

R7

한국산 초오속 초오아속 식물(미나리아재비과)의 엽록체 DNA 염기서열 변이: 분류군간 유연관계 및 잡종 형성

임재은

서울대학교 자연과학대학 생명과학부 식물분류학연구실, 서울 151-747

초오속(*Aconitum* L.)은 미나리아재비과에 속하는 분류학적으로 많은 문제점이 누적되어 있는 분류군으로 북반구 아한대 및 온대 지역에 널리 분포한다. 본 속 식물은 좌우상칭인 꽃과 변형되어 밀선화된 가늘고 긴 자루가 달린 꽃잎 등의 형태적 특징에 의해 과내 다른 속들과 뚜렷이 구분되며 뿌리의 형태 및 습성에 따라 초오아속(subg. *Aconitum*), 진범아속(subg. *Lycototum*) 및 *Gymnaconitum*아속 등 3개 아속으로 뿌리가 구분된다. 초오아속의 경우, 다년생으로 매년 갱신되는 도원추형의 구근을 갖는 특징에 의해 다년생으로 구근이 없고 지하경이 발달하는 진범아속 및 일년생으로 수염뿌리를 갖는 *Gymnaconitum*아속과 뚜렷이 구분된다. 본 연구의 대상인 한반도에 분포하는 초오속 초오아속 식물의 경우, 생태환경에 따른 매우 복잡한 양상의 개체 변이 및 일부 분류군 사이에 다양한 중간형들의 출현으로 인해 본 아속 식물의 주요 식별 형질 및 분류군의 한계 해석에 있어 학자들 간의 견해 차이가 심하다. 따라서, 본 연구에서는 초오속 *Gymnaconitum*아속 단일종인 *A. gymnandrum*, 진범아속 3분류군, 그리고 한반도산 초오아속 10분류군, 중국, 일본 및 러시아에 분포하는 근연 분류군인 *A. fischeri*, *A. grossedentatum*, *A. japonicum* subsp. *ibukiense*, *A. japonicum* subsp. *maritimum*, *A. kusnezoffii*, *A. manshuricum* 및 *A. zigzag* 등 총 21분류군 28개체군 54개체들을 대상으로 엽록체 DNA의 *rbcL-accD*, *psbA-trnH* 및 *trnL-trnF* IGS 구간의 염기서열 분석을 수행하여 (1) 한국산 초오아속 분류군들의 분화 정도와 유연관계 및 유전적 다양성을 파악하고, (2) 초오아속 분류군을 구분하고 다양한 중간형들의 기원을 추정하는데 있어 중요한 형질인 소화경에 분포하는 털의 종류 및 분포양상과 주요 식별형질 등에 근거할 때 초오아속 분류군간 잡종으로 추정되는 소백산 및 지리산 초오아속 13개체군들을 대상으로 초오아속 잡종 개체군의 기원 및 유전적 특징을 규명하고자 하였다. 그 결과, 한국산 초오속 분류군 및 중국, 일본, 러시아에 분포하는 21분류군 28개체군 54개체들로부터 상기 엽록체 DNA 3개 IGS 구간의 염기서열을 얻었으며, *rbcL-accD* IGS구간의 길이는 620-674 bp, *psbA-trnH* IGS구간은 224-243 bp, *trnL-trnF* IGS구간은 419-449 bp로 비교적 큰 폭의 변이를 나타내었다. 본 연구에서 조사된 초오속 분류군들의 상기 3개 IGS구간의 염기서열을 유합한 결과, 총 1444 bp로 정렬되었으며 이 중 115 bp (7.96%)가 variable site로 판명되었다. 본 염기서열 중 informative site수는 총 56 bp(3.88%)이었으며, 이 중 *psbA-trnH* IGS구간이 25 bp로 가장 높은 informative site수를 갖는 것으로 나타났다. 이들 3개 IGS구간의 염기서열을 대상으로 neighbor-joining 분석을 수행한 결과, 이들 분류군은 1) *Gymnaconitum*아속의 단일종인 *A. gymnandrum*, 2) 진범아속 분류군들을 포함하는 집단, 그리고 3) 초오아속 분류군들을 포함하는 집단 등 크게 3개의 집단으로 유집되었으며, 이러한 결과는 주요 형태 형질에 근거한 기존의 아속 수준에서의 초오속 속내 분류체계를 지지하였다. 또한, 초오속 16분류군 및 잡종 개체군내 개체들에서 얻어진 상기 3개 IGS구간의 염기서열을 유합하여 neighbor-joining 분석을 수행한 결과, 한국산 본 속 분류군들은 상기 염기서열에 의해 모두 구분되는 것으로 나타났다. 한편, 초오아속 분류군간 잡종으로 추정되는 소백산 개체군 내에는 *rbcL-accD*, *psbA-trnH* 및 *trnL-trnF* IGS구간의 염기서열 분석 결과에 근거할 때, 총 3가지의 haplotype이 존재하였다. 이러한 결과로 볼 때, 이들 소백산에 분포하는 초오아속 잡종 개체군은 최소한 3개 이상의 분류군간의 잡종 형성에 의해 유래된 것으로 추정되었다. 이들 소백산 잡종 개체들에서 나타나는 3개의 haplotype 중 haplotype I은 소화경 전체에 개출모가 밀생하는 특징을 갖는 *A. jaluense* subsp. *jaluense*의 haplotype과 일치하였으며, haplotype II는 소화경이 완전 무모인 특징을 갖는 일본 고유 분류군인 *A. zigzag* 및 지리산 잡종 개체군내에 분포하는 2가지 종류의 haplotype 중 하나와 동일한 염기서열을 갖는 것으로 나타났다. Haplotype III과 동일한 염기서열은 조사된 초오속 분류군들에서는 발견되지 않았으며, 따라서, 과거 또는 현재 소백산에 존재하던 분류군에서 유래되었을 가능성이 높은 것으로 판단되었다. 한편, haplotype III은 한반도 북부와 중국 만주지역에 분포하는 *A. kusnezoffii*와 1 bp만을 제외하고 동일한 것으로 나타났다. 상기 연구 결과와 비교형태학적 연구 결과를 종합하여 볼 때, 이들 잡종 개체들은 과거 (1) 소화경 전체에 개출모가 밀생하는 특징을 갖는 *A. jaluense* subsp. *jaluense*와 (2) 소화경이 완전 무모인 특징을 나타내는 *A. zigzag*, *A. kusnezoffii* 또는 소화경이 무모인 근연 분류군, 그리고, (3) 소화경에 굵은 털이 밀생하는 분류군 등 최소한 3개 이상의 초오아속 분류군들이 관여한 잡종 형성에 의해 유래된 것으로 판단되었다. 또한, 소백산 잡종 개체들을 대상으로 형태 분석, 수리분류학적 분석 및 flavonoid 조성 분석 결과를 종합해 볼 때, 소백산 본 아속 개체군들의 경우 이들 각 형태 유형에 속하는 개체들 사이에 다양한 조합으로 지속적인 gene flow가 일어나며, 이와 함께 반복적인 유전자 침투가 일어나고 있는 것으로 추정되었다.