

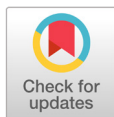
RESEARCH ARTICLE

독도에서 새롭게 발견된 *Xylodon flaviporus*조종원¹, 광영남¹, 조성은¹, 한상국¹, 한재구², 오승환¹, 김창선^{1,*}¹국립수목원 산림생물다양성연구과²농촌진흥청 국립원예특작과학원*Xylodon flaviporus*, a Newly Recorded Macrofungi in Dokdo, South KoreaJong Won Jo¹, Young-Nam Kwag¹, Sung Eun Cho¹, Sang-Kuk Han¹, Jae-Gu Han², Seunghwan Oh¹, Chang Sun Kim^{1,*}¹Forest Biodiversity Division, Korea National Arboretum, Pocheon 11186, Korea²Mushroom Research Division, National Institute of Horticultural and Herbal Science, Rural Development Administration, Eumseong 27709, Korea

*Corresponding author: changsun84@korea.kr

ABSTRACT

In 2017, we collected a wood-decay fungus growing on a dead and decaying herbaceous plant (*Reynoutria sachalinensis* (F. Schmidt) Nakai) in Dokdo, the far-eastern island of South Korea. Morphologically, this species is characterized by resupinate, coriaceous to corky basidiocarps, poroid hymenophores, pseudodimitic hyphal system, and ellipsoid basidiospores. Based on morphological observation and internal transcribed spacer of ribosomal DNA, the fungus was identified as *Xylodon flaviporus* (Berk. & M.A. Curtis ex Cooke) Riebesehl & Langer. It is only the second macrofungal species reported from Dokdo, and *R. sachalinensis* is the first herbaceous plant to be identified as a host for *X. flaviporus*.

Keywords: Dokdo, Phylogeny, *Reynoutria sachalinensis*, *Xylodon flaviporus*

OPEN ACCESS

pISSN : 0253-651X
eISSN : 2383-5249Kor. J. Mycol. 2019 September, 47(3): 241-7
<https://doi.org/10.4489/KJM.20190028>Received: June 01, 2019
Revised: August 09, 2019
Accepted: August 13, 2019
© 2019 THE KOREAN SOCIETY OF MYCOLOGY.

This is an Open Access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution-Non-Commercial License (<http://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0/>) which permits unrestricted non-commercial use, distribution, and reproduction in any medium, provided the original work is properly cited.

서론

한반도의 가장 동쪽에 위치한 독도는, 큰 2개의 화산섬인 동도와 서도 외 89개의 작은 부속섬으로 이루어져 있으며, 천연기념물 제336호로 지정되어 관리되고 있다. 독도는 접근이 용이하지 않음에도 불구하고 섬생물지리학 및 진화적으로 학술적 연구 가치가 높아[1] 다양한 생물들에 대한 조사가 이루어져 왔다. 지속적인 식물상 연구[2-5] 및 곤충상 연구[6-8]가 수행되었고 그 외에 토양선충[9], 독도 주변해역의 어류[10], 해조류[11] 등에 대한 연구도 진행되어 왔다. 미생물에 대한 조사로는, 식물 근권세균[12]과 내생진균[13]에 대한 연구가 수행되었지만 버섯의 경우 2013년 동도에서 발견된 여름잡살떡버섯(*Bovista aestivalis*)이 첫 기록으로, 버섯의 분포는 거의 알려져 있지 않다[14]. 본 연

구를 통하여 독도에 서식하고 있는 버섯 1종을 추가로 발견하였고, 이를 새로운 기주식물과 함께 보고하고자 한다.

재료 및 방법

표본 수집 및 형태 관찰

2017년 9월, 독도의 주요 섬인 동도와 서도의 접근이 용이한 모든 지역을 대상으로 버섯상 조사를 수행하였다. 채집된 버섯은 사진 촬영 후 채집장소, 서식처, 기주 등 정보를 기재하였고 열풍 건조 후 국립수목원 산림생물표본관(Herbarium of the Korea National Arboretum; KH)에 보관하였다. 형태동정을 위해 1% Congo Red 용액으로 자실체의 절편을 염색 후 광학현미경(Olympus, BX53, Tokyo, Japan)을 이용하여 담자포자, 담자기, 낭상체 등의 미세구조를 관찰하였다. 또한, ProgRes CapturePro v.2.8.8 (Jenoptik Co.) 프로그램을 이용하여 각 미세구조의 길이를 측정하였다.

DNA 추출, PCR 증폭 및 염기서열 분석

Cetyl Trimethyl Ammonium Bromide (CTAB) 방법[15]을 사용하여 자실체의 조직으로부터 DNA를 추출하였고 ITS5/ITS4 primer[16]를 사용하여 균류 바코드 영역인 Internal Transcribed Spacer of rDNA (ITS) 염기서열을 분석하였다. Polymerase Chain Reaction (PCR) 조성은 0.5 pM의 각 primer, 0.25 mM의 dNTP, 1.5 mM의 MgCl₂, 10 mM의 Tris-HCl, 50 mM KCl, 2.5 U의 *Taq* DNA polymerase 그리고 15 ng의 genomic DNA로 하였다. PCR 반응 조건은 initial denaturation을 94°C에서 4분 시행 후 denaturation을 94°C 40초, annealing을 52°C에서 40초, extension을 72°C에서 60초로 34 cycle을 반응시킨 후 72°C에서 8분간 처리하였다. PCR 산물은 Macrogen (Seoul, Korea)에 의뢰하여 염기서열을 결정하였다. 계통수 작성에 앞서 독도에서 발견된 버섯의 ITS영역 염기서열을 blast search를 통하여 *Xylodon* (Pers.) Gray 속에 속하는 것을 확인하였고 이를 바탕으로 GenBank database에 등록된 *Xylodon*의 근연속인 *Lyomyces*, *Hyphodontia*, *Kneiffiella*의 염기서열들을 계통수 분석에 사용하였다 (Table 1). 선택된 염기서열들은 ClustalX v. 1.81[17]를 이용하여 정렬 후 PHYDIT v. 3.2[18] 프로그램으로 편집하였고 계통수 분석은 PAUP* v. 4.0 b10[19]을 이용한 Maximum parsimony (MP) bootstrap analysis와 MrBayes v. 3.1.2을 이용한 Bayesian inference (BI)[20]에 기반하여 수행하였다. BI 분석에는 jModeltest[21]를 수행하여 선정된 GTR+I+G 모델을 사용하였다.

Table 1. Information of ITS sequences used in this study

Species	Voucher	Locality	GenBank Accession No.
<i>Hyphodontia arguta</i>	FR-0219451	France	KR349243
<i>Hyphodontia borbonica</i>	FR-0219441	France	KR349240 ^T
<i>Hyphodontia subdetritica</i>	FR-0261085	France	KY081793
<i>Kneiffiella decorticans</i>	SP415980	Argentina	KY081795
<i>Kneiffiella efibulata</i>	GB-0151167	Sweden	KY081796 ^T
<i>Lyomyces erastii</i>	23cSAMHYP	Spain	JX857800
<i>Lyomyces juniperi</i>	FR-0261086	France	KY081799
<i>Lyomyces microfasciculatus</i>	TNM F24757	Taiwan	JN129976 ^T
<i>Lyomyces vietnamensis</i>	TNM F9073	Vietnam	JX175044 ^T
<i>Xylodon apacheriensis</i>	Canfield180	USA	KY081800 ^T
<i>Xylodon flaviporus</i>	FCUG 1534	Romania	AF145573
<i>Xylodon flaviporus</i>	FCUG 2233	Turkey	AF145574
<i>Xylodon flaviporus</i>	FCUG 1053	Romania	AF145575
<i>Xylodon flaviporus</i>	ICMP 13836	Taiwan	AF145585
<i>Xylodon flaviporus</i>	CFMR:DLL2011-13 4	USA	KJ140637
<i>Xylodon flaviporus</i>	KUC20130808-17	South Korea	KJ668462
<i>Xylodon flaviporus</i> *	KA17-0796	South Korea	MK920119
<i>Xylodon lenis</i>	Wu890714-3	Taiwan	KY081802 ^T
<i>Xylodon mollissimus</i>	LWZ 20160318-3	China	KY007517 ^T
<i>Xylodon mollissimus</i>	Yuan 4562	China	KY007519
<i>Xylodon nothofagi</i>	ICMP 13839	New Zealand	AF145582
<i>Xylodon nothofagi</i>	PDD:91630	New Zealand	GQ411524
<i>Xylodon nongravis</i>	CHWC 1506-2	Taiwan	KX857800
<i>Xylodon nongravis</i>	GC 1412-22	Taiwan	KX857801
<i>Xylodon</i> sp.	ICMP 13835	Taiwan	AF145586
<i>Xylodon ovisporus</i>	ICMP 13837	Taiwan	AF145587
<i>Xylodon</i> sp.	A46	unknown	KC414243
<i>Xylodon paradoxus</i>	FCUG 2425	Russia	AF145571
<i>Xylodon paradoxus</i>	FCUG 1517	Romania	AF145572
<i>Xylodon quercinus</i>	Otto Miettinen 15050,1 (H 6013352)	Finland	KT361632
<i>Xylodon raduloides</i>	FCUG 678	Canada	AF145564
<i>Xylodon raduloides</i>	ICMP 13841	New Zealand	AF145579
<i>Xylodon raduloides</i>	ICMP 13833	Australia	AF145580
<i>Xylodon ramicida</i>	Viacheslav Spirin 7664 (H)	Russia	KT361634
<i>Xylodon subflaviporus</i>	Wu 0809-76	China	KX857803 ^T
<i>Xylodon subtropicus</i>	Wu 1508-2	China	KX857806
<i>Xylodon subtropicus</i>	Wu 9806-105	Vietnam	KX857807 ^T

^T Sequence ex type specimen

* Newly generated sequence in this study

결과 및 고찰

37개의 taxa를 포함한 ITS dataset에 대한 MP 및 BI 분석 결과는 Fig. 1에 표기하였다. 독도에서 발견된 버섯은 *X. flaviporus* 염기서열들(KJ668462, KJ140637, AF145573, AF145585, AF145574, AF145575)과 하나의 그룹을 형성하였고(MPBS = 100, PP = 1.0) 형태적으로 유사한 *X. subflaviporus*(KX857803)

그리고 *X. paradoxus*(AF145572, AF145571)와 명확히 구분되었다(Fig. 1). 또한 형태적으로 *X. flaviporus*는 *X. paradoxus*에 비하여 자실층이 압착되어 있으며 보다 짧은 담자기와 담자포자를 가지고[22], *X. subflaviporus*는 *X. flaviporus*에 비하여 두상형낭상체의 벽이 얇고 담자포자의 길이가 다소 짧은 차이점이 있다[23]. 위의 형태적 특징 및 분자생물학적 분석을 통하여 본 연구를 통해 독도에서 발견된 버섯을 *X. flaviporus*로 동정하였다.

국내에는 2000년에 임 등 [24]이 해당 종을 *Schizopoa flavipora*로 처음 보고하였으나 2017년에 Riebesehl와 Langer[25]가 형태 및 분자생물학적 분류연구를 통해 *S. flavipora*를 *X. flaviporus*으로 변경하였다. 이 종은 경기도와 경상북도, 도서지역으로는 서해에 위치한 소연평도 등에서 기록된 것으로 보아 국내에 전반적으로 서식하는 것으로 사료된다[22, 24, 26].

Xylodon 속에 포함된 대부분의 종들은 주로 리그닌을 분해하는 백색부후균이며 고사한 속씨식물의 작은 가지나 그루터기에 발생하지만 드물게 겉씨식물에서도 발생한다[27, 28]. 현재까지 *X.*

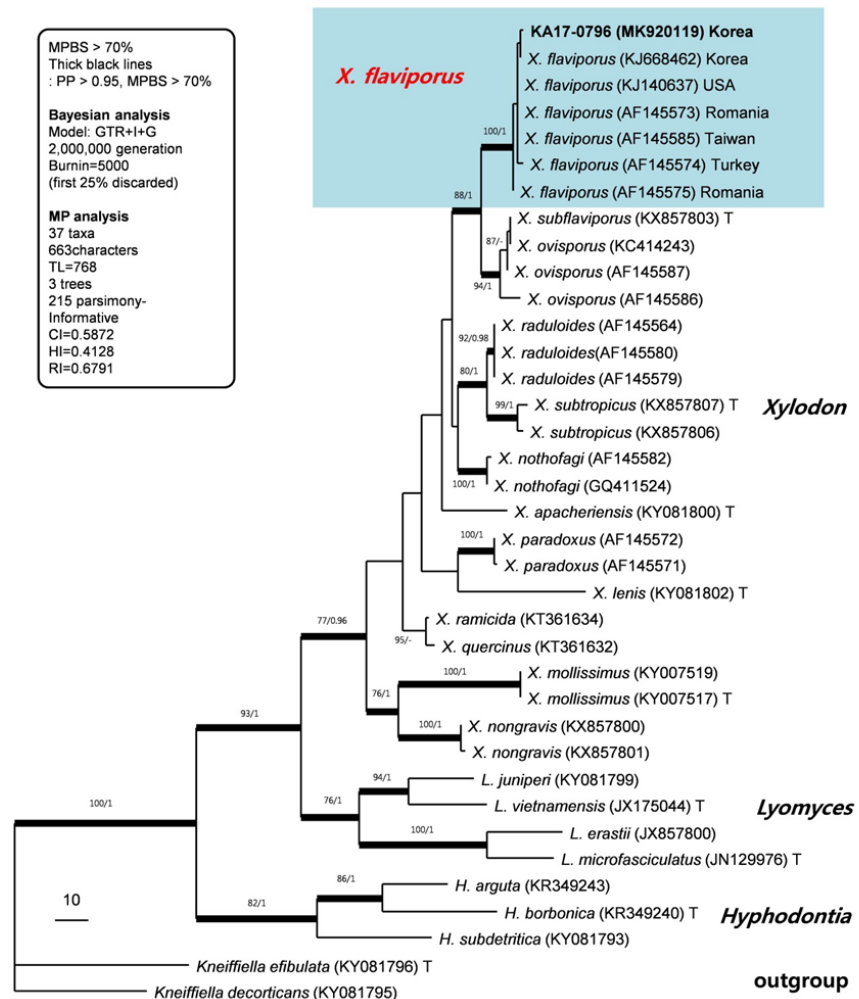


Fig. 1. One of nine most parsimonious trees from a heuristic analysis of ITS sequences. Broad black branches indicate maximum parsimony bootstrap support value (MPBS)>70% and Bayesian posterior probabilities (PP) >0.95. Only MPBS values>70% are shown. *Kneiffiella decorticans* and *K. efbulata* were used as the outgroups. 'T' indicate sequences of the holotype. CI, consistency index; HI, homoplasy index; RI, retention index.

*flaviporus*가 초본식물에서 발생된 기록은 없으며, 국내에서는 줄참나무와 소나무 등 목본식물에서만 발생하는 것으로 보고되어 있다[22]. 하지만, 본 연구를 통해 채집된 *X. flaviporus*는 서도에 자생하고 있는 다년생 초본식물인 왕호장근(*Reynoutria sachalinensis* (F. Schmidt) Nakai)에서 발생하였다. 서도는 목본성 식물이 생육하기 어려운 환경으로 사철나무, 보리밥 나무가 사면에 소수 분포하고 있을 뿐[4] 백색부후균이 서식하기에 적당하지 않은 환경이다. 그러나 초본식물인 왕호장근의 경우 리그닌을 함유하고 있는 것으로[29] 알려져 있으므로, 백색부후균이 양분을 얻는 기주로서 역할을 한 것으로 생각된다. 실제로 *Xylodon* 속 일부 종들은 초본식물에 해당하는 고사한 양치식물에서 발생하는 것이 보고되어있다[30, 31]. 예로, *X. adhaerisporus*의 경우 덩굴식물인 *Clematis* L. 속에서, *X. bisporus*는 초본식물인 *Stachelina dubia* L.에서 발견되었다[32, 33]. 이들 초본식물들은 리그닌 성분을 가지고 있을 가능성이 높을 것으로 추측되며, 추후 성분분석 등의 연구를 통해 관련성을 확인해 보면 좋을 것으로 기대한다.

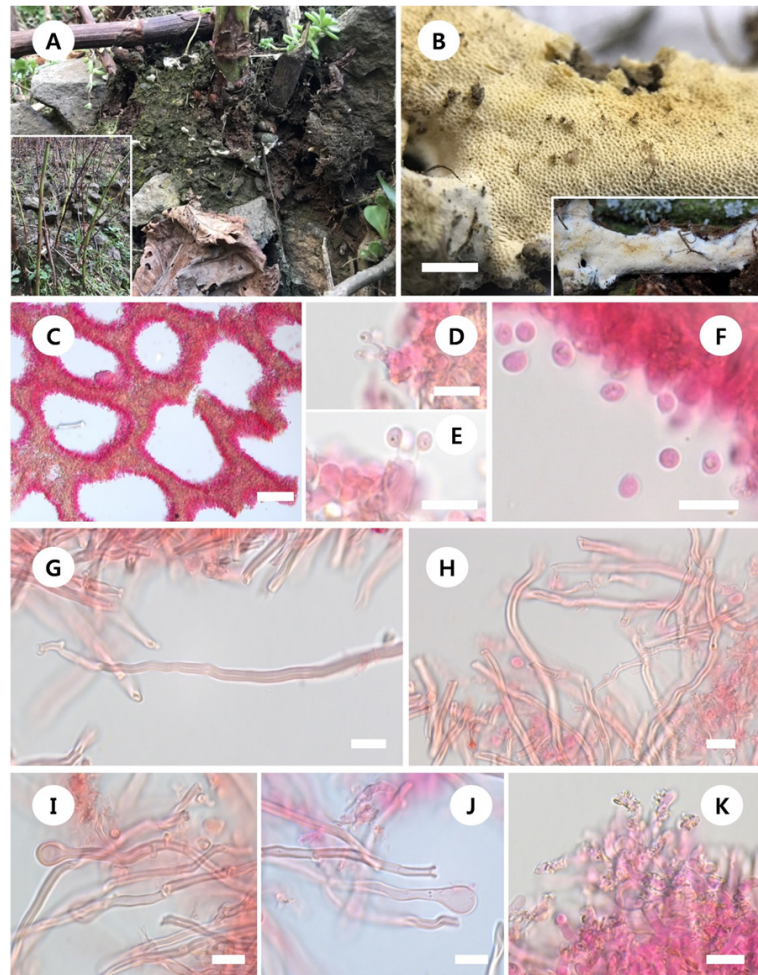


Fig. 2. Morphological characters of *Xylodon flaviporus* (KA17-0796) and its host plant (*Fallopia sachalinensis*). A, B: fruiting bodies of *X. flaviporus* on host plant; C: hymenophore; D, E: basidia; F: basidiospores; G, H: skeletal-like hyphae; I, J: capitate cystidia; K: apically-encrusted cystidia (Scale bars: B = 2 mm, C = 100 μ m, D-K = 10 μ m).

적요

2017년 독도의 버섯상 조사를 통해 관속식물인 왕호장근의 기부에 발생한 목재부후균 버섯표본을 수집하였다. 수집된 목재부후균은 배착성으로 자라는 가죽질의 자실체를 형성하였고 자실층은 관공형태를 나타내었다. 또한 균사체계는 위이균사형이며 타원형의 담자포자를 형성하였다. 형태적 특징과 균류바코드 영역 (internal transcribed spacer of rDNA) 분석을 통하여 이 버섯을 *Xylodon flaviporus* (Berk. & M.A. Curtis ex Cooke) Riebesehl & Langer로 동정하였다. 이 버섯은 독도에서 서식이 확인된 두 번째 종이며, 다년생 초본식물인 왕호장근을 *X. flaviporus*의 새로운 기주식물로 보고하고자 한다.

ACKNOWLEDGEMENTS

This work was supported by research grants of the Korea National Arboretum (project no. KNA 1-1-25, 19-2) and the National Institute of Horticultural and Herbal Science (project no. PJ01262501).

REFERENCES

1. Sun BY, Park JH, Kwak MJ. Characteristic of vascular flora of Ulleung and Dokdo. Rep Surv Nat Environ Korea 1996;10:113-35.
2. Sun BY, Sul MR, Im JA, Kim CH, Kim TJ. Evolution of endemic vascular plants of Ulleungdo and Dokdo in Korea-floristic and cytotaxonomic characteristics of vascular flora of Dokdo. Kor J of Plant Taxon 2002;32:143-58.
3. Kim MH, Oh YJ, Kim CS, Han MS, Lee JT, Na YE. The flora and vegetation distribution in Dokdo. Kor J Environ Agric 2007;26:85-93.
4. Park SJ, Song IG, Park SJ, Lim DO. The flora and vegetation of Dokdo Island in Ulleung-gun, Gyeongsanbuk-do. Kor J Env Eco 2010;24:264-78.
5. Jung SY, Byun JG, Park SH, Oh SH, Yang JC, Jang JW, Chang KS, Lee YM. The study of distribution characteristics of vascular and naturalized plants in Dokdo, South Korea. J Asia Pac Biodivers 2014;2:197-205.
6. Park KT, Suh SJ. Nature and ecosystem of Dokdo Island. The Korean association for conservation of nature scientific investigation of nature IV-Insect 2005;13-14.
7. Kim KG, Yeom JA. Report of Dokdo Island ecosystem survey-insect fauna of Dokdo. Korea ministry of Environment 2006;91-9.
8. Hwang DU, Suh SJ, Choi KS. Four newly recorded species with a note on insect fauna from the Dokdo Islands, Korea. J Asia Pac Biodivers 2017;10:587-91.
9. Kim DG, Park BY, Ryu YH. Soil nematode Fauna in Dokdo Island of Korea. Res Plant Dis 2012;18:381-6.
10. Lee HW, Hong BK, Sohn MH, Chun YY, Lee DW, Choi YM, Hwang KS. Seasonal variation in species composition of fish collected by trammel net around Dokdo, East Sea of Korea. Kor J Fish Aquat Sci 2010;43:693-704.
11. Choi CG, Lee HW, Hong BK. Marine algal flora and community structure in Dokdo, East sea, Korea. Kor J Fish Aquat Sci 2009;42:503-8.
12. Jeon S, Sung HR, Park YM, Pak JH, Ghim SY. Analysis of endospore-forming bacteria or nitrogen-fixing bacteria community isolated from plants rhizosphere in Dokdo Island. Kor J

- Microbiol Biotechnol 2009;37:189-96.
13. You YH, Yoon HJ, Lee GS, Woo JR, Rim SO, Shin JH, Lee IJ, Choo YS, Kim JG. Diversity and plant growth-promotion of endophytic fungi isolated from the roots of plants in Dokdo islands. Kor J Life Sci 2011;21:992-6.
 14. Kim CS, Jo JW, Kwag YN, Sung GH, Lee SG, Kim SY, Shin CH, Han SK. Mushroom flora of Ulleung-gun and a newly recorded *Bovista* species in the Republic of Korea. Mycobiology 2015;43:239-57.
 15. Doyle JJ, Doyle JL. A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. Phytochem Bull 1987;19:11-5.
 16. White TJ, Bruns T, Lee S, Taylor J. Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics. In: Innis DH, Gelfand DH, Sninsky JJ, White TJ, editors. PCR protocols: a guide to methods and application. San Diego: Academic Press; 1990. p. 315-22.
 17. Thompson JD, Gibson TJ, Plewniak F, Jeanmougin F, Higgins DG. The CLUSTAL_X windows interface: flexible strategies for multiple sequence alignment aided by quality analysis tools. Nucleic Acids Res 1997;25:4876-82.
 18. Chun J. Computer-assisted classification and identification of Actinomycetes [dissertation]. Newcastle upon Tyne: University of Newcastle; 1995.
 19. Swofford DL. PAUP*: phylogenetic analysis using parsimony (*and other methods). Version 4.0 b10. Sunderland: Sinauer Associates; 2003.
 20. Ronquist F, Huelsenbeck JP. MrBayes 3: Bayesian phylogenetic inference under mixed models. Bioinformatics 2003;19:1572-4.
 21. Posada D. jModeltest: phylogenetic model averaging. Mol Biol Evol 25:1253-6.
 22. Lim YW, Jung HS. Taxonomic study on Korean *Schizopora*. Mycobiology 2001;29:194-7.
 23. Chen CC, Wu SH, Chen CY. *Xylodon subflaviporus* sp. nov. (Hymenochaetales, Basidiomycota) from East Asia. Mycoscience 2018;59:343-52.
 24. Lim YW, Kim YS, Jung HS. The Aphyllophorales of Mungyong Saejae. Mycobiology 2000;28:142-8.
 25. Riebesehl J, Langer E. *Hyphodontia* s.l. (Hymenochaetales, Basidiomycota): 35 new combinations and new keys to all 120 current species. Mycol Progr 2017;16:637-66.
 26. Kim CM, Lee JS, Jung HS, Lim YW. The wood-rotting fungal flora of three island in the Yellow sea, Korea. Mycobiology 2009;37:147-51.
 27. Wu SH. Studies on *Schizopora flavipora* s.l., with special emphasis on specimens from Taiwan. Mycotaxon 2000;76:51-66.
 28. Yurchenko E, Wu SH. Three new species of *Hyphodontia* with peg-like hyphal aggregations. Mycol Prog 2014;13:533-45.
 29. Țîței V, Cîrlig N, Stavarache M, Guțu A, Coșman S. Some biological features and the biochemical composition of *Polygonum sachalinense* in Moldova. Res J of Agric Sci 2018;50:26-32.
 30. Kotiranta H, Saarenoksa R. Three new species of *Hyphodontia* (Corticaceae). Ann Bot Fenn 2000;37:255-78.
 31. Riebesehl J, Yurchenko, Nakasone K, Langer E. Phylogenetic and morphological studies in *Xylodon* (Hymenochaetales, Basidiomycota) with the addition of four new species. MycoKeys 2019;47:97-137.
 32. Langer E. Die Gattung *Hyphodontia* John Eriksson. Bibl Mycol 1994;154:1-289.
 33. Boidin J, Gilles G. Homobasidiomycètes Aphyllophorales non porés à basides dominantes à 2(3) stérigmates. Bull Soc Mycol Fr 2003;119:1-18.