

광학 현미경 및 주사전자현미경 (SEM)으로 관찰하였다. 그 결과, 본 절 분류군들에는 (1) simple unicellular hair, (2) simple multiseriate hair, (3) tufted hair, (4) sessile stellate hair, (5) multicellular stalked glandular hair 및 (6) multicellular peltate glandular hair 등 크게 6가지 유형의 털이 분포하였다. 이들 털의 분포 양상은 본 절 일부 분류군들을 구분하는데 있어 유용한 형질인 것으로 밝혀졌다. 한편, 본 절 분류군들의 수술은 4-9개로 수술의 수와 배열상태는 분류군간, 분류군내 변이가 존재하였다. 수술의 수가 5개 이하인 경우에는 1열로, 6개 이상인 경우에는 2열로 화피편에 부착되는 것으로 나타났다. 또한, 본 절 분류군들은 수술의 기부에서 수술 수와 동일한 수의 밀선이 발달하는 특징을 나타내며, 수술이 2열로 배열된 경우 밀선은 안쪽열 수술 기부에 발달하였다. 이들 밀선의 수와 형태는 본 절 일부 분류군들을 구분하는데 있어 유용한 형질인 것으로 판단되었다. 본 절 분류군의 수과는 구형 또는 난형 내지 타원형으로 단면이 3각형 또는 좁은 타원형이며, 수과의 크기, 형태 및 표면의 미세구조는 분류군간 차이가 있는 것으로 밝혀졌다.

A203

한국산 초오속(미나리아재비과) 식물의 ITS 염기서열 변이

노태권*, 박종욱
서울대학교 생명과학부

한국산 초오속 주요 분류군들에 대해 핵 리보솜 DNA (nrDNA)의 internal transcribed spacer (ITS) 부위 염기서열을 분석하여 본 속 주요 분류군의 분화정도 및 잡종 집단의 유전적 특성을 파악하였다. 그 결과, 한국산 초오속 14분류군 및 이들의 잡종으로 추정되는 3집단의 22개체로부터 58개의 ITS 염기서열을 얻었으며, ITS 1의 길이는 247-252 bp, ITS 2는 213-218 bp, 5.8S는 164 bp이었다. 본 연구에서 조사된 ITS 염기서열을 대상으로 유집분석을 수행한 결과, *Aconitum*아속, *Lycototum*아속 및 *Gymnaconitum*아속의 세 개의 집단으로 유집되어, 기존의 아속 수준에서의 속내 분류체계를 지지하였다. 또한, *Napellus*절에 속하는

A. coreanum, *Austrokoreansia*절에 속하는 *A. austrokoreense* 및 *Aconitum*절에 속하는 *A. chiisanense*는 *Aconitum*아속 내 다른 분류군들과 뚜렷이 분리되었으며, 특히 *A. austrokoreense*와 *A. chiisanense*는 하나의 집단으로 유집되어 과거 하나의 공통 조상에서 분화한 것으로 추정되었다. 한편, *A. longecassidatum*, *A. pseudolaeve*, 및 *A. jaluense* complex에 속하는 7종의 경우, ITS 부위에 2개 이상의 서로 다른 염기서열이 존재하는 것으로 밝혀졌으며, 본 속 분류군의 ITS polymorphism은 생식 기작, 분류군 간의 gene flow 및 nrDNA가 여러 개의 염색체에 존재하는 점 등의 특성에 기인한 ITS 부위의 concerted evolution 속도 감소에 의해 유지되는 것으로 판단되었다. 특히, *A. jaluense* complex 4배체 분류군에서 얻어진 염기서열 중 일부는 2개 이상의 분류군에서 다른 염기서열들과 다양한 조합을 형성하면서 존재하는 것으로 나타나, 이들 분류군 사이에는 불완전한 생식적 격리로 인해 gene flow가 현재까지 높은 빈도로 이루어지고 있는 것으로 추정되었다.

A204

세계산 승마속 식물(미나리아재비과)의 핵형 분석

이현우*, 박종욱
서울대학교 생명과학부

본 연구에서는 승마속(*Cimicifuga* Wernisch.) 18분류군을 대상으로 핵형 분석을 수행하여 외부 형태와 핵형에 근거한 각 분류군의 분류학적 위치 및 한계, 절간 유연관계 및 승마속내의 염색체 분포 양상 등을 규명하고자 하였다. 본 연구에서 처음으로 조사된 *C. arizonica*, *C. laciniata*, *C. yunnanensis*의 3종의 염색체 수는 $2n=16$ 으로 밝혀졌다. 또한 *C. frigida*를 제외한 나머지 분류군들의 염색체 수는 $2n=16$ 이며, *C. frigida*의 염색체 수는 $2n=32$ 로 기존의 보고와 일치하였다. 핵형 분석 결과, 승마속 식물의 핵형은 일차 협착의 위치, 부수체(또는 이차 협착)의 수 및 위치에 있어 절간 및 종간에 뚜렷한 차이를 나타내었다. 본 속 5개 절들 중 *Cimicifuga*절, *Macrotys*절 및

Oligocarpa 절의 14개 분류군들은 5쌍의 중부동원체염색체, 2쌍의 차중부동원체염색체 및 1쌍의 말부동원체염색체들로 구성된 기본적으로 동일한 핵형을 가지며, 이들 핵형은 부수체의 존재 여부와 그 위치에 있어 절간에 뚜렷한 차이를 나타낸다. 특히 *Cimicifuga* 절에 속한 10개 분류군들의 핵형은 부수체가 없거나 1개에서 4개의 염색체쌍에 부수체가 존재하는 핵형까지 중간에 다양한 변이를 나타내며, 이러한 부수체의 수 변이는 지리적 분포 양상과 관련이 있는 것으로 판단된다. *Macrotys* 절의 단일종인 *C. racemosa*의 핵형은 말부동원체염색체의 centromeric index가 3.5로 매우 낮다는 점에서, *Oligocarpa* 절 3종의 핵형은 말부동원체염색체의 장완에 부수체가 있다는 점에서 속내 다른 절들과 구분되었다. *Pityrosperma* 절과 *Podocarpa* 절 [= *Actaea* sect. *Podocarpae*]의 핵형은 상기 3절의 핵형과 달리 7번 염색체쌍이 차단부동원체염색체로 밝혀졌다. 북미에 분포하는 *Podocarpa* 절의 경우, *C. americana*의 핵형은 3번 중부동원체염색체쌍과 말부동원체염색체쌍에 부수체, *C. laciniata*의 핵형은 7번 차단부동원체염색체쌍에 부수체가 존재하는 점에 의해 다른 절 분류군들과 구분되었다.

A205

Molecular Phylogeny of *Polygonum* section *Echinocaulon* (Polygonaceae)

Mi-Jeong Yoo^{*} and Chong-Wook Park
School of Biological Sciences, Seoul National University, Seoul 151-742

Polygonum sect. *Echinocaulon* (Polygonaceae) is a highly variable and taxonomically difficult taxon consisting of 21 species. We have examined the ITS and *trnL-trnF* sequences from 18 taxa of sect. *Echinocaulon* to infer phylogenetic relationships among the taxa within the section. In all ITS and *trnL-trnF* trees, the taxa previously included in sect. *Echinocaulon* failed to form a monophyletic group: *P. bungeanum* was placed as sister to sect. *Persicaria*, suggesting that *P. bungeanum*

should be transferred from sect. *Echinocaulon* to sect. *Persicaria*. The consensus tree obtained from the combined molecular data sets revealed the presence of five major lineages in the section; these include (1) *P. perfoliatum*-*P. senticosum* var. *senticosum* clade, (2) *P. dissitiflorum* clade, (3) *P. sagittatum* clade, (4) a clade comprising *P. dichotomum* var. *dichotomum*, *P. praetermissum*, *P. hastatosagittatum*, *P. muricatum*, *P. strigosum*, *P. meisnerianum* var. *meisnerianum* and *P. stelligerum*, and (5) a clade including *P. arifolium*, *P. debile*, *P. breviochreatum*, *P. thunbergii* var. *thunbergii*, *P. thunbergii* var. *maackianum* and *P. biconvexum*. Relationships of the taxa depicted in the consensus tree are, in general, in agreement with those previously suggested by the comparative flavonoid chemistry. In addition, the results strongly suggest that *P. sagittatum* may once have had a more continuous range in the northern Hemisphere and fragmented into two widely separated disjunct populations of eastern Asia and eastern North America during Pleistocene glaciation.

A206

Taxonomic Revision of *Magnolia* section *Maingola* Dandy (Magnoliaceae) and the Multivariate Analysis of *Magnolia macklotii* Complex

Sangtae Kim¹, Chong-Wook Park¹ and Youngbae Suh²

School of Biological Sciences, Seoul National University¹; Natural Products Research Institute, Seoul National University²

Magnolia section *Maingola* Dandy is distributed in tropical Southeast Asia from India (Assam) to Malay Archipelago extending Borneo. It is distinguished from other taxa in Magnoliaceae by the combination of terminal brachyblast, cylindrical fruit, and free stipule.