

낙동강 지류의 하천 습지에 자생하는 수생식물에서 분리된 내생균류의 다양성

유영현^{1,2} · 이명철² · 김종국^{1*}

¹경북대학교 생명과학부, ²농촌진흥청 국립농업과학원

Diversity of Endophytic Fungi Isolated from Hydrophytes in Wetland of Nakdong River

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, Jeonju 560-500, Korea

ABSTRACT : Endophytic fungal strains were isolated from 5 aquatic plant species (*Trapa japonica*, *Miscanthus sacchariflorus*, *Oenanthe javanica*, *Typha orientalis* and *Zizania latifolia*) native to river wetland of tributary in Nakdong river. Total 34 strains were purely isolated, and then its internal transcribed spacer (ITS) regions were amplified. After that, phylogenetic analysis based on ITS sequences and deduction of diversity indices were done. Fungal isolates were belonged to 17 genera, concretely in *Acremonium*, *Alternaria*, *Aspergillus*, *Cladosporium*, *Emericellopsis*, *Fusarium*, *Galactomyces*, *Leptosphaeria*, *Microsphaeropsis*, *Penicillium*, *Peyronellaea*, *Phoma*, *Pseudeurotium*, *Rhizomucor*, *Talaromyces*, *Trematosphaeria* and *Zalerion*. Especially, fungal isolates were distributed intensively in genera *Alternaria* and *Talaromyces*. This study deals with the diversity of endophytic fungal species that showing symbiotic relationship with their host aquatic plants.

KEYWORDS : Endophytic fungi, Diversity index, Fresh water, Hydrophyte, River wetland

서론

우리나라는 큰 강을 중심으로 지류에 분포하는 크고 작은 하천 습지가 많이 분포하고 있으며, 이를 서식처로 자생하는 수생식물들이 분포하기에 적합한 환경을 가지고 있다 [1]. 하천 습지는 규모에 비하여 생물다양성이 높고 생물상 발달에 유리한 측면을 가진다고 알려져 있다 [2]. 특히 국내

에는 낙동강을 따라 분포하고 있는 많은 지류들이 있고 여기에는 크고 작은 하천 습지들이 존재하고 있으며 다양한 수생식물들이 자생하고 있다.

수생식물은 담수생태계의 기초 생산자로서 하천과 담수 습지에서 수생태계의 기능과 구조를 형성하고 [3], 동식물의 서식처 제공, 정화 작용, 그 분포와 군락에 따라 퇴적 과정 [4], 용존산소량 변화 [5], 빛투과 정도 [6], 수체의 흐름 [7] 등에 많은 영향을 미친다. 또한 수생식물은 강이나 하천보다는 소택지나 강 배후 습지와 하천 습지 등에 많이 서식하며 군락을 형성하고 있다. 수생식물은 부착성 종이 부착할 수 있는 줄기, 잎, 뿌리를 증가시키고 [8], 다양한 생물 및 미생물들과 상호관계에 있지만 국내 담수생태계에 자생하는 미생물 또는 식물-내생균류에 대한 연구는 거의 없는 실정이다.

내생균류는 식물체의 잎, 줄기, 뿌리 등에 다양하게 분포하고 있으며, 염생식물 및 농작물에 대하여 식물과 공생하면서 다양한 스트레스에 대한 면역력과 생육발달에 유익한 영향을 준다고 알려져 있다 [9, 10].

국내의 담수환경에 자생하는 미생물에 대한 연구는 거의

Kor. J. Mycol. 2015 March, 43(1): 13-19
<http://dx.doi.org/10.4489/KJM.2015.43.1.13>
 pISSN 0253-651X • eISSN 2383-5249
 © The Korean Society of Mycology

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

Received March 9, 2015
 Revised March 19, 2015
 Accepted March 22, 2015

©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.

없는 실정이고 특히 수생태계에 자생하는 수생식물과의 상호관계에 있는 내생균류 자원에 대한 연구가 필요하다. 본 연구는 국내 담수환경에 자생하는 수생식물-내생균류에 대한 연구로서 낙동강 지류에 분포하고 있는 하천 습지에 자생하는 수생식물 뿌리의 내생균류를 순수 분리하여 분포 및 다양성을 분석하였다.

재료 및 방법

수생식물 채집 및 내생균류의 분리

경상북도 군위군과 고령군, 낙동강 지류의 하천 습지에서 5종의 수생식물 군락지에서 각 10개체씩 채집하였고, 채집한 수생식물은 마름(*Trapa japonica* Flerow), 물억새(*Miscanthus sacchariflorus* Hack.), 미나리(*Oenanthe javanica* DC.), 부들(*Typha orientalis* C. Presl), 및 줄(*Zizania latifolia* Turcz.)이며, 우리나라 강가 또는 담수습지에 자생하는 식물 종들이다(Table 1). 수생식물의 뿌리 부위를 세척하고, 계면활성제(tween 80)와 과염소산(perchloric acid, 1%)을 처리하였다. 그리고 식물뿌리 시료에 수분을 제거하고 3~4 cm 길이로 절단하여 실험 재료로 준비하였다. 세균의 성장을 억제하기 위하여, 스트렙토마이신(streptomycin, Sigam-aldrich, St. Louis, MO, USA)이 포함된 hagem minimal 배지를 사용하여 25°C 조건에서 배양하였다. 뿌리 시료의 끝 단면에 성장한 균사를 희석도말법으로 hagem minimal 배지에서 다시 배양하였고, potato dextrose agar (PDA; Difco, Detroit, MI, USA) 배지에 계대배양하여 형태를 관찰한 후에 균주를 선별하였다.

Genomic DNA의 추출 및 polymerase chain reaction (PCR) 반응

수생식물의 뿌리에서 분리된 내생균류의 internal transcribed spacer (ITS) 염기 서열을 해독하기 위하여 potato dextrose broth (PDB; Difco)배지에 접종하여 25°C에서 120 rpm으로 5~7일 동안 진탕 배양을 하였고 성장한 균체를 여과지에 여과한 후에 균체를 동결 건조하여 시료로 준비하였다. Genomic DNA추출을 위하여, DNeasy Plant Mini Kit (Qiagen, Germantown, MD, USA)를 이용하였고 ITS1 (5'TCC GTA GGT GAA CCT GCG G3')과 ITS4 (5'TCC

TCC GCT TAT TGA TAT GC3') 프라이머를 사용하였다 [11]. PCR 반응조건은 pre-denaturation (94°C, 4 min), denaturation (94°C, 1 min), annealing (56~58°C, 1 min), extension (72°C, 2 min), total 35 cycles, final extension (72°C, 2 min)으로 rDNA-ITS 영역을 증폭하였다. PCR 산물은 purification kit (AccuPrepPCR & Gel Extraction Kit; Bioneer, Daejeon, Korea)를 사용하여 정제한 후에 ABI 3730XL DNA analyzer (Applied Biosystems, Carlsbad, CA, USA)로 염기 서열을 해독하였다.

ITS염기 서열 분석 및 다양성 분석

해독된 염기 서열은 NCBI에 BLAST 검색을 통하여 GenBank 데이터베이스와 상동성이 높은 근연종들과 비교 및 분석을 하였다. 다양성 분석을 위하여 내생진균의 속(genus)을 이용하여, Margalef's richness (D_{mg})[12], Mehinick's index (D_{mn})[13], Shannon's diversity index (H')[14, 15], Simpson's diversity index (D)[14, 16] 등의 다양성 지수를 적용하여 각 식물에 대한 내생진균류의 다양성을 분석하였다.

수생식물에서 분리된 내생균류의 계통분석

수생식물 뿌리에서 분리된 내생균류의 계통수 작성은 MEGA 6 프로그램 [17]을 사용하였고, neighbor-joining (NJ, 1,000 bootstrap replicates) 방법으로 Kimura 2-parameter 모델을 이용하였다.

결과 및 고찰

수생식물에서 내생진균의 분리 및 계통분석

채집한 수생식물인 마름은 물 속에 긴 줄기와 뿌리가 있었고 윗부분에는 해면질로 된 방추상의 부풀 부분이 많이 생긴 상태였으며, 잎은 매우 진한 녹색을 나타낸 상태였다. 물억새는 길이가 약 1.5 m 정도 생육한 상태로 꽃대의 형성은 이루어지지 않았으며, 미나리는 지상 길이가 30~35 cm 정도에 꽃대로 보이는 부분이 형성을 시작한 단계였다. 부들은 물속에 자생하고 있는 상태에 지상부 길이가 1.3~1.5 m의 꽃이삭이 달린 상태였으며, 줄은 지상부가 1.2~1.3 m에 꽃은 피지 않은 상태였다. 채집한 각 식물 샘플은 저온

Table 1. Information of hydrophytes collected from the river wetland

Scientific name of plants	Plant code	Geographical position	GPS information	Sampling data of plants
<i>Trapa japonica</i> Flerow	TJ	Goryeong, Gyeongsangbuk-do	N 35° 44' 47" / E 128° 23' 07"	July 07
<i>Miscanthus sacchariflorus</i> Hack.	MS	Gunwi, Gyeongsangbuk-do	N 35° 16' 24" / E 128° 32' 11"	July 07
<i>Oenanthe javanica</i> DC.	OJ	Goryeong, Gyeongsangbuk-do	N 35° 44' 47" / E 128° 23' 07"	July 07
<i>Typha orientalis</i> C. Presl	TO	Gunwi, Gyeongsangbuk-do	N 35° 15' 53" / E 128° 32' 30"	July 07
<i>Zizania latifolia</i> Turcz.	ZL	Goryeong, Gyeongsangbuk-do	N 35° 44' 47" / E 128° 23' 07"	July 07

보관하여 실험 재료로 사용하였다.

5종의 수생식물 뿌리에서 내생균류 34균주를 선별하였다. 마름에서 6균주, 물억새에서 8균주, 미나리에서 6균주, 부들에서 9균주, 줄에서 5 균주가 분리 및 선별되었다(Table 2). 마름에서 *Alternaria*속, *Galactomyces*속, *Microsphaeropsis*속, *Pseudeurotium*속, *Talaromyces*속이 분리 되었고, 물억새는 *Acremonium*속, *Aspergillus*속, *Cladosporium*속, *Fusarium*속, *Penicillium*속, *Talaromyces*속이 분리되었으며,

미나리에서는 *Aspergillus*속, *Emericellopsis*속, *Fusarium*속, *Penicillium*속, *Rhizomucor*속, *Talaromyces*속이 분리되었다. 그리고 부들에서는 *Alternaria*속, *Microsphaeropsis*속, *Peyronellaea* 속, *Phoma*속, *Talaromyces*속, *Trematosphaeria*속, *Zalerion*속이 분리되었으며, 마지막으로 줄에서는 *Alternaria*속, *Cladosporium*속, *Fusarium*속, *Leptosphaeria*속이 분리되었다(Fig. 1). 내생균류는 접합균류(Zygomycota)인 *Rhizomucor*속을 제외하고는 모두 자낭균류(Ascomycota)로 확

Table 2. Endophytic fungi isolated from roots of hydrophytes in river wetland

Fungal isolates	Closest relative based on sequence homology	Similarity (%)	GenBank no.
ROJ101	<i>Aspergillustubingensis</i> KJ569519	99	KP889244
ROJ102	<i>Talaromyces flavus</i> HQ191279	99	KP889245
ROJ103	<i>Fusarium incarnatum</i> KF255427	100	KP889246
ROJ104	<i>Rhizomucor variabilis</i> JX076993	98	KP889247
ROJ105	<i>Emericellopsis humicola</i> GU390691	100	KP889248
ROJ106	<i>Penicillium paneum</i> HQ442340	100	KP889249
RMS121	<i>Aspergillus clavatus</i> AY373847	99	KP889255
RMS122	<i>Fusarium oxysporum</i> JN859433	100	KP889256
RMS123	<i>Fusarium oxysporum</i> KM282627	100	KP889257
RMS124	<i>Talaromyces flavus</i> HQ191279	99	KP889258
RMS125	<i>Penicillium brasilianum</i> KP050659	100	KP889259
RMS126	<i>Aspergillus japonicus</i> KF031031	100	KP889260
RMS127	<i>Cladosporium cladosporioides</i> KJ589558	100	KP889261
RMS128	<i>Acremonium</i> sp. KJ540100	100	KP889262
RTJ131	<i>Talaromyces flavus</i> HQ191279	100	KP889263
RTJ132	<i>Galactomyces pseudocandidum</i> JN974291	99	KP889264
RTJ133	<i>Microsphaeropsis arundinis</i> JN851022	99	KP889265
RTJ134	<i>Alternaria alternata</i> KJ412495	97	KP889266
RTJ135	<i>Pseudeurotium bakeri</i> AY129287	100	KP889267
RTJ136	<i>Talaromyces flavus</i> JQ768266	99	KP889268
RTO141	<i>Zalerion varium</i> AF169303	98	KP889269
RTO142	<i>Microsphaeropsis arundinis</i> JN851022	100	KP889270
RTO143	<i>Trematosphaeria hydrela</i> JQ435796	99	KP889271
RTO144	<i>Peyronellaeapinodella</i> KM030324	100	KP889272
RTO145	<i>Talaromyces flavus</i> JQ768266	99	KP889273
RTO146	<i>Alternaria alternata</i> KM280070	100	KP889274
RTO147	<i>Phoma</i> sp. KM979948	100	KP889275
RTO148	<i>Microsphaeropsis arundinis</i> KF852600	100	KP889276
RTO149	<i>Alternaria tenuissima</i> KM513592	97	KP889277
RZL111	<i>Fusarium equiseti</i> KJ677250	99	KP889250
RZL112	<i>Alternaria tenuissima</i> KM979980	99	KP889251
RZL113	<i>Alternaria alternata</i> KJ410044	98	KP889252
RZL114	<i>Cladosporium cladosporioides</i> KJ589558	100	KP889253
RZL115	<i>Leptosphaeria</i> sp. AB693792	98	KP889254

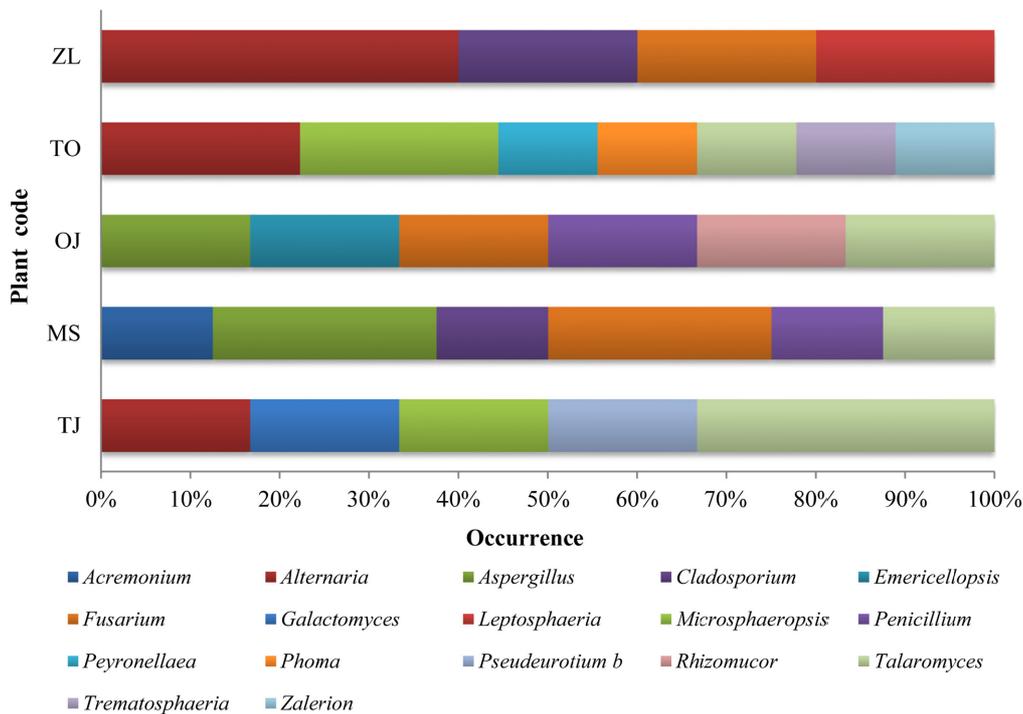


Fig. 1. Distribution of endophytic fungi according to the hydrophytes. Endophytic fungi in the level of genus. TJ, *Trapa japonica* Flerow; MS, *Miscanthus sacchariflorus* Hack.; OJ, *Oenanthe javanica* DC.; TO, *Typha orientalis* C. Presl; ZL, *Zizania latifolia* Turcz.

인되었다.

담수환경에서 분리된 모든 내생균류의 ITS 염기 서열은 NCBI GenBank에 등록하여 마름(KP889263-KP889268), 물억새(KP889255-KP889262), 미나리(KP889244-KP889249), 부들(KP889269-KP889277), 및 줄(KP889250-KP889254)에서 분리된 균주들의 accession no.를 부여받았으며 분리된 내생균류의 계통수를 작성하였다(Fig. 2).

내생균류의 다양성 분석

내생균류의 종 풍부도(species richness)를 확인하기 위하여 Margalef's richness (D_{mg})를 적용하였을 때, 마름(2.041), 물억새(2.121), 미나리(2.449), 부들(2.333), 줄(1.789)로 측정되었고, Mehinick's index (D_{mn})를 적용하면 마름(2.232), 물억새(2.404), 미나리(2.791), 부들(2.731), 줄(1.864)로 분석되었다. 종 다양성지수(species diversity)를 확인하기 위하여, Shannon's diversity index (H')를 적용하였을 때에 마름(1.561), 물억새(1.733), 미나리(1.792), 부들(1.889), 줄(1.332)로 분석되었고, Simpson's index (D)에서는 마름(0.067), 물억새(0.071), 미나리(0.000), 부들(0.056), 줄(0.100)으로 분석되었다(Table 3). Margalef's richness (D_{mg})와 Mehinick's index (D_{mn})에서는 미나리에서 가장 높은 종 풍부도를 나타내었다. 다른 식물 분리군에 비하여 총 균주 수는 적은데 골고루 분포하기 때문에 가장 높은 지수를 보여주는 것으로 생각된다. Shannon's diversity index

(H')에서는 부들이 가장 높게 나왔고, Simpson's index (D)는 물억새에서 가장 높은 지수가 도출되었다. Shannon's diversity index (H')에서 부들이 높게 나온 이유는 총 균주 수가 가장 많으면서 특정 속의 분포 비율이 높지 않은 이유이며, Simpson's index (D)에서는 줄이 가장 높은 지수로 확인된 이유는 총 균주는 적는데 반하여, 특정 속의 분포 비율이 적게 작용되었기 때문이다. 각 지수를 적용하여 종 풍부도, 종 다양성을 나타내는 지수를 확인하였고, 지수들이 가지는 우점종(dominant species), 균등성 지수(evenness index)에 대한 의미도 포함된다고 할 수 있다. 본 연구는 4종류의 종 풍부도 및 종 다양성 지수를 적용하여 담수환경에 자생하는 내생균류의 다양성을 확인하였으며, 지수의 척도가 다르기 때문에 4종류의 지수를 적용하여 비교하였다.

본 연구에서 분리된 내생균류의 속을 비교해 보면 균류 자원 중에서도 많이 분포하고 있는 *Aspergillus*속, *Penicillium*속의 비율이 높지가 않은 것으로 확인되었다. 담수환경과 다른 염환경에 자생하는 해안식물과 공생관계에 있는 내생균류와 비교했을 때에 분리되는 균류가 상이한 것으로 확인되었다[18, 19]. 그 이유는 해안식물 뿌리공생 균류와는 차이가 있는 *Galactomyces*속, *Leptosphaeria*속, *Microsphaeropsis*속, *Peyronellaea*속, *Rhizomucor*속, *Trematosphaeria*속, *Zalerion*속이 분리가 되었으며 *Aspergillus*속, *Penicillium*속, *Alternaria*속의 비율이 높은 해안 지역과는 분리

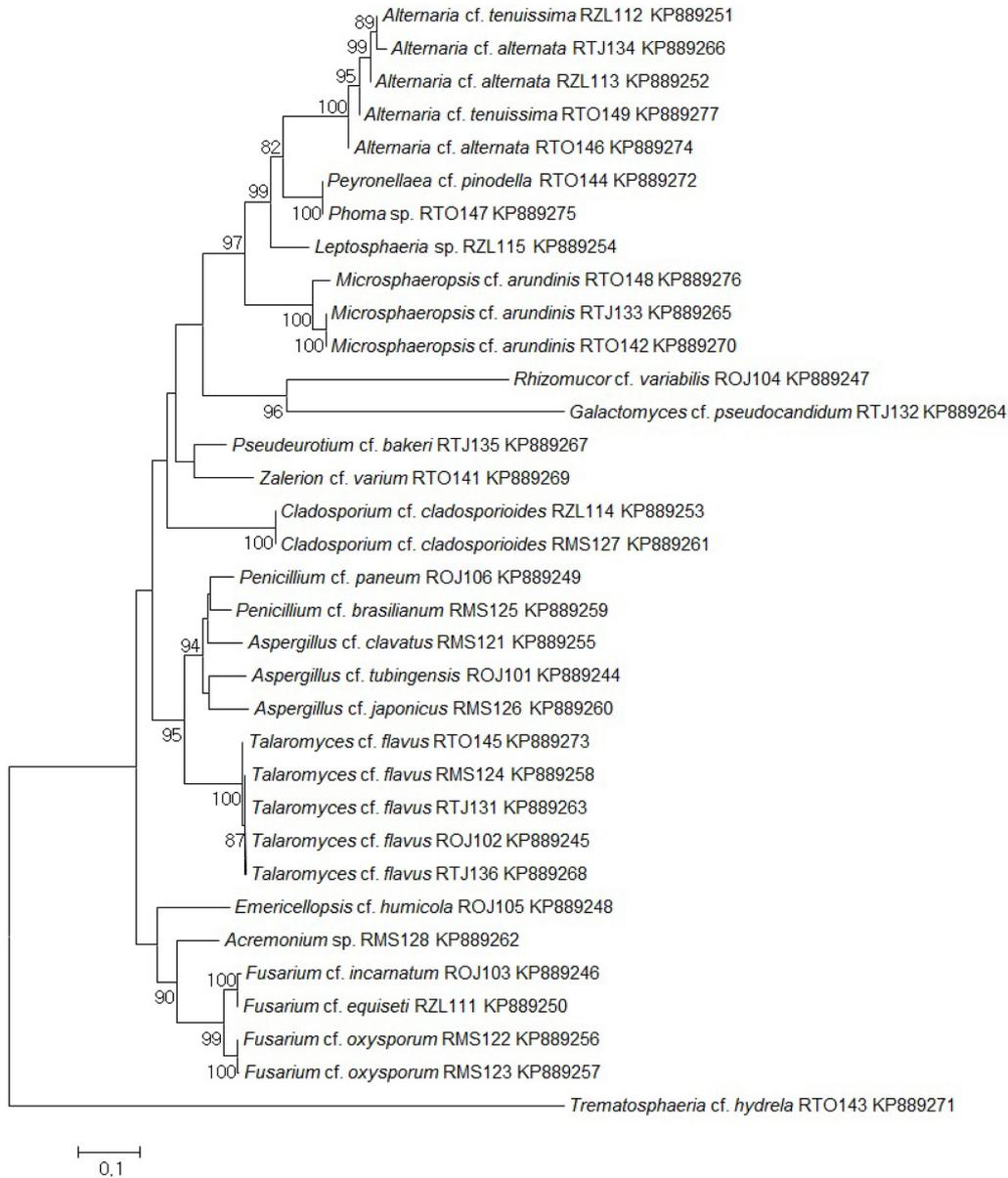


Fig. 2. Phylogenetic analysis of endophytic fungi isolated from the hydrophytes native to river wetland. This phylogenetic tree was constructed by using the neighbor-joining method (1,000 bootstrap replications). Bootstrap values (70%) are indicated at relevant nodes.

되는 균류의 분포가 상이한 결과를 도출했기 때문이다.

담수환경은 일반적인 식물이 성장하기에 수분 스트레스 등으로 인하여 이들 환경에 적응한 독특한 식물종이 자생하고 있다. 또한, 담수환경에서 자생하는 수생식물은 미생물의 도움을 받기도 하며 식물마다 받아들이는 조건과 물질 등이 다르다고 할 수 있다. 식물에 따라서 근관이나 뿌리 표피층의 두께 및 조직 등이 다르기 때문이다. 그래서 식물마다 상호관계에 있는 내생균류의 분포상과 이들 균류가 작용하는 메커니즘도 다르게 작용할 수 있으며, 스트레스 완화[20, 21], 생장 발달[22], 면역력 강화[23], 유용물질 생산[10, 21] 등에 영향을 미칠 것으로 생각된다. 수생

식물의 종은 다양하지는 않지만 이들 마다 독특한 형태를 가지고 발달 했으며 식물뿌리 형태와 구조 등에 따라 공생 미생물 또한 다를 것으로 생각된다[18, 19]. 생태학적인 측면에서 식물 종과 자생 환경에 따라 미생물의 다양성, 분포상 및 미생물의 특성은 다르다고 할 수 있다. 그리고 같은 종에 속하는 균류라고 할지라도 환경적인 메커니즘과 진화에 따라 균주가 가지는 특성은 다르기 때문이다. 국내 외적으로 수생식물-내생균류에 대한 연구는 거의 없는 실정으로 본 연구에서 보고하고자 하며, 이 연구에서 분리된 균류의 수는 작지만 분리된 균류가 일반적으로 잘 분리되는 균류가 아니며 좀 더 확대된 추가 연구가 필요하다고

Table 3. Diversity index of endophytic fungi isolated from the hydrophytes in river wetland

Fungal taxonomic	TJ	MS	OJ	TO	ZL
<i>Acremonium</i>		1			
<i>Alternaria</i>	1			2	2
<i>Aspergillus</i>		2	1		
<i>Cladosporium</i>		1			1
<i>Emericellopsis</i>			1		
<i>Fusarium</i>		2	1		1
<i>Galactomyces</i>	1				
<i>Leptosphaeria</i>					1
<i>Microsphaeropsis</i>	1			2	
<i>Penicillium</i>		1	1		
<i>Peyronellaea</i>				1	
<i>Phoma</i>				1	
<i>Pseudeurotium</i>	1				
<i>Rhizomucor</i>			1		
<i>Talaromyces</i>	2	1	1	1	
<i>Trematosphaeria</i>				1	
<i>Zalerion</i>				1	
Total	6	8	6	9	5
Margalef's richness (D_{mg})	2.041	2.121	2.449	2.333	1.789
Menhinick's index (D_{mn})	2.232	2.404	2.791	2.731	1.864
Shannon's index (H')	1.561	1.733	1.792	1.889	1.332
Simpson's index (D)	0.067	0.071	0.000	0.056	0.100

TJ, *Trapa japonica* Flerow; MS, *Miscanthus sacchariflorus* Hack.; OJ, *Oenanthe javanica* DC.; TO, *Typha orientalis* C. Presl; ZL, *Zizania latifolia* Turcz.

생각한다.

본 연구에서는 잘 보존된 수생식물의 군락에서 수생식물을 채집하여 식물에 따라 어떤 균류가 분리되는지를 확인하였고 다양성 지수를 적용하여 분석 하였다. 미생물 자원의 확보와 다양성 연구의 일환으로서 낙동강 지류의 하천 습지에 자생하고 있는 수생식물의 뿌리에서 내생균류 자원 확보와 담수환경 지역에 대한 균류 자원 연구에 기초자료가 될 것이다.

적 요

낙동강 지류의 하천에 자생하는 5종류의 수생식물인 마름, 물억새, 미나리, 부들, 및 줄을 채집하였다. 수생식물의 뿌리에서 분리된 34균주의 내생균류는 ITS영역 염기 서열을 분석하였다. 분리된 모든 내생균류들에 대하여 다양성 지수와 계통분석을 수행하였다. 내생균류는 17속으로서, *Acremonium*속, *Alternaria*속, *Aspergillus*속, *Cladosporium*속, *Emericellopsis*속, *Fusarium*속, *Galactomyces*속, *Leptosphaeria*속, *Microsphaeropsis*속, *Penicillium*속, *Peyronellaea*

속, *Phoma*속, *Pseudeurotium*속, *Rhizomucor*속, *Talaromyces*속, *Trematosphaeria*속, *Zalerion*속 등이 분리되었다. 5종류의 수생식물에서 *Alternaria*, *Talaromyces*속의 균류들이 비교적 많이 분포하고 있었다. 본 연구는 낙동강 지류의 하천 습지에 자생하는 수생식물 군락에서 공생하는 내생균류의 다양성에 대한 연구이다.

Acknowledgements

This subject is supported by Korea Ministry of Environment as "The Eco-Innovation Project".

REFERENCES

1. Kuczynska-Kippen N. Habitat choice in rotifer communities of three shallow lakes: Impact of macrophyte substratum and season. *Hydrobiologia* 2007;593:27-37.
2. Denny P. Biodiversity and wetlands. *Wetlands Ecol Manag* 1994;3:55-61.
3. Carpenter S, Lodge DM. Effects of submersed macrophytes

- on ecosystem processes. *Aquat Bot* 1986;26:341-70.
4. Clarke SJ, Wharton G. Sediment nutrient characteristics and aquatic macrophytes in lowland English rivers. *Sci Total Environ* 2001;266:103-12.
 5. Desmet NJ, Van Bellegghem S, Seuntjens P, Bouma, TJ. Buis K, Meire P. Quantification of the impact of macrophytes on oxygen dynamics and nitrogen retention in a vegetated lowland river. *Phys Chem Earth* 2011;36:479-89.
 6. Yeh TY, Ke TY, Lin YL. Algal growth control within natural water purification systems: macrophyte light shading effects. *Water Air Soil Pollut* 2011;214:575-86.
 7. Sand-Jensen K, Pedersen O. Velocity gradients and turbulence around macrophyte stands in streams. *Freshw Biol* 1999;42:315-28.
 8. Cattaneo A, Galanti G, Gentinetta S, Romo S. Epiphytic algae and macroinvertebrates on submerged and floating-leaved macrophytes in an Italian lake. *Freshw Biol* 1998;39:725-40.
 9. Khan SA, Hamayun M, Yoon H, Kim HY, Suh SJ, Hwang SK, Kim JM, Lee IJ, Choo YS, Yoon UH, et al. Plant growth promotion and *Penicillium citrinum*. *BMC Microbiol* 2008;8:231.
 10. 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.
 11. White TJ, Bruns T, Lee SB, Taylor JW. Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics. In: Innis MA, Gelfand DH, Sninsky JJ, White, TJ, editors. *PCR Protocols: a guide to methods and applications*. San Diego: Academic Press; 1990. p. 315-22.
 12. Margalef DR. Information theory in ecology. *Gen Syst* 1958;3:36-71.
 13. Whittaker RH. Evolution of species diversity in land communities. *Evol Biol* 1977;10:1-67.
 14. Lambshead PJ, Platt HM, Shaw KM. The detection of differences among assemblages of marine benthic species based on assessment of dominance and diversity. *J Nat Hist* 1983;17:859-74.
 15. Pielou EC. *Ecological diversity*. New York: John Wiley; 1975. p. 165.
 16. Simpson EH. Measurement of diversity. *Nature* 1949;163:688.
 17. Tamura K, Stecher G, Peterson D, Filipski A, Kumar S. MEGA6: molecular evolutionary genetics analysis version 6.0. *Mol Biol Evol* 2013;30:2725-9.
 18. You YH, Yoon H, Seo Y, Kim M, Kang MS, Kim C, Ha SC, Cho GY, Kim JG. Genetic diversity of culturable endophytic fungi isolated from halophytes naturally growing in Muan salt marsh. *Korean J Life Sci* 2012; 22:970-80.
 19. You YH, Seo Y, Yoon H, Kim H, Kim YE, Khalmuratova I, Rim SO, Kim C, Kim JG. Endophytic fungal diversity associated with the roots of coastal sand-dune plants in the Sinduri coastal sand dune. *Korean J Microbiol Biotechnol* 2013;41:300-10.
 20. Redman RS, Sheehan KB, Stout RG, Rodriguez RJ, Henson JM. Thermotolerance generated by plant/fungal symbiosis. *Science* 2002;298:1581.
 21. You YH, Yoon HJ, Woo JR, Seo YG, Shin JH, Choo YS, Lee IJ, Kim JG. Plant growth promotion activity of endophytic fungi isolated from the roots of *Calystegia soldanella*. *Korean J Microbiol Biotechnol* 2011;39:324-9.
 22. Rodriguez RJ, Henson J, Van Volkenburgh E, Hoy M, Wright L, Beckwith F, Kim YO, Redman RS. Stress tolerance in plants via habitat-adapted symbiosis. *ISME J* 2008;2:404-16.
 23. Waller F, Achatz B, Baltruschat H, Fodor J, Becker K, Fischer M, Heier T, Hückelhoven R, Neumann C, von Wettstein D, et al. The endophytic fungus *Piriformospora indica* reprograms barley to salt-stress tolerance, disease resistance, and higher yield. *Proc Natl Acad Sci U S A*. 2005;102:13386-91.