한 국 균 학 회 지 The Korean Journal of Mycology Research Article

주남저수지와 동판저수지의 수생식물에서 분리된 내생균류의 비교 분석

유영현[1,2] · 박종명[1,3] · 한경숙[2] · 박종한[2] · 김종국[1]*

[1]경북대학교 생명과학부, [2]국립원예특작과학원 원예특작환경과, [3]롯데중앙연구소

Comparative Analysis of Endophytic Fungi Isolated from Dominant Hydrophytes in Junam and Dongpan Wetland

Young-Hyun You[1,2], Jong Myong Park[1,3], Kyung-Sook Han[2], Jong-Han Park[2] and Jong-Guk Kim[1]*

[1]*School of Life Science, Kyungpook National University, Daegu 702-701, Korea*
[2]*Horticultural & Herbal Crop Environment Division, National Institute of Horticultural & Herbal Science, RDA, Wanju 565-852, Korea*
[3]*LOTTE R&D Center, Seoul 150-096, Korea*

ABSTRACT : *Hydrocharis dubia* Backer and *Salvinia natans* All. were sampled from the Junam and Dongpan reservoirs, representative freshwater wetlands of Korea. A total of 19 endophytic fungal strains were isolated from hydrophytes native to the Junam wetlands and 5 strains were isolated from the Dongpan wetlands. Depending on phylogenetic analysis based on internal transcribed spacer (ITS) region, strains from Junam belonged to 11 genera and from Dongpan belonged to 5 genera. *Fusarium*, *Phoma* and *Talaromyces* were commonly distributed genera from two wetlands. The fungal diversity index showed clear differences between each wetlands or each host hydrophyte. Above all, the highest diversity value was observed from *Salvinia natans* All., which have been reported as promising biological resources as eutrophication controller in environmental ecology.

KEYWORDS : Diversity index, Endophytic fungi, Freshwater wetland, Hydrophyte

서 론

습지는 해안에 위치하고 있는 연안습지, 내륙에 분포하는 담수습지로 크게 분류된다. 담수습지는 대기 중의 CO_2의 농도증가를 억제하는 기후 안정의 역할을 기본으로 하며 홍수조절, 정화작용, 동·식물 서식처 제공, 탄소-인-질소 순환 및 육상-수생태계 간의 전이지대로서 완충역할을 수행한다[1]. 담수습지는 생태학적 천이에 의해 종 다양성을 유지하는데 유리하고 타 환경의 생태계보다 높은 수준의 생물 다양성을 보이며, 복잡한 생물상 발달에 유리한 측면을 가진다고 보고되고 있다[2]. 한반도는 선사시대 이전부터 농경생활의 발달로 인해 소택지(marshland) 같은 크고 작은 담수습지가 다수 분포하고 있으며, 이들을 서식지로 하는 다양한 수생식물이 자생하기에 적합한 환경 조건을 가진다[3].

수생식물은 하천습지와 담수습지 등의 담수환경에서 특징적 군락을 형성하며 서식한다. 이들은 담수의 표면에 서식하며 광합성을 수행하는 기초생산자로서, 수생 생태계의 기능 및 구조에 영향을 미치며[4], 담수환경 하부로의 태양광 투과[5] 및 용존산소량(DO, dissolved oxygen)[6]에 지대한 영향을 미친다. 특히 수생식물의 내부조직에 내생하는 균류는 이들의 생장에 긍정적 영향을 미친다고 보고되고 있으나[7, 8], 국내 담수 생태계에 자생하는 수생식물의 내생균류에 대한 연구는 거의 이루어지지 않고 있다.

일반적으로 내생균류는 식물의 잎과 뿌리에 많이 분포하고 있으며 수생식물, 염생식물 혹은 작물과 공생하면서 induced systemic resistance (ISR), plant growth promoting fungi (PGPF) 효과로서 숙주식물의 생육 및 발달에

Kor. J. Mycol. 2015 June, **43**(2): 92-98
http://dx.doi.org/10.4489/KJM.2015.43.2.92
pISSN 0253-651X • eISSN 2383-5249
© The Korean Society of Mycology

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

Received June 11, 2015
Revised June 17, 2015
Accepted June 17, 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.

긍정적인 영향을 미치며[9], 환경적 스트레스에 대한 식물체의 면역력을 증가시킨다고 보고되고 있다[10, 11].

본 연구는 경남지역의 주남저수지와 동판저수지에 우점하고 있는 2종의 수생식물에서 내생균류를 분리하여 습지에 따른 내생균류의 분포상 및 다양성을 비교 및 분석하였다.

재료 및 방법

경상남도 창원시에 분포하고 있는 주남저수지에서 수생식물인 소생식물목 자라풀(*Hydrocharis dubia* Backer; 35°18'25.46"N, 128°40'28.73"E)과 양치식물 고사리목에 속하는 생이가래(*Salvinia natans* All.; 35°18' 25.46"N, 128°40' 28.73"E)를 각각 10개체씩 채집하였고, 동판저수지에서도 2종의 우점종인 자라풀과 생이가래를 채집하였다. 이들은 주로 물 위에 자생하는 부유식물 종으로서 주남저수지와 동판저수지의 자라풀(*Hydrocharis dubia* Backer)은 70~80 cm의 길이에 꽃대가 형성된 상태였다. 생이가래(*Salvinia natans* All.)는 개체의 길이가 7~9 cm 정도로서 군락을 형성한 상태였다.

채집한 식물시료의 생리적 변화를 방지하기 위해 채집 장소의 담수와 함께 채취하여 4°C를 유지하며 이동하였다. 식물시료의 뿌리에 멸균수를 분무하여 이물질을 제거하였으며, 식물체 표면의 정주균 및 수생 미생물을 배제하기 위하여 멸균된 0.1% Tween 80을 표면에 10분간 처리한 후에 멸균수로 세척하였으며, 1.0% 과염소산(perchloric acid)을 10분씩 2회 처리한 후 SDW로 세척하였다[12, 13]. 이후에 멸균 건조된 거즈를 사용하여 뿌리 시료의 수분을 제거하고, 시료를 2~4 cm의 길이로 절단하였다. 뿌리 시료의 내생세균을 배제하기 위해 스트렙토마이신(streptomycin; Sigma-Aldrich, St. Louis, MO, USA) 80 ppm이 함유된 Hagem minimal medium에 접종하여 25°C 항온 조건하에서 7일간 배양하였다[14, 15]. 내생균류의 순수분리를 위해 동일 배지 및 동일 배양 환경에서 계대배양과 potato dextrose agar (PDA; Difco, Detroit, MI, USA)배지를 사용하여 동일한 배양조건하에서 계대배양하여 형태학적으로 상이한 균류들을 선발하였다.

2종의 수생식물 뿌리에서 분리된 내생균류를 각각 potato dextrose broth (PDB) 배지에 접종하여 25°C에서 120 rpm으로 7일간 진탕 배양하였고, 생장한 균체를 취하여 여과한 후에 2일간 동결 건조하였다. 건조된 균체로부터 genomic DNA의 추출은 DNeasy Plant Mini Kit (Qiagen, Germantown, MD, USA)를 이용하였고, internal transcribed spacer (ITS) 영역의 증폭을 위한 프라이머는 ITS1과 ITS4를 사용하였다[16]. 증폭된 PCR product는 purification kit (AccuPrep PCR & Gel Extraction Kit; Bioneer, Daejeon, Korea)를 사용하여 정제한 후 ABI 3730XL DNA analyzer (Applied Biosystems, Carlsbad, CA, USA)로 ITS 영역 염기서열을 해독하였다[7, 11].

해독된 ITS 염기서열은 NCBI의 GenBank database에서 Blast 검색을 통해 상동성이 높은 근연종의 서열들과 비교 분석하였다. 계통학적 유연관계 분석은 MEGA 프로그램(Version 6.0)을 사용하였으며[17], 염기서열들을 maximum likelihood 방법으로 Kimura 2-parameter 상수모델 알고리즘(1,000 bootstrap replications)을 이용하여 phylogenetic tree를 작성하였다.

수생식물의 뿌리에서 분리된 내생균류들은 다양성 분석을 통하여 각 숙주 식물체마다 균류의 다양성 지수의 변화 패턴을 분석하였다. 다양성 분석은 내생균류의 속을 대상으로 하였고 Margalef's richness (D_{mg})[18], Mehinick's index (D_{mn})[19]를 사용하였다.

결과 및 고찰

수생식물 별로 내생균류의 분리패턴을 보면 주남저수지에서 우점하고 있던 자라풀의 경우 총 6균주가 분리되었으며 이들은 각각 5개의 속(*Cladosporium*, *Pestalotiopsis*, *Talaromyces*, *Trichoderma*, *Stagonosporopsis*)에 속하는 것으로 확인되었고, 생이가래의 경우 총 13균주가 분리되었으며 이들은 각각 7개의 속(*Alternaria*, *Cladosporium*, *Epicoccum*, *Fusarium*, *Paraconiothyrium*, *Phaeosphaeriopsis*, *Phoma*)에 속하는 것으로 확인되었다. 동판저수지에서 우점하고 있던 자라풀의 경우 5균주가 분리되었으며, 이들은 총 4개의 속(*Fusarium*, *Penicillium*, *Phoma*, *Talaromyces*)에 속하는 것으로 확인되었고, 생이가래의 경우 총 4균주가 분리되었으며 각각4개의 속(*Fusarium*, *Phoma*, *Rhizomucor*, *Talaromyces*)에 속하는 것으로 확인되었다(Table 1, Fig. 1).

두 습지 지역의 자라풀에서 분리된 공통 균류는 *Talaromyces*속이 유일하였고, 생이가래의 경우 *Fusarium* 및 *Phoma*속이 공통적으로 분리가 되었으며 나머지 균류는 모두 다른 경향을 보였다. 그리고 자라풀에서 분리된 내생균류의 경우 주남저수지에서 *Cladosporium*, *Pestalotiopsis*, *Stagonosporopsis*, *Trichoderma*속이 차별화되어 특이적으로 분리되었고, 동판저수지에서는 *Fusarium*, *Penicillium*, *Phoma*속이 특이적으로 분리되었다. 생이가래에서 분리된 내생균류는 주남저수지에서 *Alternaria*, *Cladosporium*, *Epicoccum*, *Paraconiothyrium*, *Phaeosphaeriopsis*속이 차별화되어 특이적으로 분리되었고, 동판저수지에서는 *Rhizomucor*, *Talaromyces*속이 특이적인 것을 확인하였다(Table 2).

전체적으로 분리되는 균류를 확인해보면, 식물병원성을 가지는 종들이 많이 분포하고 있는 *Alternaria*, *Cladosporium*, *Fusarium, Rhizomucor, Pestalotiopsis*와 지금까지 연구가 많이 이루어지지 않은 *Epicoccum, Paraconiothyrium, Stagonosporopsis*도 확인되었다.

두 담수습지에서 수생식물별로 차별화된 내생균류의 분포를 보이고 있는데 이러한 현상의 원인으로는 첫째, 두 지

Table 1. Endophytic fungi isolated from hydrophytes in Junam and Dongpan wetlands

Fungal isolates	NCBI blast search	Similarity (%)	Accession No.
6R1HD01	*Stagonosporopsis cucurbitacearum* (KF841581)	100	KT037414
6R1HD02	*Trichoderma koningiopsis* (KP898753)	99	KT037415
6R1HD03	*Cladosporium uredinicola* (KP216999	99	KT037416
6R1HD04	*Pestalotiopsis telopeae* (KM199296)	100	KT037417
6R1HD05	*Talaromyces amestolkiae* (JX965214)	99	KT037418
6R1HD06	*Cladosporium cladosporioides* (KP689250)	100	KT037419
6R2SN01	*Cladosporium cladosporioides* (KM877468)	100	KT037420
6R2SN02	*Phoma fungicola* (KC357253)	99	KT037421
6R2SN03	*Cladosporium cladosporioides* (KP689250)	100	KT037422
6R2SN04	*Cladosporium uredinicola* (KP216984)	100	KT037423
6R2SN05	*Alternaria alternata* (KP278177)	100	KT037424
6R2SN06	*Phoma fungicola* (KC357253)	100	KT037425
6R2SN07	*Phaeosphaeriopsis* sp. (JQ846053)	100	KT037426
6R2SN08	*Cladosporium uredinicola* (KR019741)	100	KT037427
6R2SN09	*Paraconiothyrium brasiliense* (JN198451)	100	KT037428
6R2SN10	*Cladosporium cladosporioides* (KM246242)	100	KT037429
6R2SN11	*Epicoccum nigrum* (KP900729)	100	KT037430
6R2SN12	*Alternaria alternata* (KP288493)	100	KT037431
6R2SN13	*Fusarium verticillioides* (KM434131)	100	KT037432
6R3HD01	*Fusarium verticillioides* (KM434131)	100	KT037433
6R3HD02	*Phoma rhei* (JF502446)	98	KT037434
6R3HD03	*Talaromyces cellulolyticus* (KM458826)	100	KT037435
6R3HD04	*Fusarium proliferatum* (KM231816)	100	KT037436
6R3HD05	*Penicillium spinulosum* (JF327828)	99	KT037437
6R4SN01	*Talaromyces aurantiacus* (NR_103681)	98	KT037438
6R4SN02	*Rhizomucor variabilis* (JQ776538)	99	KT037439
6R4SN03	*Fusarium verticillioides* (KP881512)	100	KT037440
6R4SN04	*Phoma* sp. (KF852596)	98	KT037441

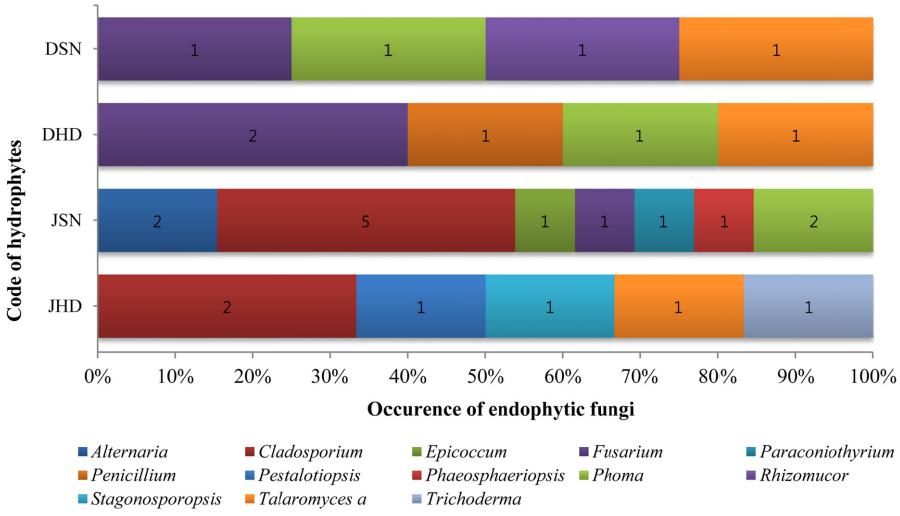

Fig. 1. Genus level of endophytic fungi isolated from the hydrophytes in Junam and Dongpan wetlands. Occurrence of endophytic fungi isolated from the hydrophytes in Junam and Dongpan wetlands. JHD, *Hydrocharis dubia* collected from Junam wetlands; JSN, *Salvinia natans* collected from Junam wetlands; DHD, *Hydrocharis dubia* collected from Dongpan wetlands; DSN, *Salvinia natans* collected from Dongpan wetlands.

Table 2. Taxonomic distribution of endophytic fungi isolated from Junam and Dongpan wetlands

Junam wetland	Dongpan wetland	Distribution genus
Fusarium	*Fusarium*	
Phoma	*Phoma*	Same genus
Fusarium	*Fusarium*	
Alternaria	*Penicillium*	
Cladosporium	*Rhizomucor*	
Epicoccum		
Paraconiothyrium		Distinctive genus
Pestalotiopsis		
Phaeosphaeriopsis		
Stagonosporopsis		
Trichoderma		
11 genera	5 genera	

역의 습지가 아주 가깝게 있지만 두 지역의 환경이 상이한 데에서 기인된 것으로 생각되며, 각 환경 조건에 독자적으로 적응한 결과로 보인다. 물론 본 연구의 결과만으로 주남저수지와 동판저수지에 자생하는 내생균류의 다양성에 대하여 명확하게 논하기 어려울 수 있으나, 전체 13속 가운데 공통되는 3속을 제외하면 각 10속이 상이하다는 결과를 나타내었다. 이로 미루어 볼 때 같은 식물종이라도 자생하는 환경에 따라 분리되는 균주가 다르게 나타나며, 이는 특정한 육상 지형구조에 담수가 고여있는 내륙습지라는 생태환경에 자생하는 내생균류가 차별화되어 적응한 결과로 생각된다. 둘째, 담수식물 마다 뿌리 표피 층의 두께와 근관이 다르기 때문에 수생식물 종 별로 상호작용하는 내생균류 분포상이 식물 종마다 다르다고 할 수 있을 것이다. 수생식물의 종은 다양하지 않으나 수생태계에서 독립적인 형태학적 특징을 가지고 발달 되었으며, 식물뿌

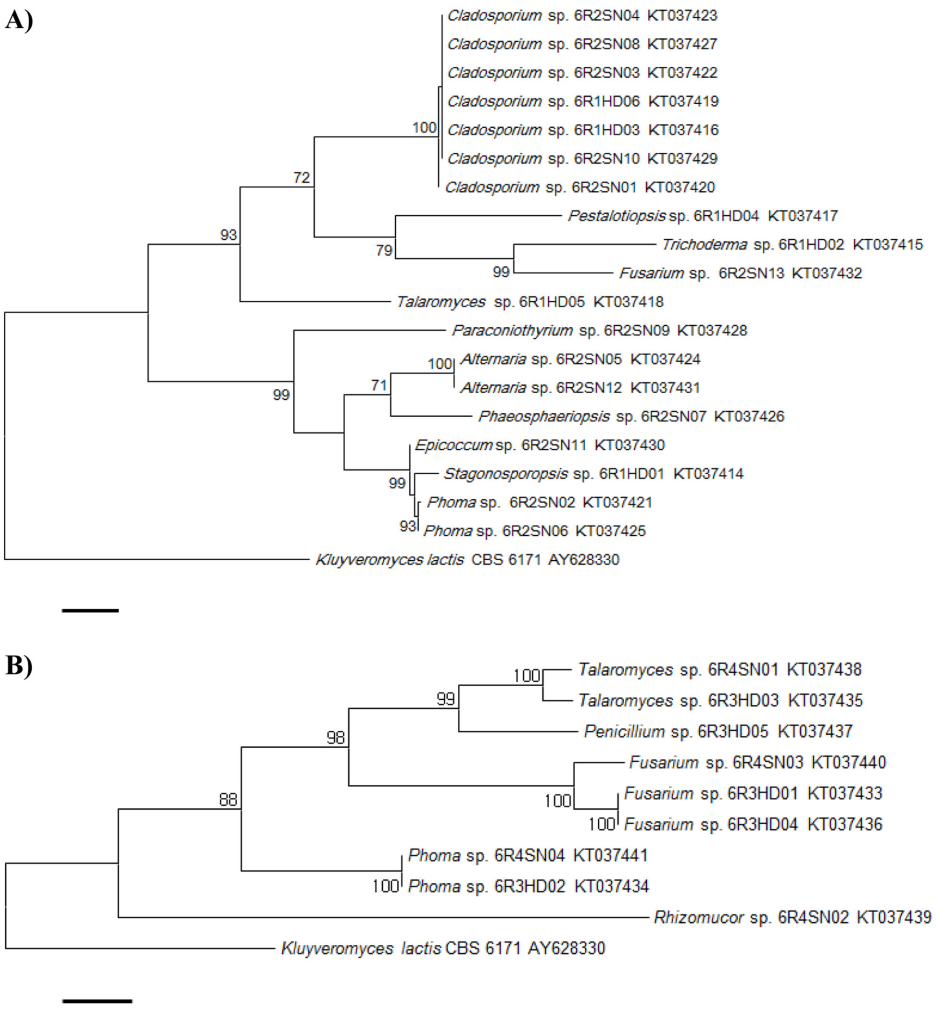

Fig. 2. Phylogenetic analysis of endophytic fungi isolated from the hydrophytes in Junam and Dongpan wetlands. This phylogenetic tree was constructed by using the neighbor-joining method (1,000 bootstrap replications). Bootstrap values (70%) are indicated at relevant nodes. Dendrogram of endophytic fungi isolated from the hydrophytes in (A) Junam wetland and (B) Dongpan wetlands (scale bar = 0.05).

리 형태와 구조 등에 따라 분포하는 미생물의 다양성과 분포상 및 내생균류도 다를 것으로 생각된다[7, 12, 13, 15]. 현재까지 국내외적으로 담수습지에 자생하는 수생식물과 내생균류에 대한 연구는 많이 이루어지지 않아 보다 확대된 연구가 필요할 것이다.

두 지역의 담수습지에서 분리된 내생균류의 ITS 염기서열은 NCBI GenBank에 등록하였고, 주남저수지에서 채집된 자라풀(KT037414~KT037419), 생이가래(KT037420~KT037432)와 동판저수지에서 채집된 자라풀(KT037433~KT037437), 생이가래(KT037438~KT037441)의 내생균류에 대한 accession number를 부여 받았다(Table 1). 그리고 두 지역의 담수습지에서 분리된 내생균류들의 유연관계를 확인하기 위하여, 각 습지마다 분리된 내생균류의 ITS 염기서열을 이용하여 계통수를 작성하였다(Fig. 2). 주남저수지와 동판저수지에서 분리된 내생균류에 대한 종 풍부도(species richness)는 Margalef's richness와 Mehinick's index를 적용하여 분석하였다. Margalef's richness를 적용한 경우, 주남저수지에서 분리된 내생균류의 다양성지수는 각각 자라풀(2.232), 생이가래(2.339)로 분석되었고, 동판저수지에서 분리된 자라풀(1.864), 생이가래(2.164)로 분석되었다. Mehinick's index를 적용한 경우 주남저수지에서 분리된 내생균류의 지수는 각각 자라풀(2.041), 생이가래(1.941)로 분석되었고, 동판저수지에서 분리된 자라풀(1.789), 생이가래(2.000)로 분석되었다(Table 3). Margalef's richness을 적용한 분석에서는 주남저수지의 생이가래에서 분리된 내생균류가 가장 높은 종 풍부도를 나타내었고, Mehinick's index를 적용한 분석에서 주남저수지의 자라풀에서 분리된 내생균류가 가장 높은 지수의 결과값이 도출되었다. Margalef's richness와 Mehinick's index를 적용한 분석에서 주남저수지에 자생하는 자라풀과 생이가래에서 동판저수지의 경우보다 속의 다양한 정도가 많기 때문에 지수가 높게 분석된 것으로 평가된다. Mehinick's index도 종 풍부도를 분석하는 지수로서 Margalef's richness와 비슷한 개념을 가지고 있으며 분석된 지수도 Margalef's richness와 유사한 결과 값이 분석되었다.

본 연구에 활용된 2종의 식물들은 모두 담수 생태계에 자생하는 종들로서 담수환경에서 서식 위치에 따른 구체적인 생태학적 분류는 다음과 같다. 자라풀과 생이가래는 일반적으로 습윤한 물에서 생육하며 물속 유기물을 흡수하고 물을 정화시키는 식물인 수생식물의 범위에 포함되어 있다. 이들을 분류학적으로 세분화하면 다음과 같다. 2종의 식물은 모두 관다발 식물에 속하고 자라풀은 다년생 식물로서 꽃을 형성하고 열매를 맺는다. 그러나 양치식물인 생이가래만은 한해살이 식물로서 꽃과 열매를 생성하지 않지만 포자를 통해 무성생식으로 번식한다. 본래 양치식물은 타 관다발 식물보다 훨씬 원시적인 식물형태로, 관다발식물의 진화에서 중요한 위치를 차지한다. 양치식물은 환경변화가 극심한 원시 환경에서 적응되어 진화된 형태의 관다발 식물에 비해 훨씬 다양한 환경에 적응가능하며 포자를 통해 폭발적으로 번식하는데, 이런 강한 번식력을

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

Genus	JHD	JSN	DHD	DSN
Alternaria		2		
Cladosporium	2	5		
Epicoccum		1		
Fusarium		1	2	1
Paraconiothyrium		1		
Penicillium			1	
Pestalotiopsis	1			
Phaeosphaeriopsis		1		
Phoma		2	1	1
Rhizomucor				1
Stagonosporopsis	1			
Talaromyces	1		1	1
Trichoderma	1			
No. of species	6	13	5	4
No. of genus	5	7	4	4
Margalef's richness (D_{mg})	2.232	2.339	1.864	2.164
Mehinick's index (D_{mn})	2.041	1.941	1.789	2.000

JHD, *Hydrocharis dubia* collected from Junam wetlands; JSN, *Salvinia natans* collected from Junam wetlands; DHD, *Hydrocharis dubia* collected from Dongpan wetlands; DSN, *Salvinia natans* collected from Dongpan wetlands.

바탕으로 수생환경에서 인과 질소를 효율적으로 제거하여 수질을 정화하고 부영양화를 억제한다. 따라서 생이가래는 변화가 극심하고 오염되어 가는 현재 환경에서 중요한 식물자원으로 평가되고 있으며, 생이가래에 대해 일반적으로 식물생장과 깊은 연관이 있다고 알려진 내생균류에 대한 연구는 중요해질 것으로 생각된다[20]. 그러나 이들은 순식간에 담수 표면을 덮어 태양광을 차단해 수중 산소 농도를 감소시킨다. 결론적으로 가장 뛰어난 부영양화 제어 수단인 동시에 적절한 생장 조절이 필요하며, 식물생장에 영향을 미치는 내생미생물의 역할이 중요할 것으로 생각된다. 이러한 양치식물의 내생 미생물 및 타 식물 내생 미생물과의 비교 분석학적 연구는 국내외적으로 그 수가 매우 적으며[20], 본 연구에서 분리된 *Alternaria* sp. [21], *Cladosporium* sp. [21], *Epicoccum* sp. [21], *Fusarium* sp. [22], *Penicillium* sp. [23], *Pestalotiopsis* sp. [22], *Phoma* sp. [24], *Talaromyces* sp. [24], *Trichoderma* sp. [22]에 대하여 식물 내생균류에 대한 연구로서 국외에서도 연구가 이루어지고 있는 추세이다.

본 연구에서는 다른 식물종과 차별화되는 특성을 가진 양치식물인 생이가래에서 내생균류의 다양성이 높게 나타났는데(Table 3), 이는 양치식물이 원시적인 관다발 식물 진화의 초기에 나타난 식물로서 미생물과의 공생이 오랜 기간 이루어진 점에 기인된 것으로 생각된다. 생이가래의 중요한 환경적 기능과 높은 다양성을 보인 이들의 내생균류 응용에 대한 연구가 필요한 것으로 생각된다. 두 지역의 담수환경에 자생하는 수생식물들에서 각 식물종에 따라 어떠한 내생균류가 분포하고 있는지 비교 분석 하였으며, 유용미생물 자원 및 다양성 확보 연구의 일환으로서 수행되었다. 또한 담수습지에 자생하는 수생식물에 대한 균류자원 연구에 기초 자료가 될 것으로 생각한다.

적 요

대표적인 담수습지인 경상남도 창원시 주남저수지와 동판저수지에서 우점하는 수생식물종인 자라풀 및 생이가래를 채집하였다. 주남저수지의 자생식물 뿌리에서 19균주와 동판저수지의 자생식물 뿌리에서 9균주를 순수분리 하였다. 이들 내생균류들의 internal transcribed spacer (ITS) 영역 염기서열을 분석하여 계통수를 작성한 결과 분리된 28균주는 주남저수지의 경우 11속, 동판저수지의 경우 5속에 속하는 것으로 확인되었으며, 두 습지에서 모두 13속의 내생균류가 분리되었다. 이들 중 담수습지별로 공통적으로 분리된 균주는 *Fusarium*, *Phoma* 및 *Talaromyces*속으로 확인되었다. 담수습지 및 식물종별 내생균류의 다양성을 분석하였을 때 각각 상이한 지수를 보였으며, 그들 중 환경생태학적으로 중요한 위치를 차지하는 생이가래가 높은 지수를 나타내었다.

Acknowledgements

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

REFERENCES

1. Whitaker V, Matvienko B. The denitrification potential and hydrological conditions in the wetlands of the Lobo resevoir. In: Proceeding of Verhandlungen Internationale Vereinigung für Theoretische und Angewandte Limnologie; 1995 Jul 23-29; São Paulo, Brazil. International Association of Theoretical & Applied Limnology; 1995. p.1377-82.
2. Denny P. Biodiversity and wetlands. Wetlands Ecol Manag 1994;3:55-61.
3. Kuczynska-Kippen N. Habitat choice in rotifer communities of three shallow lakes: impact of macrophyte substratum and season. Hydrobiologia 2007;593:27-37.
4. Carpenter SR, Lodge DM. Effects of submersed macrophytes on ecosystem processes. Aquatic Bot 1986;26:341-70.
5. 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.
6. Desmet NJ, Van Belleghem 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.
7. You YH, Kang SM, Choi YM, Lee MC, Kim JG. Gibberellins production and identification of endophytic fungi isolated from aquatic plant in fresh water. Kor J Mycol 2015;43:71-6.
8. You YH, Kwak TW, Kang SM, Lee MC, Kim JG. *Aspergillus clavatus* Y2H0002 as a new endophytic fungal strain producing gibberellins isolated from *Nymphoides peltata* in fresh water. Mycobiology 2015;43:87-91.
9. 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.
10. Redman RS, Sheehan KB, Stout RG, Rodriguez RJ, Henson JM. Thermotolerance generated by plant/fungal symbiosis. Science 2002;298:1581.
11. 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 USA 2005;102:13386-91.
12. 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. Kor J Life Sci 2012;22:970-80.
13. 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, Korea. Kor J Microbiol Biotechnol 2013;41:300-10.
14. Khan SA, Hamayun M, Yoon HJ, 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.
15. 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.
16. White TJ, Bruns TD, Lee SB, Taylor JW. Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics. In: Innis MA, Gelfand DH, Sninsky JJ, editors. PCR protocols: a guide to methods and applications. San Diego: Academic Press; 1990. p. 315-22.
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. Margalef DR. Information theory in ecology. Gen Syst 1958; 3:36-71.
19. Whittaker RH. Evolution of species diversity in land communities. Evol Biol 1977;10:1-67.
20. Fernández NV, Messuti MI, Fontenla SB. Occurrence of arbuscular mycorrhizas and dark septate endophytes in pteridophytes from a patagonian rainforest, Argentina. J Basic Microbiol 2013;53:498-508.
21. Wężowicz K, Rozpądek P, Turnau K. The diversity of endophytic fungi in *Verbascum lychnitis* from industrial areas. Symbiosis 2014;64:139-47.
22. Bezerra JD, Santos MG, Barbosa RN, Svedese VM, Lima DM, Fernandes MJ, Gomes BS, Paiva LM, Almeida-Cortez JS, Souza-Motta CM, et al. Fungal endophytes from cactus *Cereus jamacaru* in Brazilian tropical dry forest: a first study. Symbiosis 2013;60:53-63.
23. Carvalho CR, Gonçalves VN, Pereira CB, Johann S, Galliza IV, Alves TM, Rabello A, Sobral ME, Zani CL, Rosa CA, et al. The diversity, antimicrobial and anticancer activity of endophytic fungi associated with the medicinal plant *Stryphnodendron adstringens* (Mart.) Coville (*Fabaceae*) from the Brazilian savannah. Symbiosis 2012;57:95-107.
24. Soltani J, Hosseyni Moghaddam MS. Fungal endophyte diversity and bioactivity in the Mediterranean cypress Cupressus sempervirens. Curr Microbiol 2015;70:580-6.