

## 한국산 썩의비름속(돌나물과) 식물의 유전적, 형태적 유연관계

이 승 훈 · 박 기 룡

경남대학교 생물학과

중간 유연관계와 다배체종의 기원을 규명하기 위해 한국산 썩의비름속 식물 6종 20집단에 대해 형태형질과 동위효소 자료를 이용하여 유전적, 형태적 연구를 수행하였다. 형태 형질 분석 결과에 의하면 삼배체인 새끼썩의비름은 세잎썩의비름과 매우 가까운 유연관계를 보여 주고 있고, 동위효소 분석에서도 높은 빈도로 나타나는 대립유전자에서도 두 종이 매우 유사한 양상을 보여 주었다. PGI-1<sup>b</sup>의 경우 두 종에서만 독특하게 고정되어 있어 세잎썩의비름이 새끼썩의비름의 이배체 조상일 가능성을 시사하였다. 하지만 ALD-1<sup>c</sup> 대립인자의 경우, 새끼썩의비름에서만 독특하게 나타나며, 썩의비름과 큰썩의비름에서 공통으로 나타나는 대립인자들이 새끼썩의비름에서는 나타나지 않아 위 두 종이 새끼썩의비름의 또 다른 사배체 조상일 가능성은 희박하다고 하겠다. 우리나라 특산종인 섬썩의비름은 형태적으로나 유전적으로 썩의비름과 매우 유사한 양상을 보여주고 있어 썩의비름으로부터 직접 또는 공통의 조상으로부터 나왔을 가능성이 크다. 또한, 둥근잎썩의비름은 썩의비름, 섬썩의비름과 가까운 유연관계를 보여주고 있다.

주요어: 썩의비름속, 동위효소, 중간유연관계, 형태

돌나물과(Crassulaceae) 썩의비름속(*Hylotelephium* H. Ohba)은 Gray (1821)에 의해 돌나물속(*Sedum*) 내에 *Telephium*절로, Clausen (1975)에 의해 *Sedum*의 아속으로 처리 되었다가 Ohba (1977)에 의해 *H. telephium* (L.) H. Ohba를 기준 종으로 독립된 속으로 설정되었다. 썩의비름속은 자방의 기저가 매우 가늘어지는 특징에 의해 가까운 분류군과 구별될 뿐만 아니라, 복산방화서, 산방상 원추, 산형상 원추화서와 흰색, 자주색, 옅은 녹색, 연한 노란색의 화피를 갖는 특징이 있다(Ohba, 1977, 1978). 또한 본속 식물들이 염색체 기본수가  $x=12$ 로 일정하여 기존의 돌나물속으로부터 독립된 속으로 처리되었다(Ohba, 1977). 본속에 속하는 종은 약 28종으로 동아시아, 유럽, 북미에 분포하는 것으로 보고되고 있으며 유연관계가 가까운 군으로는 동일한 기본 염색체, 꽃의 색, 자방의 유사성을 기초로 바위솔속(*Orostachys*)으로 여겨지고 있다(Ohba, 1977, 1978).

\*교신저자: 전화 055-249-2240, park@kyungnam.ac.kr

접수: 2006년 10월 26일. 완료: 2006년 11월 30일

우리나라의 썸의비름속 식물은 Nakai (1909)에 의해 큰썸의비름 [*H. spectabile* (Boreau) H. Ohba], 세잎썸의비름 [*H. verticillatum* (L.) H. Ohba], 새끼썸의비름 [*H. viviparum* (Maxm.) H. Ohba], 자주썸의비름 [*H. telephium* (L.) H. Ohba] 4종이 보고 되었고, 제주도에서 채집된 썸의비름 [*H. viridescens* (Nakai) H. Ohba]이 신종으로 발표되었다(Nakai, 1914). 최근 Chung and Kim (1990)은 돌나물속 *Telephium*절에 대한 분류학적 연구에서 큰썸의비름, 둥근잎썸의비름 [*H. ussuriense* (Komarov) H. Ohba], 세잎썸의비름, 썸의비름, 한라썸의비름 (*S. taquetii* Praeger), 새끼썸의비름 그리고 썸의비름 [*H. erythrostictum* (Miquel) H. Ohba]이 한반도에 서식하는 것으로 보고하였다.

본속에 대한 분류학적 연구에 의하면, Moran (2000)은 동부 시베리아, 중국 북부, 한국 및 일본에 자생하는 새끼썸의비름은 삼배체( $2n=36$ )로 세잎썸의비름과 유연관계가 깊다고 주장했다. 둥근잎썸의비름은 Lee (1958)에 의해 큰썸의비름과 유사하나, 잎은 뚜렷하게 둥글고, 화서는 군집하여 구형에 가깝고, 화색이 농자색 인 점으로 구별되어 한국 특산종(*S. rotundifolium* D. B. Lee)으로 기재된바 있으나, 최근의 연구(Kim *et al.*, 2000)에 의해 두만강과 우수리 지역에 생육하는 *H. ussuriense*와 동일종임이 밝혀졌다. Go (1982)는 Phenol계 성분에 의한 화학분류학적 연구를 통해 썸의비름속 식물을 독립된 2개의 계열로 나누었는데, 큰썸의비름과 썸의비름, 새끼썸의비름과 가는기린초가 가까운 유연관계가 있음을 제시했다. Chung and Kim (1990)은 *Telephium*절 식물에 대한 외부형태와 화분 형태 및 종자 표면의 미세구조에 대한 분류학적 연구를 통해 썸의비름과 한라썸의비름을 별개의 독립된 종으로 인지하였으며, 한국산 *Telephium*절에서 둥근잎썸의비름과 썸의비름을 보다 분화된 형으로, 썸의비름과 새끼썸의비름, 그리고 한라썸의비름을 미분화된 형으로 추정하였다.

최근 chloroplast DNA를 이용한 분자계통학적 연구에서(Iam, 1995; Mort *et al.*, 2001) *Hylotelephium*속을 포함한 *Telephium*군이 자연 분류군이었고, *Hylotelephium*속이 *Orostachys*, *Sinocrassula*와 유연관계가 깊은 단일계통임이 밝혀졌다.

Uhl and Moran (1972)은 한국산 돌나물과 식물의 염색체 연구를 수행하여, *Hylotelephium*속의 기본 염색체 숫자가  $x=12$ 이고 이배체, 삼배체, 사배체, 팔배체 등 다양한 다배체와 이수체가 복합적으로 존재한다고 하였다. 기존의 염색체 수준의 연구(Uhl and Moran, 1972; Ohba, 1977)를 토대로 썸의비름속 내 종들의 유연관계에 대한 가설을 설정해 보면(Fig. 1), 삼배체인 새끼썸의비름의 경우, 첫째,  $2n=48$ 의 썸의비름 또는 이와 유사한 모종과  $2n=24$ 를 가진 *H. telephium* 그룹의 식물 사이에서  $2n=36$ 의 삼배체가 나타났을 가능성과 둘째,  $2n=50$ 의 염색체를 가진 큰썸의비름이나 썸의비름 또는 이와 유사한 모종과 이수체화(aneuploidy)를 보이는 세잎썸의비름( $2n=22$ ) 사이에서  $2n=36$ 을 가진 삼배체가 분화되었을 가능성을 추정할 수 있다. 또한 한국 특산종인 썸의비름( $2n=46$ )의 경우  $2n=48$ 을 가진 썸의비름이 이수체화에 의해 기원되었을 것으로 추측하고 있다. 따라서 본 연구는 한국산 썸의비름속 종의 동위 효소 분석과 형태 형질의 수리분석을 통해 중간 유연관계와 다배체 종의 기원을 밝히고자 하였다.

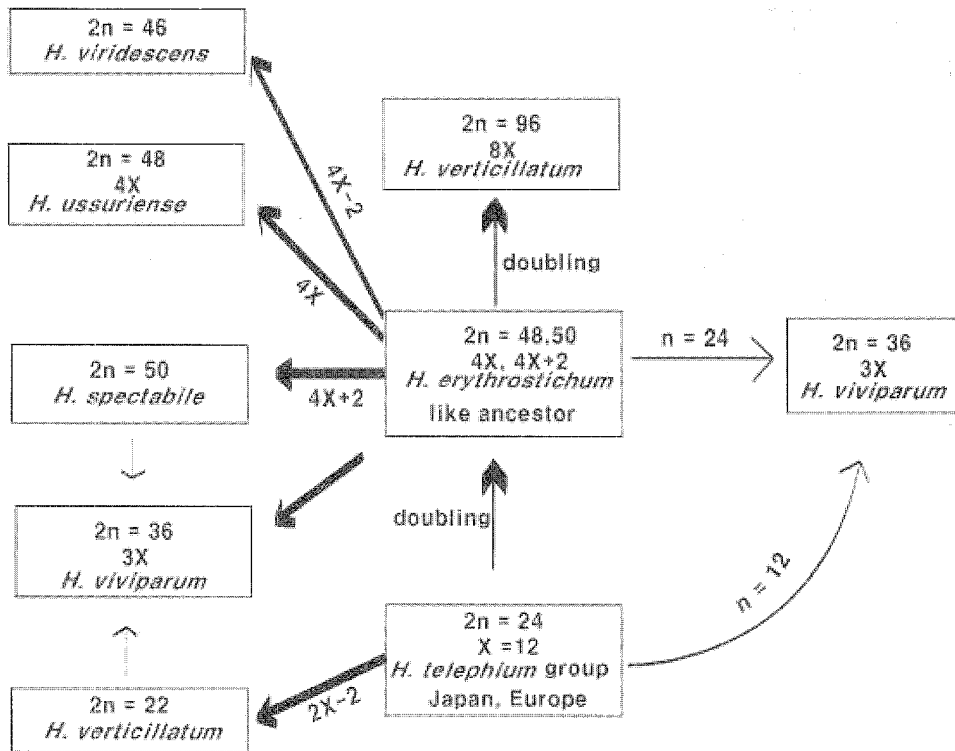


Fig. 1. The hypothetical relationships based on the previous chromosomal studies (Uhl and Moran 1972; Ohba 1977) in the genus *Hylotelephium*.

### 재료 및 방법

돌나물과 평의비름속 식물들의 유연관계와 다배체의 기원을 밝히기 위해 6종 16집단(Fig. 2)을 대상으로 형태 형질 분석을 실시하였는데 집단 당 1개체씩 선정하여 70% 알콜에 담아서 보관한 시료를 이용하여 형태형질을 측정하였으며, 각 집단별로 석엽표본을 제작하여 경남대학교 식물표본관(KNUH)에 소장하였다. 동위 효소 분석을 위해 20집단을 각 집단 당 20개체 이상으로부터 어린잎을 채취하여 효소원으로 사용하였으며 채집지는 Table 1에 기록하였다.

#### 1. 형태 형질 분석

형태형질 분석을 위해 각 개체로부터 19개의 정량형질(Table 2)을 측정하여 Data matrix를

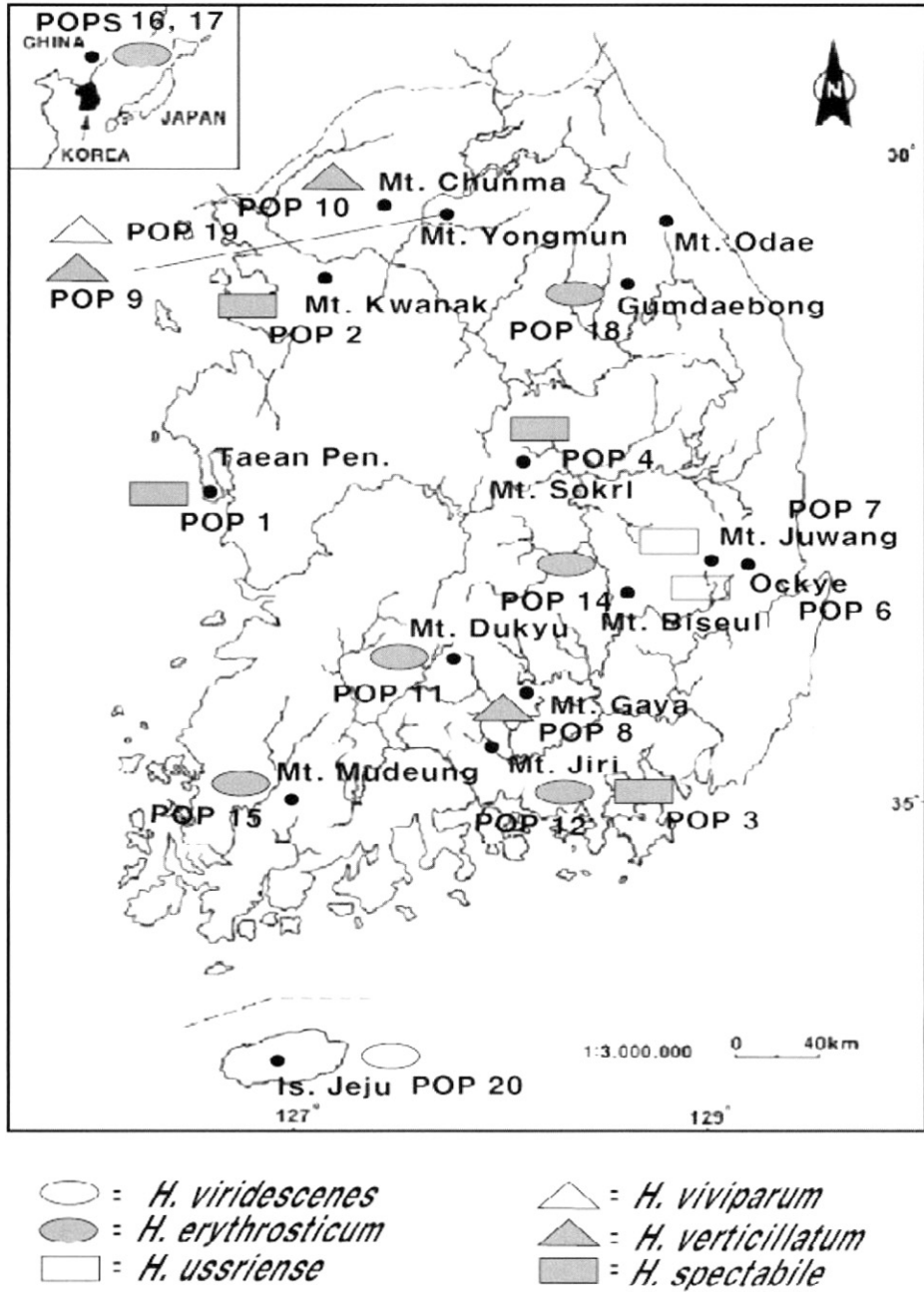


Fig. 2. Geographic distribution of 20 populations of six Korean *Hylotelephium* species.

**Table 1.** Collection data of 20 populations of six Korean *Hylotelephium* species for genetic and morphological studies. Voucher specimens were deposited in the herbarium of Kyung-Nam University (KNUH).

Scientific name	Population	Locality	Voucher
<i>H. spectabile</i> (SPE) 큰평의비름	POP 1	Taeon	Lee 1
	POP 2	Mt. Kwanak	Lee 2
	POP 3	Mt. Jiri	Lee 3
	POP 4*	Mt. Sokri	Lee 4
	POP 5*	Mt. Odae	Lee 5
<i>H. ussuriense</i> (USS) 둥근잎평의비름	POP 6	Ockye	Lee 6
	POP 7	Mt. Juwang	Lee 7
<i>H. verticillatum</i> (VER) 세잎평의비름	POP 8 <sup>+</sup>	Mt. Gaya	Lee 8
	POP 9*	Mt. Yongmun	Lee 9
	POP 10*	Mt. Chunma	Lee 10
<i>H. erythrostickum</i> (ERY) 평의비름	POP 11 <sup>+</sup>	Mt. Dukyu	Lee 11
	POP 12	Mt. Jiri	Lee 12
	POP 13	Mt. Odae	Lee 13
	POP 14 <sup>+</sup>	Mt. Biseul	Lee 14
	POP 15	Mt. Mudeung	Lee 15
	POP 16	Gulman, China	Park 16
	POP 17	Oksuk, China	Park 17
	POP 18 <sup>+</sup>	Mt. Kumdae	Lee 18
<i>H. viviparum</i> (VIV) 새끼평의비름	POP 19	Mt. Yongmun	Lee 19
<i>H. viridescens</i> (VIR) 섬평의비름	POP 20	Mt. Halla	Lee 20

\*Population investigated only in isozyme study. +Population investigated only in morphological study.

**Table 2.** Eigenvectors and eigenvalues for the first three principal components from analysis of 19 morphological characters (abbreviation) of 16 Korean *Hylotelephium* populations.

Character	PC1	PC2	PC3
1. Sepal width (SW)	-0.109	0.805	-0.348
2. Sepal length/width (SLW)	-0.430	-0.351	0.503
3. Leaf length (LL)	-0.869	-0.007	-0.155
4. Leaf length/width (LLW)	-0.453	-0.281	0.193
5. Ovary width (OW)	-0.177	0.111	-0.780
6. Ovary length/width (OLW)	-0.463	0.172	0.549
7. Internode length (IL)	0.516	0.067	0.227
8. Stem width (STW)	-0.775	0.190	0.211
9. Petal length (TL)	0.923	0.151	0.110
10. Petal width (TW)	-0.582	0.401	-0.520
11. Filament length (FL)	-0.719	0.538	0.294
12. Style length (SL)	0.525	0.075	0.787
13. Anther length (AL)	-0.642	-0.393	0.045
14. Anther width (AW)	-0.746	-0.441	0.000
15. Pedicel length (PL)	-0.253	0.323	0.182
16. Petiole length (PTL)	-0.400	-0.582	-0.370
17. Length between Serration (LBS)	-0.244	0.658	0.146
18. Serrate height (SH)	0.001	0.731	0.186
19. Corolla width (CW)	0.603	-0.271	0.244
<b>Eigenvalues</b>	<b>5.867</b>	<b>3.243</b>	<b>2.718</b>
<b>% variance explained</b>	<b>30.88</b>	<b>17.07</b>	<b>14.30</b>

만들었다. Data matrix를 기초로 NTSYS Program (Rohlf, 1992)을 이용하여 유집 분석 (Clustering analysis)을 실시하였다. 형질을 표준화하기 위해 두 수치의 차를 표준편차로 나누는 STD (Standardized Taxonomic Distance)방법을 이용하였으며, 이 값을 기초로 각 집단 간의 분류거리(Taxonomic Distance)를 계산하였으며, 최종적으로 이 분류거리를 이용하여 비가중산술법(Unweighted pair-group method using arithmetic average: UPGMA)을 이용한 진형질도를 그렸다. 또한 NTSYS Program (Rohlf, 1992)을 이용하여 주성분 분석 (Principal Components Analysis: PCA)을 실시하였다. 이를 위해 형질격자를 표준화하고 상관계수

(Correlation coefficient)를 계산한 다음, 이를 기초로 eigenvector 값을 구하고 대부분의 형질 변이를 대표하는 3개의 주요인 축을 추출하여 이에 대한 각각의 형질의 eigenvector 값을 계산했다. 3개의 축에 대해 집단을 투영하여 이들이 3차원 공간상에 배치되어 쉽게 유집 경향을 알아 볼 수 있게 하였다.

## 2. 동위효소 분석

전분 전기영동(Starch gel electrophoretic analysis)분석을 위하여 어린잎을 채취하여 pH 7.5의 0.1M tris-HCl 완충용액(Gottlieb, 1981)을 약간 변형한 PVP 2배를 넣은 완충용액으로 막자사발에서 갈아서 1.5ml tube에 담아  $-70^{\circ}\text{C}$ 에 보관했다가 해동시켜 6000rpm에서 1분간 원심분리하여 상층액을 paper wick에 흡수시켜 전기영동에 사용하였다. Soltis *et al.* (1983)에 의한 방법을 약간 변형한 11% starch gels을 이용하여 2개의 buffer systems으로 8개의 효소를 분리하였다. System I은 0.0065M L-histidine과 0.007M Citric acid monohydrate을 이용하여 30mA에서 15-20분 동안 전기영동을 한 후에 wick을 제거한 다음 35mA에서 4-5시간 전기영동을 하였다. System II는 0.18M Tris, 0.10M Boric acid와 0.004M EDTA를 이용하여 pH 8.6으로 적정한 electrode buffer, 증류수와 electrode buffer를 3:1로 희석한 gel buffer를 이용하여 35mA에서 20-30분 동안 전기영동한 후에 wick을 제거한 다음 40mA에서 5-6시간 전기영동 하였다. System I은 MDH (Malic acid dehydrogenase), ALD (Aldorase), GA3PD (Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase) 그리고 6PGD (6-phosphogluconate)를, System II는 TPI (Triosephosphate isomerase), PGI (Phosphoglucose isomerase), PGM (Phosphoglucumutase)과 ME (Malic enzyme)를 분리하는데 사용하였다. Swofford and Selander (1981)의 BIOSYS-1 Program을 이용하여 집단의 대립 유전자 빈도(allele frequencies)를 구하고 집단 간의 genetic identity (Nei, 1972)를 구해 UPGMA 전형질도를 그렸다.

## 결 과

**형태 형질 분석:** 한국산 돌나물과 평의비름속 식물 6종 16개 집단을 대상으로한 전형질 분석에 의하면 금대봉에서 채집한 평의비름 집단(pop 18)과 태안반도에서 채집된 큰평의비름(pop 1)을 제외하고 각 종별로 유집 되었다. 세잎평의비름(pop 8)과 새끼평의비름(pop 19)이 가장 가까운 분류군으로 묶여 졌으며, 한국 특산종인 섬평의비름(pop 20)은 평의비름(pops 11-17) 집단들과 유집되었으며, 큰평의비름은 태안반도 집단(pop 1)과 그 외의 집단으로 유집되었다(Fig. 3). 또한 금대봉(pop 18)에서 채집된 평의비름은 다른 평의비름 집단들과는 분리되어 독립된 유집을 형성하였다. 한국, 일본, 시베리아에 불연속적으로 분포하는 둥근잎평의비름(pops 6, 7)은 평의비름, 섬평의비름과 가까이 유집 되었다.

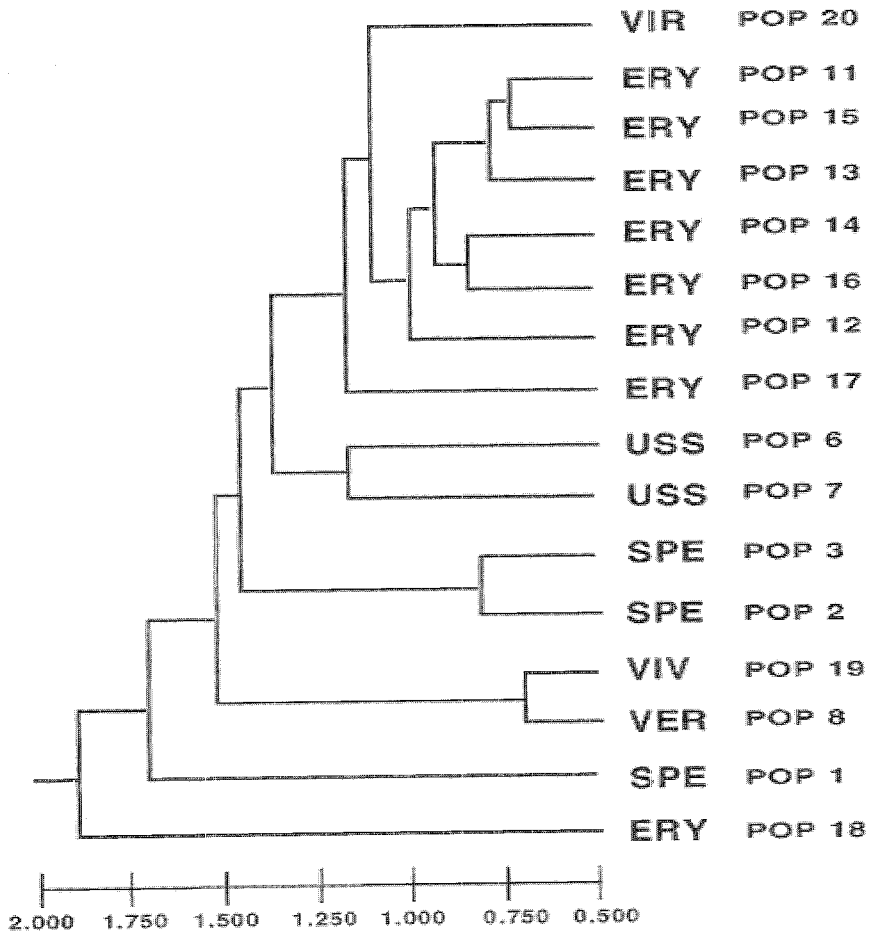


Fig. 3. UPGMA phenogram of Korean *Hylothelephium* populations based on 19 morphological characters.

형태 형질을 기초로 한 주성분분석 결과, 전체 변이 62.25%를 나타내는 주요인 3개를 선별하였다(Table 2). 화판의 길이(형질 9)와 화판의 폭(형질 19), 화주의 길이(형질 12)가 PC1의 축을 결정하는데 중요한 요인으로 작용하였으며, PC2의 축은 악의 폭(형질 1), 거치 높이(형질 18), 거치간 거리(형질 17), 화사의 길이(형질 11)가 가장 큰 영향을 주었고, 화주의 길이(형질 12), 자방 길이와 폭의 비(형질 6), 악의 길이와 폭의 비(형질 2)가 PC3의 축에서 가장 큰 요인으로 작용하였다. 3개의 주요인축으로 구성된 삼차원적 공간에서 투영된 집단들의 분포를 보면(Fig. 4), 크게 3군으로 나누어지는데, 첫째, 평의비름 집단(pops 11-18), 섬평의비름 집단(pop 20) 그리고 둥근잎평의비름 집단(pops 6, 7) 이 3차원 공간상에서 가깝게 분



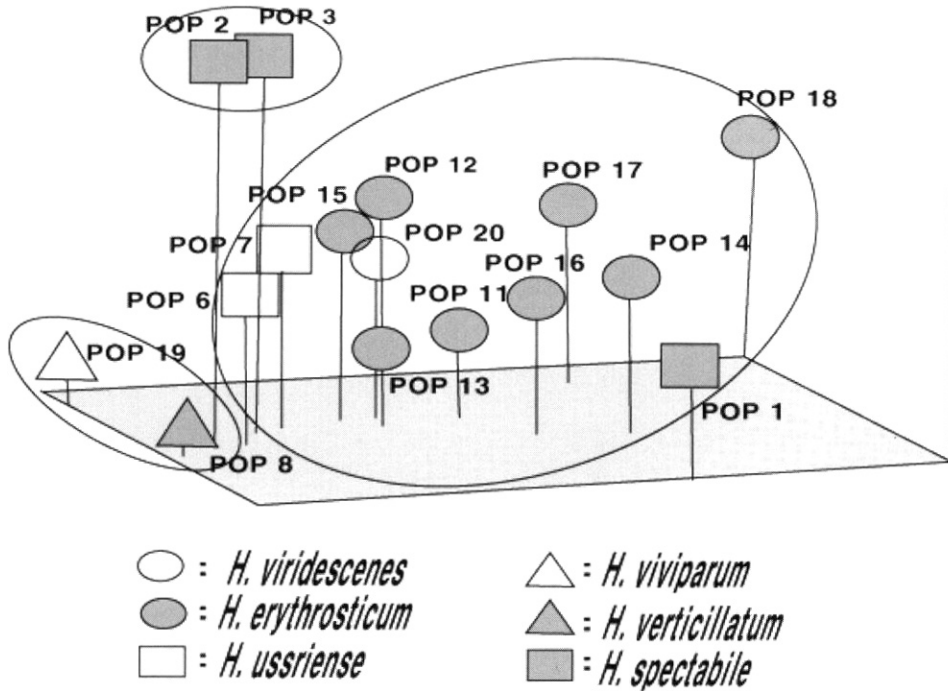


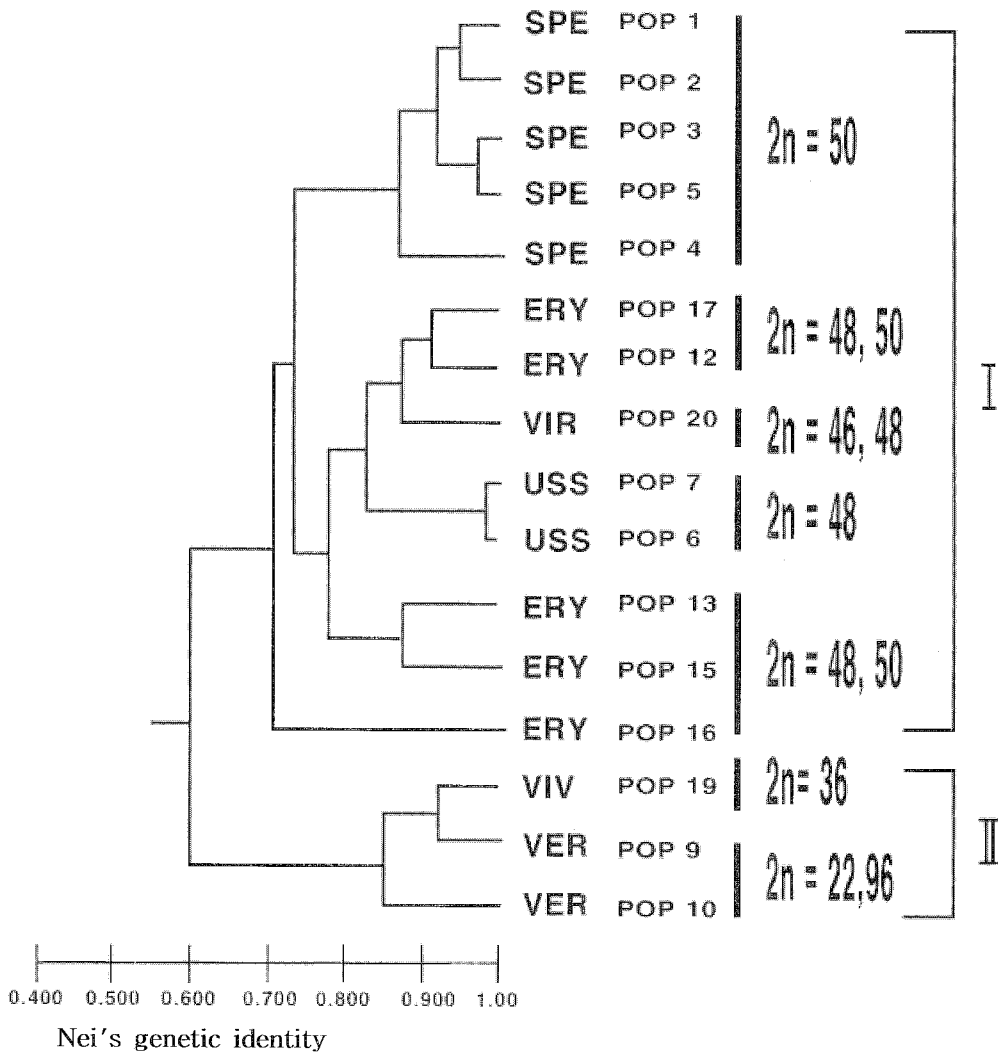
Fig. 4. Three-dimensional model of numbered populations derived from principal components analysis of 19 Morphological characters of Korean *Hylolephium* species.

포하고, 둘째, 세잎평의비름(pop 8)과 새끼평의비름(pop 19)이 가깝게 투영되어 있다. 셋째, 큰평의비름 집단은 태안반도에서 채집된 큰평의비름(pop 1)이 독립적으로 공간을 차지하고 있으나 평의비름 집단과 근접해 있는 것으로 보이며 나머지 두 집단(pops 2, 3)은 독립된 공간을 점유하고 있다.

동위 효소 분석: 한국산 평의비름속 6종 16개 집단의 동위효소 분석결과 활성을 나타내지 않는 TPI, GA3PD, 6PGD의 유전좌위를 제외한 PGM-1, MDH-1, MDH-2, PGI-1, PGI-2, ME-1, ALD-1의 7개 유전좌위를 대상으로 16개 집단에 대해 각 유전좌위의 대립유전자(allele) 빈도를 구하였다(Table 3). 모든 유전좌위에 있어서 2개 이상의 대립유전자를 나타내었다. PGI-1에서 큰평의비름 한 집단(pop 2)을 제외하고는 큰평의비름, 평의비름, 섬평의비름 그리고 둥근잎평의비름이 a allele로 고정되어 나타났으나 세잎평의비름(pops. 9, 10)과 새끼평의비름(pop 19)은 b allele로 고정되어 나타났다. PGM-1에서는 둥근잎평의비름(pops 6, 7)과 섬평의비름(pop 20)이 다른 집단에서는 나타나지 않은 a allele를 갖고 있었다. PGI-2의 경우

Table 3. Allele frequencies of 7 polymorphic loci of 16 populations of Korean *Hylotelephium*.

Locus	SPE							ERY							VIR			USS			VIV			VER																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																			
	POP 1	POP 2	POP 3	POP 4	POP 5	POP 12	POP 13	POP 15	POP 16	POP 17	POP 20	POP 6	POP 7	POP 19	POP 9	POP 10																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																											
ALD-1																	a	0.500	0.500	0.500	0.500	0.500	1.000	0.375	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	---	0.394	0.444	b	0.500	0.500	0.500	0.500	0.500	---	0.625	---	---	---	---	---	---	0.821	0.606	0.556	c	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	0.079	---	---	MDH-1																	a	---	---	0.100	0.500	0.500	---	0.500	0.833	0.500	0.275	0.115	0.500	0.433	0.500	0.048	0.442	b	0.500	0.500	0.900	0.500	0.500	0.500	0.500	0.167	0.500	0.375	0.594	0.500	0.500	0.500	0.780	0.398	c	0.500	0.500	---	---	---	0.500	---	---	0.350	0.251	---	---	0.067	---	0.172	0.250	MDH-2																	a	0.100	---	---	---	---	0.500	0.500	0.833	---	0.094	0.500	---	---	---	---	0.558	b	0.529	0.958	0.900	1.000	0.500	0.500	0.500	0.167	0.875	0.500	0.500	0.500	0.500	0.500	0.866	0.442	c	0.371	0.042	0.100	---	0.500	---	---	---	0.031	---	---	0.500	0.500	0.500	0.134	---	ME-1																	a	---	0.150	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	b	0.500	0.450	0.625	0.500	0.500	1.000	1.000	1.000	0.808	1.000	1.000	0.500	0.500	1.000	1.000	0.889	c	0.500	0.400	0.375	0.500	0.500	---	---	---	0.192	---	---	0.500	0.500	---	---	0.111	PGI-1																	a	1.000	0.750	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	---	---	---	b	---	0.250	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	1.000	1.000	1.000	PGI-2																	a	0.500	0.500	0.500	---	0.500	1.000	1.000	0.900	1.000	1.000	0.500	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	b	0.500	0.500	0.500	0.500	0.500	---	---	0.100	---	---	0.500	---	---	---	---	---	c	---	---	---	0.500	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	PGM-1																	a	---	---	---	---	---	---	---	---	---	0.188	0.500	0.357	---	---	---	---	b	0.368	0.200	---	---	---	---	0.385	0.600	0.267	---	---	---	---	0.500	0.333	1.000	c	0.604	0.640	0.583	1.000	0.500	1.000	0.615	0.400	0.500	0.406	0.500	0.643	0.500	0.667	---	---	d	0.029	0.160	0.417	---	0.500	---	---	---	0.188	0.233	---	---	---	---	---	---
a	0.500	0.500	0.500	0.500	0.500	1.000	0.375	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	---	0.394	0.444																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																											
b	0.500	0.500	0.500	0.500	0.500	---	0.625	---	---	---	---	---	---	0.821	0.606	0.556																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																											
c	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	0.079	---	---																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																											
MDH-1																	a	---	---	0.100	0.500	0.500	---	0.500	0.833	0.500	0.275	0.115	0.500	0.433	0.500	0.048	0.442	b	0.500	0.500	0.900	0.500	0.500	0.500	0.500	0.167	0.500	0.375	0.594	0.500	0.500	0.500	0.780	0.398	c	0.500	0.500	---	---	---	0.500	---	---	0.350	0.251	---	---	0.067	---	0.172	0.250	MDH-2																	a	0.100	---	---	---	---	0.500	0.500	0.833	---	0.094	0.500	---	---	---	---	0.558	b	0.529	0.958	0.900	1.000	0.500	0.500	0.500	0.167	0.875	0.500	0.500	0.500	0.500	0.500	0.866	0.442	c	0.371	0.042	0.100	---	0.500	---	---	---	0.031	---	---	0.500	0.500	0.500	0.134	---	ME-1																	a	---	0.150	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	b	0.500	0.450	0.625	0.500	0.500	1.000	1.000	1.000	0.808	1.000	1.000	0.500	0.500	1.000	1.000	0.889	c	0.500	0.400	0.375	0.500	0.500	---	---	---	0.192	---	---	0.500	0.500	---	---	0.111	PGI-1																	a	1.000	0.750	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	---	---	---	b	---	0.250	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	1.000	1.000	1.000	PGI-2																	a	0.500	0.500	0.500	---	0.500	1.000	1.000	0.900	1.000	1.000	0.500	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	b	0.500	0.500	0.500	0.500	0.500	---	---	0.100	---	---	0.500	---	---	---	---	---	c	---	---	---	0.500	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	PGM-1																	a	---	---	---	---	---	---	---	---	---	0.188	0.500	0.357	---	---	---	---	b	0.368	0.200	---	---	---	---	0.385	0.600	0.267	---	---	---	---	0.500	0.333	1.000	c	0.604	0.640	0.583	1.000	0.500	1.000	0.615	0.400	0.500	0.406	0.500	0.643	0.500	0.667	---	---	d	0.029	0.160	0.417	---	0.500	---	---	---	0.188	0.233	---	---	---	---	---	---																																																																				
a	---	---	0.100	0.500	0.500	---	0.500	0.833	0.500	0.275	0.115	0.500	0.433	0.500	0.048	0.442																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																											
b	0.500	0.500	0.900	0.500	0.500	0.500	0.500	0.167	0.500	0.375	0.594	0.500	0.500	0.500	0.780	0.398																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																											
c	0.500	0.500	---	---	---	0.500	---	---	0.350	0.251	---	---	0.067	---	0.172	0.250																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																											
MDH-2																	a	0.100	---	---	---	---	0.500	0.500	0.833	---	0.094	0.500	---	---	---	---	0.558	b	0.529	0.958	0.900	1.000	0.500	0.500	0.500	0.167	0.875	0.500	0.500	0.500	0.500	0.500	0.866	0.442	c	0.371	0.042	0.100	---	0.500	---	---	---	0.031	---	---	0.500	0.500	0.500	0.134	---	ME-1																	a	---	0.150	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	b	0.500	0.450	0.625	0.500	0.500	1.000	1.000	1.000	0.808	1.000	1.000	0.500	0.500	1.000	1.000	0.889	c	0.500	0.400	0.375	0.500	0.500	---	---	---	0.192	---	---	0.500	0.500	---	---	0.111	PGI-1																	a	1.000	0.750	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	---	---	---	b	---	0.250	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	1.000	1.000	1.000	PGI-2																	a	0.500	0.500	0.500	---	0.500	1.000	1.000	0.900	1.000	1.000	0.500	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	b	0.500	0.500	0.500	0.500	0.500	---	---	0.100	---	---	0.500	---	---	---	---	---	c	---	---	---	0.500	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	PGM-1																	a	---	---	---	---	---	---	---	---	---	0.188	0.500	0.357	---	---	---	---	b	0.368	0.200	---	---	---	---	0.385	0.600	0.267	---	---	---	---	0.500	0.333	1.000	c	0.604	0.640	0.583	1.000	0.500	1.000	0.615	0.400	0.500	0.406	0.500	0.643	0.500	0.667	---	---	d	0.029	0.160	0.417	---	0.500	---	---	---	0.188	0.233	---	---	---	---	---	---																																																																																																																																								
a	0.100	---	---	---	---	0.500	0.500	0.833	---	0.094	0.500	---	---	---	---	0.558																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																											
b	0.529	0.958	0.900	1.000	0.500	0.500	0.500	0.167	0.875	0.500	0.500	0.500	0.500	0.500	0.866	0.442																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																											
c	0.371	0.042	0.100	---	0.500	---	---	---	0.031	---	---	0.500	0.500	0.500	0.134	---																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																											
ME-1																	a	---	0.150	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	b	0.500	0.450	0.625	0.500	0.500	1.000	1.000	1.000	0.808	1.000	1.000	0.500	0.500	1.000	1.000	0.889	c	0.500	0.400	0.375	0.500	0.500	---	---	---	0.192	---	---	0.500	0.500	---	---	0.111	PGI-1																	a	1.000	0.750	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	---	---	---	b	---	0.250	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	1.000	1.000	1.000	PGI-2																	a	0.500	0.500	0.500	---	0.500	1.000	1.000	0.900	1.000	1.000	0.500	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	b	0.500	0.500	0.500	0.500	0.500	---	---	0.100	---	---	0.500	---	---	---	---	---	c	---	---	---	0.500	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	PGM-1																	a	---	---	---	---	---	---	---	---	---	0.188	0.500	0.357	---	---	---	---	b	0.368	0.200	---	---	---	---	0.385	0.600	0.267	---	---	---	---	0.500	0.333	1.000	c	0.604	0.640	0.583	1.000	0.500	1.000	0.615	0.400	0.500	0.406	0.500	0.643	0.500	0.667	---	---	d	0.029	0.160	0.417	---	0.500	---	---	---	0.188	0.233	---	---	---	---	---	---																																																																																																																																																																																																												
a	---	0.150	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																											
b	0.500	0.450	0.625	0.500	0.500	1.000	1.000	1.000	0.808	1.000	1.000	0.500	0.500	1.000	1.000	0.889																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																											
c	0.500	0.400	0.375	0.500	0.500	---	---	---	0.192	---	---	0.500	0.500	---	---	0.111																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																											
PGI-1																	a	1.000	0.750	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	---	---	---	b	---	0.250	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	1.000	1.000	1.000	PGI-2																	a	0.500	0.500	0.500	---	0.500	1.000	1.000	0.900	1.000	1.000	0.500	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	b	0.500	0.500	0.500	0.500	0.500	---	---	0.100	---	---	0.500	---	---	---	---	---	c	---	---	---	0.500	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	PGM-1																	a	---	---	---	---	---	---	---	---	---	0.188	0.500	0.357	---	---	---	---	b	0.368	0.200	---	---	---	---	0.385	0.600	0.267	---	---	---	---	0.500	0.333	1.000	c	0.604	0.640	0.583	1.000	0.500	1.000	0.615	0.400	0.500	0.406	0.500	0.643	0.500	0.667	---	---	d	0.029	0.160	0.417	---	0.500	---	---	---	0.188	0.233	---	---	---	---	---	---																																																																																																																																																																																																																																																																																
a	1.000	0.750	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	---	---	---																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																											
b	---	0.250	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	1.000	1.000	1.000																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																											
PGI-2																	a	0.500	0.500	0.500	---	0.500	1.000	1.000	0.900	1.000	1.000	0.500	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	b	0.500	0.500	0.500	0.500	0.500	---	---	0.100	---	---	0.500	---	---	---	---	---	c	---	---	---	0.500	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	PGM-1																	a	---	---	---	---	---	---	---	---	---	0.188	0.500	0.357	---	---	---	---	b	0.368	0.200	---	---	---	---	0.385	0.600	0.267	---	---	---	---	0.500	0.333	1.000	c	0.604	0.640	0.583	1.000	0.500	1.000	0.615	0.400	0.500	0.406	0.500	0.643	0.500	0.667	---	---	d	0.029	0.160	0.417	---	0.500	---	---	---	0.188	0.233	---	---	---	---	---	---																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																			
a	0.500	0.500	0.500	---	0.500	1.000	1.000	0.900	1.000	1.000	0.500	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																											
b	0.500	0.500	0.500	0.500	0.500	---	---	0.100	---	---	0.500	---	---	---	---	---																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																											
c	---	---	---	0.500	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																											
PGM-1																	a	---	---	---	---	---	---	---	---	---	0.188	0.500	0.357	---	---	---	---	b	0.368	0.200	---	---	---	---	0.385	0.600	0.267	---	---	---	---	0.500	0.333	1.000	c	0.604	0.640	0.583	1.000	0.500	1.000	0.615	0.400	0.500	0.406	0.500	0.643	0.500	0.667	---	---	d	0.029	0.160	0.417	---	0.500	---	---	---	0.188	0.233	---	---	---	---	---	---																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																							
a	---	---	---	---	---	---	---	---	---	0.188	0.500	0.357	---	---	---	---																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																											
b	0.368	0.200	---	---	---	---	0.385	0.600	0.267	---	---	---	---	0.500	0.333	1.000																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																											
c	0.604	0.640	0.583	1.000	0.500	1.000	0.615	0.400	0.500	0.406	0.500	0.643	0.500	0.667	---	---																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																											
d	0.029	0.160	0.417	---	0.500	---	---	---	0.188	0.233	---	---	---	---	---	---																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																											



**Fig. 5.** UPGMA phenogram using Nei's genetic identity among 16 populations of Korean *Hylolephium* species.

는 큰쑥의비름 집단 4를 제외하고 큰쑥의비름과 섬쑥의비름이 a/b의 고정 이형집합자를 보여 주었다. 특히 ALD-1에서는 큰쑥의비름이 allele a/b로 고정되어 나타나 다른 종의 집단과 다른 양상을 보이고 있다(Table 3).

유전적 동질성(genetic identity) 분석 결과(Table 4) 한국 특산종인 섬쑥의비름이 쑥의비름과 유전적 동질성에서 0.826으로 나타났다. 둥근잎쑥의비름은 쑥의비름과 0.840, 큰쑥의비름과 0.812, 섬쑥의비름과 0.811의 수치를 나타내었다. 큰쑥의비름은 종내의 유전적 동질성이 0.930

**Table 4.** Nei's(1972) genetic identity for six species of Korean *Hylotelephium*.

SPECIES	SPE	ERY	USS	VIR	VIV	VER
SPE	0.930					
ERY	0.756	0.813				
USS	0.812	0.840	1.000			
VIR	0.820	0.826	0.811	-		
VIV	0.589	0.576	0.556	0.469	-	
VER	0.583	0.621	0.561	0.571	0.902	0.834

으로 나타났고 중간 유전적 동질성은 섬핑의비름이 0.820, 평의비름이 0.756으로 나타났다. 세잎핑의비름은 종내 유전적 동질성에서는 0.834의 수치를 나타냈었고 중간 유전적 동질성에서는 새끼핑의비름과 0.902로 나타나서 가장 높은 수치를 보였으며, 세잎핑의비름은 종내 유전적 동질성 보다 새끼핑의비름과 중간 유전적 동질성이 더 높게 나타났다. 새끼핑의비름은 섬핑의비름과 유전적 동질성이 0.469로 한국산 평의 비름속 내에서 가장 낮게 나타났다.

Nei's genetic identity에 의한 UPGMA 전형질도(Fig. 5)에 따르면 크게 2군으로 나누어지는데, 첫째는 큰핑의비름, 평의비름, 섬핑의비름 그리고 둥근잎핑의비름을 포함하는 4배체(Fig. 5, I) 군이고, 둘째는 이배체, 삼배체 그리고 팔배체로 구성된 새끼핑의비름과 세잎핑의비름 집단(Fig. 5, II)으로 묶여진다.

## 고 찰

*Hylotelephium*속 분류군들은 일반적으로 폭 넓은 변이를 보이고, 이 변이들 중 일부는 세포학적 다형현상에 기인하는 것으로 보고 있어 *Hylotelephium*속 종의 한계 설정과 이들의 유연관계를 밝히는데 있어 염색체 수준의 연구와 분자적 표식을 이용한 연구가 중요한 단서임을 시사하고 있다(Uhl and Moran, 1972; Ohba, 1991). 우리나라의 *Hylotelephium*속 식물은 Nakai (1909)에 의해 큰핑의비름, 세잎핑의비름, 새끼핑의비름, 자주핑의비름이 보고된 이래 신종의 기재 뿐 아니라, 중간 유연관계에 대한 형태학적(Chung and Kim, 1990), 화학분류학적(Go, 1982), 세포학적 연구(Uhl and Moran, 1972)가 이루어진 바 있다.

Lee (1958)는 주왕산에서 채집된 둥근잎핑의비름을 신종으로 발표하였지만 최근에 Kim *et al.* (2000)에 의해 우리나라 특산종이 아닌 일본과 캄차카 반도에 분포하는 *H. ussuriense*와 동일종임이 밝혀졌다. Lee (1958)는 둥근잎핑의비름이 큰핑의비름과 근연이라고 보았으나 본 연구결과 형태적, 유전적으로 큰핑의비름 보다는 평의비름이나 섬핑의비름과 유연 관계가 더욱 가까운 것으로 나타나고 있어 Lee (1958)의 주장을 지지하지 못 하고 있다. 유전적으로는

꿩의비름이나 섬꿩의비름과 대부분의 대립인자를 공유하고 있어 이들과 공동의 조상을 갖고 있거나, 제주도에 제한적으로 분포하는 섬꿩의비름을 배제한다면 한반도에 넓게 분포하는 꿩의비름에서 직접 기원되었을 가능성이 크다.

Nakai (1914)에 의해 한국 특산종으로 기재된 섬꿩의비름은 형태형질 분석 결과 꿩의비름과 가장 가깝게 유집되어 나타났고, 동위 효소 분석에서도 가까운 군으로 유집 되고 있어 꿩의비름을 직접적인 조상으로 하고 있을 가능성이 크며 염색체 수를 고려할 때  $2n=48$ 을 갖는 꿩의비름으로부터 분화 되었을 가능성이 크다.

Moran (2000)은 동부 시베리아와 중국의 북부에서 한국 및 일본에 자생하는 새끼꿩의비름 ( $2n=36$ )은 삼배체로 세잎꿩의비름과 가까운 유연관계를 가진다고 주장했고, 본 연구에서도 형태적으로나 유전적 분석에도 가장 가까운 분류군으로 나타나 Moran의 주장을 지지하고 있다. 즉 기존의 세포학적 연구를 기초로 한 삼배체종의 기원을 2가지로 추측할 수 있는데, 첫째, 우리나라에 분포하는 사배체인 꿩의비름 ( $2n=48$ )과 현재 우리나라에는 보고된 바 없으나 이배체로 알려진 *H. telephium* ( $2n=24$ )과 종간의 교잡에 의해 기원되었거나, 둘째, 세잎꿩의비름의 경우  $2n=96$  또는  $2n=22$ 의 두 가지가 보고되고 있는데, 이중  $2n=22$ 인 개체와 꿩의비름( $2n=50$ )과 교잡에 의해 종분화 되었을 가능성이 있다. 본 동위효소 분석에 의하면 새끼꿩의비름의 경우 세잎꿩의비름과 매우 가까운 유연관계를 보여 주고 있고, 높은 빈도로 나타나는 대립유전자에서도 두 종이 매우 유사한 양상을 보이는데, 특히 PGI-1에서 꿩의비름 한 집단을 제외하고 PGI-1<sup>b</sup> 대립인자로 두 종에서만 독특하게 고정되어 있어 세잎꿩의비름을 한 조상으로 보고 있는 두 번째 가설을 지지한다고 하겠다. 그러나 또 다른 조상으로 생각되는 꿩의비름이나 큰꿩의비름의 중요한 표식인자들이 본종에 나타나고 있지 않고, 특히 ALD-1에서는 다른 집단에서는 없는 c allele가 유일하게 새끼꿩의비름에 만 나타나고 있어 꿩의비름이나 큰꿩의비름이 또 다른 조상이라는 가설을 지지하지 못 하고 있다. 또 다른 가능성은 이 실험에 이용되지 않은, 혹은 이미 멸종된  $2n=48$ 의 염색체를 가진 집단이나 종을 또 다른 조상으로 하고 있을 가능성이 크다. 이와 같은 가능성을 명확히 규명하기 위해 본 실험에 사용되지 않은 다른 집단과 우리나라 이외에 분포하는 연관 종들을 대상으로 폭넓은 유전적 연구가 바람직하다.

## 사 사

본 연구는 경남대학교 학술논문게재연구비 지원으로 이루어졌음.

## 인 용 문 헌

- Chung, Y. H. and J. H. Kim. 1990. A taxonomic study of *Sedum* section *Telephium* in Korea. Korean J. Bot. 33: 1-24 (in Korean).
- Clausen, R. T. 1975. *Sedum* of North of the Mexican Plateau. Cornell Univ. Press, Ithaca, New York.
- Go, K. S. 1982. A chemotaxonomic study on the *Sedum* plants in Korea. M. S. thesis. Jeju Univ., Jeju. Pp. 1-26.
- Gottlieb, L. D. 1981. Electrophoretic evidence and plant populations. Prog. Phytochem. 7: 1-46.
- Gray, S. F. 1821. Fundatum super *Sedum*, b, *Telephium* S.F. Gray. Nat. Arrang. Brit. Plants 2: 539.
- Ham, R. C. H. J. van. 1995. Phylogenetic relationships in the Crassulaceae inferred from chloroplast DNA variation. In Evolution and Systematics of the Crassulaceae, H. Hart and U. Eggli (eds.), Backhuys Publishers, Leiden. Pp. 16-29.
- Kim, C. H., T. J. Kim, and B. Sun. 2000. Taxonomic identities of some Korean vascular plants. Korean J. Pl. Taxon. 30: 355-361 (in Korean).
- Lee, D. B. 1958. A new species of genus *Sedum*. Kor. J. Bot. 1: 5-6 (in Korean).
- Moran, R. 2000. *Hylotelephium viviparum* (Maxim.) H. Ohba in South Korea. Cact. Succ. J. 72: 325-327.
- Mort, E. M., D. E. Soltis, P. S. Soltis, J. Francisco-Ortega and A. Santos-Guerra. 2001. Phylogenetic relationships and evolution of Crassulaceae inferred from *matK* sequence data. Amer. J. Bot. 88: 76-91.
- Nakai, T. 1909. Flora Koreana I. J. Coll. Sci. Imp. Univ. Tokyo 26: 226-231.
- \_\_\_\_\_. 1914. Plantae Novae Coreanae and Japonicae II. Fedde's Rep. Sp. Nov. Reg. Vegeta. 13: 267-278.
- Nei, I. 1972. Genetic distance between populations. Amer. Nat. 106: 283-292.
- Ohba, H. 1977. The taxonomic of *Sedum Telephium* and its allied species (Crassulaceae). Bot. Mag. (Tokyo) 90: 41-56.
- \_\_\_\_\_. 1978. Generic and infrageneric classification of the Old World Sedoideae (Crassulaceae). J. Fac. Sci. Univ. Tokyo III. 12: 139-198.
- \_\_\_\_\_. 1991. Two new taxa of *Hylotelephium* from Japan (Crassulaceae). J. Jap. Bot. 66: 63-69.
- Rohlf, F. J. 1992. NTSYS-pc: numerical taxonomy and multivariate analysis system (version 1.70). Exeter Software, New York.

- Soltis, D. E., C. H. Haufler, D. C. Darrow and G. J. Gastony. 1983. Starch gel electrophoresis of ferns: a compilation of grinding buffers, gel and electrode buffers, and staining schedules. *Amer. Fern J.* 73: 10-27.
- Swofford, D. L. and R. B. Selander. 1981. BIOSYS-1: a FORTRAN program for the comprehensive analysis of eletrophoretic data in population genetic and systematics. *J. Hered.* 72: 281-283.
- Uhl, C. H. and R. Moran. 1972. Chromosomes of Crassulaceae from Japan and South Korea. *Cytologia* 37: 59-81.

## Genetic and Morphological Relationship among Korean *Hylotelephium* Species (Crassulaceae)

Seung-Hoon Lee and Ki-Ryong Park\*

Department of Biology, Kyung-Nam University, 449 Wolyoung-dong,  
Masan 631-701, Korea

Genetic and morphological studies using morphological and isozymic data from 20 populations of 6 Korean *Hylotelephium* were conducted to resolve the species relationships and the origin of polyploid species. The results of morphological studies suggest that triploid *H. viviparum* is closely related to *H. verticillatum*, and the high frequency alleles of two species were very similar each other in isozyme analyses. Unique fixation of PGI-1<sup>b</sup> in two species supports that *H. verticillatum* should be the diploid ancestor of *H. viviparum*. However, a unique ALD-1<sup>c</sup> allele is present in *H. viviparum*, and the lack of the common alleles of *H. erythrostickum* and *H. spectabile* in this species eliminated them from the candidates of another tetraploid ancestor of *H. viviparum*. Based on the high morphological and genetic similarities, our results supported that the Korean endemic *H. viridescens* might be originated from the *H. erythrostickum* or share a common ancestor with it. Besides, *H. ussuriense* is closely related with *H. erythrostickum* and *H. viridescens*.

Key words: *Hylotelephium*, isozymic data, morphology, species relationships

---

\*Corresponding author: Phone +82-55-249-2240, park@kyungnam.ac.kr