 스트레스완화[11, 21], 유용물질생산[9, 10], 면역력 강화[22, 23]를 위한 영향을 미친다. 갯벌에 자생하는 염생식물의 종은 다양하지는 않지만 그들마다 독특한 형태

Table 3. Diversity index of endophytic fungi isolated from the roots of halophytes

	Css	Lt	Se	Sg	Sj	Smd	Tm
<i>Alternaria</i>						1	
<i>Aspergillus</i>		1		1			
<i>Cladosporium</i>					1		
<i>Paecilomyces</i>				1	1		
<i>Penicillium</i>	2	2	6	7		2	1
<i>Phanerochaete</i>					1		
<i>Schizophyllum</i>					1		
<i>Talaromyces</i>		2		4			
<i>Verticillium</i>	1						
Total	3	5	6	14	4	3	2
Menhinick's index (D_{mn})	1.155	1.342	0.408	1.336	2.000	1.155	1.414
Shannon diversity index (H')	1.504	1.833	0.000	7.001	5.545	1.504	0.000
Simpson's index (D)	0.333	0.200	1.000	0.341	0.000	0.333	0.000
Simpson's diversity index ($1-D$)	0.667	0.800	0.000	0.659	1.000	0.667	1.000
Margalef's richness (D_{mg})	0.910	1.243	0.000	1.516	2.164	0.910	1.443

를 가지고 있으며, 식물뿌리 형태와 구조 등에 따라 공생미생물이 다를 것으로 생각된다[24]. 그래서 본 연구는 염생식물과 공생하는 내생진균류에 대한 다양성을 확인하고자 하였다.

본 연구는 미생물의 다양성 및 자원확보 연구의 일환으로서 태안반도 자생종인 염생식물과 상호관계에 있는 내생진균류의 배양체를 확보하였고, 국내 염 환경지역에 대한 균류 분포상과 균류자원 연구에 기초자료가 될 것이라 생각한다.

적 요

7종의 자생 염생식물은 천일사초, 갯질경, 통통마디, 나문재, 칠면초, 해홍나물, 그리고 지채로서 태안반도에서 채집되었다. 염생식물의 뿌리로부터 분리된 37균주의 내생진균은 ITS영역 염기서열에 대하여 분석하였다. 모든 내생진균들은 다양성 지수들을 이용하여 분석되었다. 분리된 내생진균은 Eurotiales (78%), Capnoidiales (5%), Hypocreales (5%), Agaricales (3%), Corticiales (3%), Glomerellales (3%), Pleosporales (3%)으로 7개 목으로 분류되었다. 그리고 분리된 내생진균의 속을 분석한 결과 자낭균문과 담자균문에 포함되는 *Alternaria*, *Aspergillus*, *Cladosporium*, *Paecilomyces*, *Penicillium*, *Phanerochaete*, *Schizophyllum*, *Talaromyces*, *Verticillium* 등 9개 속으로 분류되었다. 내생진균을 분석하였을 때, *Penicillium*이 염생식물로부터 가장 많이 분포하고 있었다. 본 연구는 태안반도에 자생하는 염생식물들에 대한 내생진균의 분포와 다양성을 분석하였다.

감사의 글

본 연구는 환경부 “차세대 에코이노베이션기술개발사업”으로 지원 받은 연구과제이며, 연구비 지원에 감사를 드립니다.

REFERENCES

- Dong OC, Stephen BO. 2003. The status and prospects for coastal management in Korea. *Coastal Manage* 2003;31:98-119.
- Oh KK, Kim YS, Kim CE. A study on the distribution of vegetation and assessment of green naturalness of Taeanhaean national park. *Kor J Env Eco* 2010;24:108-16.
- Chapman VJ. Salt marshes and salt deserts of the world. In: *Ecology of halophytes*. New York: Academic Press; 1974. p. 3-22.
- Arnold EA, Mejia LC, Kylo D, Rojas E, Maynard Z, Robbins N, Herre EA. Fungal endophytes limit pathogen damage in a tropical tree. *Proc Natl Acad Sci USA* 2003;100: 15649-54.
- Ding B, Yin Y, Zhang F, Li Z. Recovery and phylogenetic diversity of culturable fungi associated with marine sponges *Clathrina luteoculcitella* and *Holoxea* sp. in the South China Sea. *Mar Biotechnol* 2011;13:713-21.
- Gomes NCM, Cleary DFR, Pinto FN, Egas C, Almeida A, Cunha A, Mendonça-Hagler LC S, Smalla K. Taking root: enduring effect of rhizosphere bacterial colonization in mangroves. *PLoS ONE* 2010;5:e14065.
- You YH, Yoon H, Woo JR, Seo Y, Kim M, Lee G, Kim JG. Diversity of endophytic fungi from the roots of halophytes growing in Gochang salt marsh. *Kor J Mycol* 2012;40:86-92.
- You YH, Yoon H, Seo Y, Kim M, Kang MS, Kim C, Ha SC, Cho YS, Kim JG. Genetic diversity of culturable endophytic fungi isolated from halophytes naturally growing in Muan salt marsh. *Kor J Life Sci* 2012;22:970-80.
- You YH, Yoon H, Kang SM, Shin JH, Choo YS, Lee IJ, Lee JM, Kim JG. Fungal diversity and plant growth promotion of endophytic fungi from six halophytes in Suncheon Bay. *J Microbiol Biotechnol* 2012;22:1549-56.
- You YH, Yoon H, Kang SM, Woo JR, Choo YS, Lee IJ, Shin JH, Kim JG. *Cadophora malorum* Cs-8-1 as a new fungal strain producing gibberellins isolated from *Calystegia soldanella*. *J Basic Microbiol* 2013;53:630-4.
- Khan AL, Hamayun M, Ahmad N, Hussain J, Kang SM, Kim YH, Adnan M, Tang DS, Waqas M, Radhakrishnan R, Hwang YH, Lee IJ. Salinity stress resistance offered by endophytic fungal interaction between *Penicillium minioluteum* LHL09 and *Glycine max.* L. *J Microbiol Biotechnol* 2011;21:893-902.
- Khan AL, Hamayun M, Kang SM, Kim YH, Jung HY, Lee JH, Lee IJ. Endophytic fungal association via gibberellins and indole acetic acid can improve plant growth under abiotic stress: an example of *Paecilomyces formosus* LHL10. *BMC Microbiol* 2012;12:3.
- White TJ, Bruns T, Lee S, Taylor J. Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics. In: *PCR Protocols: Innis MA, Gelfand DH, Sninsky JJ, White TJ, eds. a guide to methods and applications*. San Diego, California: Academic Press; 1990.
- Whittaker RH. Evolution of species diversity in land communities. *Evol Biol* 1977;10:1-67.
- Lambshead PJD, Platt HM, Shaw KM. Detection of differences among assemblages of marine benthic species based on assessment of dominance and diversity. *J Nat Hist* 1983;17: 859-74.
- Pielou EC. *Ecological diversity*. New York: John Wiley; 1975. p. 165.
- Simpson EH. Measurement of diversity. *Nature* 1949;163:688.
- Margalef R. Information theory in ecology. *Gen Syst* 1958;3: 36-71.
- Hwang JS, You YH, Bae JJ, Khan SA, Kim JG, Choo YS. Effects of endophytic fungal secondary metabolites on the growth and physiological response of *Carex kobomugi* Ohwi. *J Coastal Res* 2011;27:544-8.
- Rodriguez RJ, Henson J, Van VE, Hoy M, Wright L, Beckwith E, Kim Y, Redman RS. Stress tolerance in plants via habitat adapted symbiosis. *ISME J* 2008;2:404-16.
- Redman RS, Sheehan KB, Stout RG, Rodriguez RJ, Henson JM. Thermotolerance conferred to plant host and fungal endophyte during mutualistic symbiosis. *Science* 2002;298: 1581.
- Waller F, Achatz B, Baltruscha TH, Fodor J, Becker K, Fischer

- M, Heier T, Hckelhoven R, Neumann C, Wettstein DV, Franken P, Kogel KH. The endophytic fungus *Piriformospora indica* reprograms barley to saltstress tolerance, disease resistance, and higher yield. *Proc Natl Acad Sci USA* 2005;102:13386-91.
23. Kim H, You YH, Yoon H, Seo Y, Kim YE, Choo YS, Lee IJ, Shin JH, Kim JG. Culturable fungal endophytes isolated from the roots of coastal plants inhabiting Korean east coast. *Mycobiology* 2014;42:100-8.