

고유종 두메대극(*Euphorbia fauriei*)과 넓게 분포하는 대극(*E. pekinensis*)의 형태적, 유전적 다양성 비교(대극과)

박기룡^{1*} · 정한진¹ · 김주환² · 정규영³ · 오병운⁴

(¹경남대학교 생물학과, ²대전대학교 생명과학부,

³안동대학교 생명자원과학부, ⁴충북대학교 생명과학부)

전분전기영동법과 수리분석을 통해 대극속에 속하는 제주특산 두메대극과 넓게 분포하는 대극에 대해 유전적, 형태적 변이를 조사하였다. 본 연구결과 두 종간에 높은 유전적 동질성 뿐 아니라 두메대극에 만 PGI-1^c, MDH-2^b, 6PGD-1^c, GA3PD-1^a, ADH-1^c 독특한 대립인자가 나타나기 때문에 직접적으로 조상 종과 자손 종의 관계라기보다는, 공통조상으로부터 최근에 기원되었을 것으로 생각된다. 일반적으로 제한적으로 분포하는 종들과는 다르게 두메대극은 매우 높은 유전적 다양성을 보여주고 있다. 두메대극에서 나타나는 이와 같은 높은 수준의 집단간 유전적 변이는 제주도가 신생대 4기 빙하기를 전후하여 중요한 피난처로 작용했을 가능성을 시사한다.

주요어 : 두메대극, 대극, 동위 효소, 형태 형질

한라산 정상에만 분포하는 우리 나라 특산종인 *Euphorbia fauriei* Levl. et Vant.(두메대극)는 대극속내 원시 분류군인 subg. *Esula* (Persoon) Hurusawa(흰대극아속)에 속하며(Park and Elisens, 2000), *E. pekinensis* Rupr.(대극), *E. jolkini* Boiss.(암대극)와 함께 subsect. *Galarrhoei* Boiss.(대극아절)의 ser. *Pekinenses* Hurusawa(대극계)에 포함된다(Hurusawa, 1940, 1954).

두메대극은 제주도 한라산 1,300m 고지 이상의 평탄지, 바위틈의 양지 바른 곳에 생육하며 주로 유성생식을 하는 다년생 식물로 다육의 지하경이 발달하고, 줄기가 평균 20cm 정도로, 대극이 직립하는 반면 줄기가 가늘어 포복성이거나 비스듬하게 자란다. 대극에 비해 전체적으로 소형인 두메대극은 특히 윤생엽 상부에서부터 가지의 분지가 미비하여

*교신저자 : 전화 (055) 249-2240, 전송 (055) 244-6504, 전자우편 : park@kyungnam.ac.kr

수 차례 분지하는 대극과 구별된다. 한국산 흰대극아속의 형태형질을 이용한 계통연구에 의하면 대극은 두메대극의 자매군으로 줄기에 털이 존재하고, 엽병이 발달하며, 화분형태에서 유공상 표면의 천공주위가 움푹 꺼진 독특한 공통파생형질(synapomorphy)에 의해 대극계 내에서 암대극과 구별된다(Park *et al.*, 1999). 하지만 본 분류군에 속하는 대극, 두메대극, 암대극은 삭과의 표면에 돌기가 있고 선체가 움푹 파이거나 접히는 상동형질에 의해 분계조(clade)를 이룬다(Park *et al.*, 1999).

대극과 두메대극은 잎의 크기, 상부 줄기의 분지 횟수 등과 같은 정량적 형질에서 차이점을 보여주고 있지만 기존의 화학적 연구에 의하면 두메대극이 helioscopibin B를 함유하고 있는 것을 제외하면 대극과 매우 유사한 조성을 나타내고 있다(Ahn, 1995). 위와 같은 사실을 근거로 두 종은 아주 최근에 공통조상으로부터 분화했거나, 두 종간에 조상군과 자매군(progenitor-derivertive species pairs)의 관계로 두메대극이 대극으로부터 직접 기원했다고 가정할 수 있다. 특히 대극이 극동아시아에 매우 넓게 분포하는 반면 두메대극은 제주도에 국한되어 있어 근연 종간에 지리적 분포영역과 유전적 변이의 상관관계를 연구하는데 적합한 모델이라 할 수 있다. 대극은 다년생 초본으로 줄기가 30-100cm 정도이고, 윤생하는 줄기는 수회 대생으로 분지하며 화서를 만들어낸다. 중국, 일본, 대만을 비롯한 극동아시아의 넓은 지역에 분포하는 지리적 특성 때문에 외부 형질의 변이가 심하여 본 종 내에 많은 종이나 변종들이 보고되었다(Hurusawa, 1940, 1954). Hurusawa의 동북아산 대극복합체에 대한 기재에 따르면 대극, 두메대극 뿐 아니라 대극과 동일 종으로 생각되는 목포대극(*E. subulatifolia* Hurusawa), *E. formosana* Hayata 등 수 종을 보고하고 있어 그 변이를 짐작케 한다(Hurusawa, 1940, 1954).

조상 종과 자손 종에 대한 기존의 연구는 형태 형질과 동위 효소 형질을 이용하여 활발하게 진행되어 왔다(Gottlieb, 1974). 일반적으로 조상 종은 자손 종에 비해 형태적으로나 유전적으로 더 다양한 변이 양상을 보여 줄 뿐 아니라 자손 종의 유전적 변이를 대부분 포함하며(Crawford and Smith, 1981; Loveless and Hamrick, 1988), 지리적 분포에 있어 자손종이 국소적으로 분포하는 반면 조상 종은 넓은 지리적 분포를 보여준다. 조상 종과 거기에서 유래된 자손 종 사이에 유전적 차이점은 그들 각각의 유전자 풀의 차이를 만들어 내기 위해 작용하는 역사적 과정에 따라 강하게 영향을 받을 수 있어 종 분화의 초기 단계에는 형태적, 유전적으로 매우 유사한 양상을 보여주나 시간이 오래 경과함에 따라 그 분화 정도는 점점 증가하게 되어 두 종이 동일조상에서 독립적으로 분화되었는지 혹은 조상과 자손 종의 관계를 규명하는 것은 매우 어렵게 된다

본 연구에서는 형태적으로 매우 유사한 두 종을 대상으로 제주도 한라산의 특정 지역에서 서식하는 두메대극과 다양한 분포 영역을 갖는 대극의 형태 형질과 전기 영동법을 이용한 유전학적 형질의 차이점을 비교·분석하여 대극과 두메대극이 조상 종과 자손 종의 관계에 있는지의 유무를 밝히고, 넓게 분포하는 종과 좁게 분포하는 종간에 유전적

변이의 차이가 어떻게 나타나는지를 밝히는데 그 목적이 있다.

재료 및 방법

실험재료 : 형태 형질을 이용한 수리분류학적 분석과 동위효소를 이용한 전기영동분석에 사용된 재료 및 표본은 총 7집단으로 각 집단 당 약 20개체 내외를 동위효소 분석에 이용하였다. 두메대극은 제주도 한라산 영실 방향에서 1,500m 고지 근처(YC), 한라산 정상 분지의 나무계단 부근(MM), 한라산 정상 산장근처(WF) 그리고 한라산 어리목 방향 1,600고지(AR)근처의 햇빛이 잘 드는 암석지에서 채집하였으며, 대극은 전남 목포시 구목포대학 뒷산(MP), 경남 거제도 망산(GJ), 경남 마산의 무학산 동사면(MH) 산등성에서 채집하였다. 채집된 생체는 효소분석을 위하여 경남대학교 묘포 장에 이식 재배하였으며, 형태형질의 분석을 위한 생체는 70% 알콜에 보관하였다가 해부현미경 하에서 생식기관의 각 부분을 측정하였으며, 잎, 줄기, 첫 번째 포, 절간 등의 외부형태는 자를 이용한 육안계측을 실시하였으며(Table 1), 형태형질 측정에 사용된 실험재료는 집단에서 각각 10개체를 측정하여 그 평균값을 이용하였다.

형태 형질의 유집분석 : 유집분석은 비가중-산술법(UPGMA)을 사용하였으며, 분석을 위하여 대극 3개 집단과 두메대극 4개 집단의 23개 형태 형질을 측정하여 측정값의 최대치, 최소치, 평균치를 구한 다음 그 중 평균치를 표준자료로 이용하였다. 유집분석을 실시하기 위해 NTSYS program(Rohlf, 1992)을 이용하여 여러 가지 단위로 측정된 형질들을 표준화하기 위해 두 수치의 차를 표준편차로 나누는 STD방법을 이용하여 표준화하였고, 이 값을 기초로 각 집단 간의 분류거리(taxonomic distance)를 계산하였으며, UPGMA 전형질도를 그렸다.

동위효소(Isozyme)의 분석 : 전분 전기영동(starch gel electrophoresis)을 실시하기 위해 잎을 채취하여 차갑게 만든 막자사발에 담고 완충용액(Gottlieb, 1981)을 2-3방울 떨어뜨린 다음 갈아서 1.5ml tube에 담아 -70℃에 냉동시켜 두었다가 전기영동 시에 해당한 다음 원심분리기를 이용하여 6000rpm에서 1분간 원심 분리하여 상층액을 paper wick에 흡수시켜 전기영동에 사용하였다. Soltis *et al.*(1983)에 의한 방법을 약간 변형한 11% starch gel을 이용하여 두 개의 buffer systems으로 효소를 분리하였다. System I은 0.065M L-histidine와 0.007M Citric acid monohydrate를 이용하여 pH 6.5로 적정한 electrode buffer, electrode buffer와 증류수를 1:3의 비율로 희석한 gel buffer를 이용하여 35mA에서 10-15분 동안 전기영동을 한 후에 wick을 제거한 다음 40mA에서 5-6시간 전기영동 하였다. System II는 Lithium hydroxide을 이용하여 pH 8.3에 적정한 0.129M Boric acid의 electrode buffer와 0.008M citric acid anhydrous로 pH8.3으로 적정한 0.052M Tris를 1:9의 비율로 희석한 gel buffer를 이용하여 35mA에서

Table 1. Morphological characters used in the cluster analysis of *E. pekinensis* and *E. fauriei*.

Character Number	Description (Unit)
1	Length of root (mm)
2	Width of root (mm)
3	Length / Width of root (mm)
4	Length of main stem (mm)
5	Diameter of stem (mm)
6	Length of main stem/diameter of stem (mm)
7	Length of first bract (mm)
8	Width of first bract (mm)
9	Length of first bract/Width of first bract (mm)
10	Interval of inter node (mm)
11	Length of terminal bract (mm)
12	Width of terminal bract (mm)
13	Length/Width of terminal bract (mm)
14	Length of leaf (mm)
15	Width of leaf (mm)
16	Length/Width of leaf (mm)
17	Length of petiole (mm)
18	Length of anther (mm)
19	Width of anther (mm)
20	Length/Width of anther (mm)
21	Cyathium height (mm)
22	Capsule height (mm)
23	Length of filament (mm)

10-15분 전기영동 후에 wick을 제거한 후 40mA에서 6시간 동안 전기 영동하였다. System I은 malate dehydrogenase(MDH), phosphoglucose isomerase(PGI), glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase(GA3PD), 6-phosphogluconate dehydrogenase(6PGD), shikimic dehydrogenase(SKDH)를 분리에 사용되었으며, System II는 phosphoglucose isomerase(PGI), aspartate aminotransferase(AAT), alcohol dehydrogenase(ADH)분석에 사용되었다. 전기영동을 실시한 후 얻은 결과로부터 대립인자의 빈도를 구한 다음, BIOSYS program(Swofford and Selander, 1981)을 이용하여 좌위당 평균 대립인자의 수(Mean number of alleles per locus; A), 다형좌위의 비율

(percentage of loci polymorphic; P), 평균 측정 이형접합자의 비율(mean observed proportion heterozygous loci; H_o), 평균기대 이형접합자의 비율(mean expected proportion of heterozygous; H_e)과 유전적 동질성(genetic identity)을 구하였다. Wright (1931)의 fixation indices(F -statistics)를 F_{is} , F_{IT} , F_{ST} 의 세 요소로 나누어 계산하였다. 또한 BIOSYS-1(Swofford and Selander, 1981)을 이용하여 Nei(1972)의 집단 간 유전적 거리(genetic distance)로부터 UPGMA phenogram을 작성하였다.

결 과

형태 형질과 유집분석 : 유집분석 결과에 의하면 대극과 두메대극의 집단이 뚜렷한 두 개의 유집으로 나누어져 두 개의 독립된 분류군으로 인지되고 있다(Fig. 1). 대극 집단의 경우 다시 목포집단(MP)과 무학산 집단(MH)을 하나의 유집으로, 두메대극 집단은 한라산의 정상상을 기준으로 영실 방향 쪽에서 채집된 두 그룹(YC, MM)과 어리목 쪽에서 채집된 두 집단(AR, WF)이 각각 하나의 유집을 형성하고 있다. 두 종간의 뚜렷한 형태형질의 차이를 보면 지하경의 길이는 대극이 25mm-235mm 두메대극이 5mm-15mm, 중심 줄기(Main stem Length)의 경우 대극 집단은 약 22-83cm를 두메대극 집단은 3-13cm를, 줄기의 최하단 부위의 지름의 경우 대극은 1.43mm-3.25mm, 두메대극의 경우 0.45mm-1.15mm를, 절간 간격에 있어 대극은 2.5mm-68mm, 두메대극은 0.15mm-18.5mm, 잎의 길이의 경우 대극이 22-73mm, 두메대극이 6-13.6mm로 영양형질의 경우 뚜렷한 차이를 보여주고 있지만 생식형질인 약의 길이와 폭, 화사의 길이, 배상화서의 높이, 삭과의 높이 등에 있어서는 매우 유사한 수치를 보여주고 있어 두 종간에 생식형질보다는 영양형질의 분화가 뚜렷한 것으로 생각된다.

동위효소의 분석 : 대극과 두메대극 7개 집단에 대해 10개의 유전 좌위를 분석한 결과, PGI-1^b, MDH-2^a, 6PGD-1^b, 6PGD-2^a, AAT-1^a, GA3PD-1^b, ADH-1^b의 분포 빈도가 가장 높은 값을 나타내었으며(Table 2), 두메대극은 대극집단에서는 나타나지 않는 낮은 빈도의 대립인자로 PGI-1^c, MDH-2^b, 6PGD-1^c, GA3PD-1^a, ADH-1^a가 독특하게 나타났다.

좌위당 대립인자의 평균수(A)는 대극이 1.6(1.7-1.6)이고 두메대극이 2.0(1.7-2.1)이었고, 다형질좌위의 백분율(P)은 대극이 56.7%(50.0-70.0)이고 두메대극이 75%(60-80)이었으며, 관찰된 이형접합자의 비율(H_o)은 대극이 0.330(0.234-0.424)이고 두메대극이 0.302(0.213-0.370), 그리고 이형접합자의 평균기대치(H_e)는 대극이 0.243(0.216-0.296)이고 두메대극이 0.273(0.176-0.319)으로 두메대극이 대극에 비해 전반적으로 높은 유전적 변이를 보여주고 있다(Table 3).

Wright(1978)의 고정계수에 있어 두 종 모두 F_{is} 의 평균수치가 음의 값을 취하고 있어

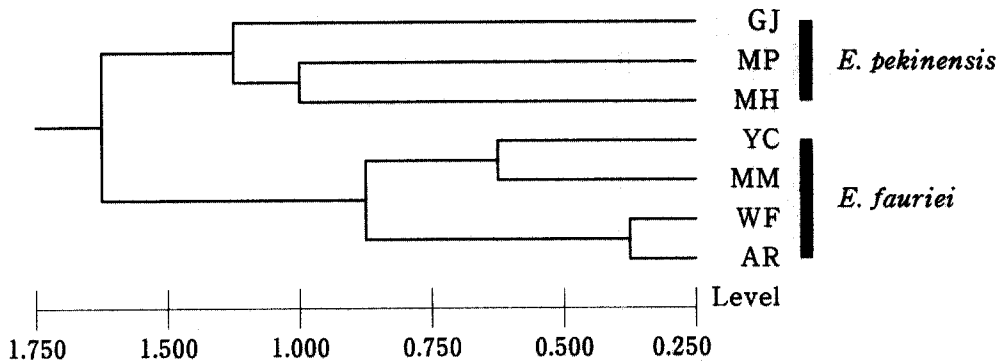


Fig. 1. UPGMA phenogram based on average taxonomic distance using 23 morphological characters from the seven populations of *E. fauriei* and *E. pekinensis*. Population abbreviations refer to materials and methods.

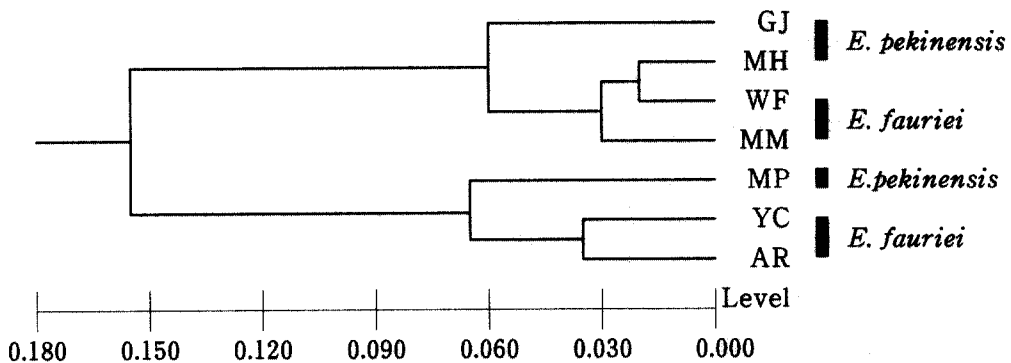


Fig. 2. UPGMA phenogram based on Nei's genetic distance among seven populations of *E. fauriei* and *E. pekinensis*. Population abbreviations refer to materials and methods.

이형집합자의 결여 현상은 나타나지 않는 것으로 생각되었다(Table 6). 집단 간 유전적 분화의 정도를 나타내는 F_{ST} 수치 역시 두 종 집단이 각각 0.171과 0.191로 모두 높은 수치를 나타내고 있지 않았다(Table 6).

유전적 동일성(Genetic identity)은 대극 3개 집단에서 0.911(0.863-0.968), 두메대극 4개 집단에서 0.900(0.843-0.975)을 나타내었으며, 대극과 두메대극 두 종 사이에서는 0.911(0.816-0.976)으로 두 중간에 매우 높은 유전적 동질성을 나타냈다(Table 5).

유전적 거리(Table 4)를 기초로 한 UPGMA phenogram을 보면, 형태 형질을 이용한 UPGMA phenogram에서 대극과 두메대극이 뚜렷한 두 개의 유집으로 나누어지는 것과는 달리 대극과 두메대극의 집단들이 서로 섞이어 유집 되었다(Fig. 2).

Table 2. Summary allele-frequency data for 10 polymorphic loci among seven populations of *E. fauriei* and *E. pekinensis*.

Locus/ Allele	<i>E. pekinensis</i>			<i>E. fauriei</i>			
	GJ	MP	MH	YC	WF	MM	AR
PGI-1:							
a	0.111	0.143	0.111
b	0.889	1.000	1.000	0.857	0.778	1.000	1.000
c	0.111
PGI-2:							
a	0.269	. . .	0.286	0.056	0.125	0.200
b	0.500	0.462	0.500	0.393	0.556	0.813	0.600
c	0.500	0.269	0.500	0.321	0.389	0.063	0.200
MDH-1:							
a	1.000	0.278	1.000	0.179	1.000	1.000	0.100
b	0.722	. . .	0.821	0.900
MDH-2:							
a	1.000	1.000	1.000	0.714	1.000	1.000	0.600
b	0.286	0.400
6PGD-1:							
a	0.357	0.071	. . .	0.100
b	0.643	1.000	1.000	0.917	0.857	1.000	0.900
c	0.083	0.071
6PGD-2:							
a	0.500	0.833	0.500	0.231	0.444	0.500	0.500
b	0.500	0.167	0.500	0.769	0.556	0.500	0.500
AAT:							
a	0.625	0.846	0.583	0.731	0.857	0.750	0.900
b	0.375	0.154	0.417	0.269	0.143	0.250	0.100
GA3PD-1:							
a	0.036	
b	0.778	1.000	0.950	0.964	0.944	0.938	1.000
c	0.222	. . .	0.050	. . .	0.056	0.063	. . .
SKDH:							
a	0.050	0.077	0.250
b	1.000	0.700	0.750	0.654	0.750	0.938	0.800
c	0.300	0.200	0.269	. . .	0.063	0.200
ADH:							
a	0.167	0.111	0.125	. . .
b	0.833	1.000	1.000	1.000	0.889	0.875	0.750
c	0.250

Table 3. Average values for mean number of alleles per locus (A), percentage of loci polymorphic (P), mean observed proportion of heterozygous loci (H_o), and mean expected proportion of heterozygous loci (H_e) in 7 populations of *E. pekinensis* and *E. fauriei*.

Populations	A	P	H_o	H_e
<i>Euphorbia pekinensis</i>				
GJ	1.7	70.0	0.424	0.296
MP	1.6	50.0	0.234	0.216
MH	1.6	50.0	0.333	0.218
means	1.6	56.7	0.330	0.243
<i>Euphorbia fauriei</i>				
YC	2.1	80.0	0.350	0.319
WF	2.1	80.0	0.274	0.284
MM	1.7	60.0	0.213	0.176
AR	1.9	80.0	0.370	0.314
means	2.0	75.0	0.302	0.273

Table 4. Mean values for Nei's(1972) genetic distance coefficients for pairwise comparisons of 7 populations among *E. pekinensis* and *E. fauriei*.

	GJ	MP	MH	YC	WF	MM	AR
GJ	---						
MP	0.171	---					
MH	0.056	0.102	---				
YC	0.205	0.067	0.133	---			
WF	0.050	0.116	0.024	0.140	---		
MM	0.058	0.104	0.028	0.147	0.025	---	
AR	0.227	0.053	0.173	0.037	0.170	0.151	---

Table 5. Mean values for Nei's(1972) genetic identity coefficients for pairwise comparisons of populations within and among *E. pekinensis* and *E. fauriei*.

<i>E. pekinensis</i>	0.911 (0.863-0.968)
<i>E. fauriei</i>	0.900 (0.843-0.975)
<i>E. pekinensis</i> × <i>E. fauriei</i>	0.910 (0.816-0.976)

Table 6. Deviation from Hardy-Weinberg equilibrium among individuals (F_{IS}), among populations (F_{ST}), and total deviation (F_{IT}) for ten loci from *E. pekinensis* and *E. fauriei*.

	<i>E. pekinensis</i>			<i>E. fauriei</i>		
	F_{IS}	F_{IT}	F_{ST}	F_{IS}	F_{IT}	F_{ST}
PGI-1	1.000	1.000	0.077	1.000	1.000	0.092
PGI-2	-0.546	-0.470	0.049	-0.110	-0.021	0.080
MDH-1	-0.385	0.493	0.634	-0.177	0.0716	0.759
MDH-2	---	---	---	-0.544	-0.207	0.218
6PGD-1	-0.556	-0.135	0.270	-0.110	-0.065	0.040
6PGD-2	-0.826	-0.636	0.104	-0.692	-0.606	0.051
AAT	-0.556	-0.460	0.062	-0.277	-0.235	0.033
GA3PD-1	-0.235	-0.100	0.110	-0.057	-0.033	0.023
SKDH	-0.227	-0.093	0.109	-0.315	-0.196	0.090
ADH	-0.200	-0.059	0.118	0.368	0.434	0.104
Mean	-0.473	-0.222	0.171	-0.198	0.031	0.191

고 찰

종간의 높은 유전적 동질성 : *E. fauriei* Levl. et Vant.은 Faurie에 의해 한라산 2000m 고지에서 채집되어 신종으로 기재된 이래 *E. pekinensis*의 변종으로 혹은 아종으로 처리되기도 하여 대극과 매우 가까운 종으로 기재되었다(Hurusawa, 1940, 1954; Kurosawa and Shimizu, 2000). 화학분류적 연구(Ahn, 1995)에 의하면 두메대극이 helioscopibin B를 함유하고 있는 것을 제외하면 대극과 똑같은 이차대사산물을 함유하고 있어 가까운 유연 관계를 지지하고 있다. 최근 RAPD를 이용한 한국산 흰대극아속 식물의 연구에서 대극과 두메대극은 자매군의 관계를 보여주었다(Kim *et al.*, unpublished data). 유전적 동질성에 의하면 두 종간의 유전적 동질성이 종내 수치보다 더 높게 나타나 두 종은 매우 유연 관계가 깊은 종으로 아주 최근에 분화되었을 가능성을 보여준다. 특히 두 종을 표식 할 수 있는 독특한 고정 대립인자(fixed alleles)가 나타나지 않고 형태형질에서는 영양 형질을 제외한 생식 형질의 경우 두 종간에 유사한 측정치를 보여주고 있어 위의 가설을 더욱 지지한다고 할 수 있다. 즉 한 종이 또 다른 종의 직접적 조상이거나 두 종이 최근에 공통조상으로부터 기원되었을 가능성이 큰 것으로 생각된다. 또한 두 자료의 유집 분석 결과 서로 다른 유연 관계를 보여 주고 있어 이와 같은 결과는 형태형질과 유전 형질의 분화가 일치하지 않음을 의미하며 이는 유전적 변이가 축적될 충분한

시간이 경과하지 않았음을 나타내는 증거로 볼 수 있다.

공통조상으로부터의 기원 : 유전적으로 매우 다양한 변이를 갖고 있는 조상 집단으로부터 지리적으로 가장자리에 위치하는 일부 이탈된 소수개체가 빠른 속도로 종분화를 일으킬 경우 극심한 근친교배와 유전적 부동에 의해 모종과는 다른 유전적 조성을 갖게 되어 새롭게 만들어진 종은 기존의 종과 조상과 자손 종(progenitor-derivative species pair)의 관계를 형성하게 된다(Grant, 1991). 일반적으로 이 경우 두 종은 매우 높은 유전적 동질성을 보여줄 뿐 아니라 자손종은 조상종에 비해 국소적으로 분포할 뿐 아니라 유전적 변이가 매우 낮고, 조상 종의 유전적 변이 일부만을 갖게 된다(Crawford and Smith, 1982; Crawford, 1990; Pleasants and Wendel, 1989; Gemmill *et al.*, 1998). 본 연구의 결과에 의하면, 한라산 정상에만 분포하는 두메대극의 경우 넓게 분포하는 대극에 비해 더 높은 유전적 변이를 보여 줄 뿐 아니라(Table 3), 대극에는 나타나지 않는 낮은 빈도의 대립인자들이 두메대극(Table 2)에 나타나고 있어, 두메대극이 대극으로부터 직접 기원했다는 가설을 지지하기보다는 두 종이 최근의 공동조상으로부터 기원되었을 가능성이 크다고 보는 것이 더 타당할 것이다. 두 종간의 높은 유전적 동질성과 비교적 높은 종내 유전적 변이는 두 종이 다양한 유전적 변이를 갖는 조상으로부터 최근에 분화되었고, 현재의 두 종이 조상의 유전적 변이를 대부분 유지하고 있다고 추론 할 수 있다. 반대로 조상 집단으로부터 오랫동안 고립되어 유지되어온 집단일 경우 높은 유전적 분화와 낮은 유전적 변이를 기대할 수 있을 것이다(Lee *et al.*, 2002).

좁게 분포하는 고유 종의 높은 유전적 변이 : 일반적으로 동일 속에 속하는 종 중 지리적 분포와 유전적 다양성의 상관관계에 대한 연구결과는 일반적으로 좁게 분포하는 고유 종이 넓게 분포하는 종에 비해 매우 낮은 유전적 변이를 나타내는 것으로 보고되고 있다(Karron, 1987; Hamrick and Godt, 1989). 즉 회귀종의 경우 유전적 부동(genetic drift)이나 창시자효과(founder effect) 등에 의해 우연한 기회에 대립인자의 빈도가 변하거나 제한된 환경 하에서 근친교배와 강한 자연선택 압에 의해 유전적 동질성이 증가하여 유전적 다양성이 낮아진다고 할 수 있다(Karron, 1991). 그러나 최근 연구에 의하면 회귀종들도 높은 유전적 변이를 나타내는 경우가 있어(Lewis and Crawford, 1995) 이와 같은 일반화는 단순히 확률적 일 뿐 과장된 부분이 있다는 지적이 있었다(Gitzendanner and Soltis, 2000).

본 연구에서도 좁게 분포하는 고유종인 두메대극이 넓게 분포하는 대극에 비해 상대적으로 높은 유전적 다양성을 보여주고 있어 예외적인 경우라 하겠다. 피자식물에 있어 일반적으로 생식양상(breeding system), 지리적 분포, 식물형(life form), 종자 산포 능력 등에 따라 집단 내, 간 유전적 변이가 큰 차이를 보이는데(Hamrick *et al.*, 1991), 피자식물에 있어 두메대극처럼 고유종($H_e=0.063$), 다년생 초본($P=28\%$, $A=1.4$, $H_e=0.1$), 동물에 의해 타가수분($P=36\%$, $A=1.5$, $H_e=0.12$)하며 탄성에 의해 종자산포($P=21\%$, $A=$

1.25, $H_e=0.06$)가 이루어지는 종(Hamrick and Godt, 1989; Hamrick *et al.*, 1991)보다 두메대극이 상대적으로 높은 유전적 변이를 보여 주며 기존의 대극속 식물(Park and Elisens, 1997; Park *et al.*, 1991)과 비슷하거나 보다 더 높은 예외적 결과를 보여주고 있다. 한편, 집단 내, 집단간에 유지되는 유전적 변이가 각각의 종이 경험하게되는 역사적 사건과 최근의 진화적 과정에 의해서도 크게 영향을 받기 때문에 이와 같은 측면을 고려하여 두메대극의 유전적 구조에 대한 추론이 가능할 것이다. 남해안에 분포하는 피자식물에 대한 유전적 연구는 제한적으로 이루어져왔는데 기존의 연구결과에 의하면 지리적으로 제한된 지역에 분포하는 종들임에도 불구하고 매우 높은 유전적 다양성을 보여주고 있는데(Chung and Kang, 1994; Kang and Chung, 1997; Park *et al.*, 1999), 이와 같은 사실은 제주도를 포함한 남해안 도서 지역이 현재와는 달리 과거 후빙기를 전후하여 연속적인 분포지역을 형성했을 가능성과, 동북아의 다른 지역에 비해 매우 안정적인 환경을 유지하며 다양한 식물들의 은신처로 작용했을 가능성을 시사하였다. 이와 같은 가설을 토대로 볼 때 현재 두메대극이 갖고 있는 높은 유전적 다양성과 낮은 집단 간 분화양상($F_{ST}=0.191$)은 과거 이들 집단이 남해안 일대에 연속적으로 넓게 분포하며 활발한 유전적 교류가 있었을 가능성이 크며 이와 같은 유전적 구조가 현재까지 유지되었을 것으로 추론된다. 하지만 채집당시 두메대극의 경우 집단간의 거리가 대극과 비교해 매우 가까웠기 때문에 아집단 수준에서 채집되었을 가능성이 크고 이로 말미암아 F_{ST} 값 계산에서 Wahlund effect(Nei, 1987) 영향을 받았을 것으로도 추측할 수 있다. 두메대극에 비해 상대적으로 낮은 유전적 변이를 보이고 있는 넓게 분포하는 대극의 경우 두메대극과는 반대로 빙하기를 전후하여 병목현상을 경험했을 가능성이 크고, 이를 통해 유전적 다양성이 소실되었다고 추측된다. 또한 대극의 경우, 본 실험을 위한 집단의 채집과정에서 분포영역을 대표할 수 있는 많은 집단들을 포함하지 않았기 때문에 더 많은 유전적 변이가 누락되었을 가능성이 크며 앞으로 한국을 비롯하여 중국, 일본 등지의 대극 집단들을 추가한다면 현재 결과와는 다르게, 넓게 분포하는 종들의 전형적인 변이 양상이 대극 집단에서도 나타날 수 있는 가능성이 크다고 하겠다.

사 사

본 연구는 2000년도 한국과학재단 목적기초연구(R01-2000-00067) 지원으로 수행되었습.

인 용 문 헌

Ahn, B., S. Lee, J. Ro and K. Lee. 1995. A chemotaxonomic study on Euphorbiaceae in Korea. Nat. Prod. Sci. 1: 86-98.

- Chung, M. and S. Kang. 1994. Genetic variation and population structure in populations of *Eurya japonica* (Theaceae) in Korea. Amer. J. Bot. 81:1077-1082.
- Crawford, D. J. 1990. Plant Molecular Systematics. John Wiley & Sons, NY.
- Crawford D. J. and E. B. Smith. 1982. Allozyme variation in *Coreopsis nuecensoides* and *C. nuecensis* (Compositae), a progenitor-derivative species pair. Evolution 36:379-386.
- Gemmill, C. E., T. A. Ranker, D. Ragone, S. P. Perlman, and K. R. Wood. 1998. Conservation genetics of the endangered endemic Hawaiian genus *Brighamia* (Campanulaceae). Amer. J. Bot. 85:528-539.
- Gitzendanner, M. A. and P. S. Soltis. 2000. Patterns of genetic variation in rare and widespread plant congeners. Amer. J. Bot. 87:783-792.
- Gottlieb, L. D. 1974. Genetic confirmation of the origin of *Clarkia linquolata*. Evolution 28:244-250.
- Gottlieb, L. D. 1981. Electrophoretic evidence and plant populations. Prog. Phytochem. 7:1-46.
- Grant, V. 1991. The Evolutionary Process: A Critical Study of Evolutionary Theory. Columbia University Press, NY.
- Hamrick, J. L. and M. J. W. Godt. 1989. Allozyme diversity in plant species. In Plant Population Genetics, Breeding, and Genetic resources. Brown, A. H. D., Clegg, M. T., Kahler, A. L. and B. S. Weir (eds.), Sinauer, Sunderland, Mass. Pp. 43-63.
- Hamrick, J. L., M. J. W. Godt, D. A. Murawski and M. D. Loveless. 1991. Correlation between species traits and allozyme diversity: implications for conservation biology. In Genetics and Conservation of Rare Plants. Falk, D. A. and K. E. Holsinger (eds.), Oxford University Press, New York. Pp. 75-86.
- Hurusawa, I. 1940. Species generis Euphorbiae Imperi Japonic(I-IV). J. Jap. Bot. 16:330-5 16.
- Hurusawa, I. 1954. Eine nochmalige Durchsicht des her-kommlichen systems der Euphorbiace en im weiteren sinne, Journ. Fac. Sci. Univ. Tokyo, III, Bot. 6:209-342.
- Kang, S. and M. Chung. 1997. Genetic variation and population structure in Korean endemic species:IV. *Hemerocallis hakuunensis* (Liliaceae). J. Plant Res. 110:209-217.
- Karron, J. D. 1987. A comparison of levels of genetic polymorphisms and self-compatibility in geographically restricted and widespread plant congeners.

- Evol. Ecol. 1:47-58.
- Karron, J. D. 1991. Patterns of genetic variation and breeding systems in rare plant species. *In* Genetics and Conservation of Rare Plants. Falk, D. A. and K. E. Holsinger (eds.), Oxford University Press, New York. Pp. 87-98.
- Lee, S., K. Kevin, L. Saw, A. Norwati, M. H. S. Salwana, C. Lee and M. Norwati. 2002. Population genetics of *Intsia palembanica* (Leguminosae) and genetic conservation of Virgin Jungle Reserves in peninsular Malaysia. *Amer. J. Bot.* 89:447-459.
- Lewis, P. O. and D. J. Crawford. 1995. Pleistocene refugium endemics exhibit greater allozymic diversity than widespread congeners in the genus *Polygonella* (Polygonaceae). *Amer. J. Bot.* 82:141-149.
- Loveless, M.D. and L. Hamrick. 1988. Genetic organization and evolutionary history in two North American species of *Cirsium*. *Evolution* 42:254-265.
- Nei, M. 1972. Genetic distance between populations. *Amer. Nat.* 106:283-292.
- Nei, M. 1987. *Molecular Evolutionary Genetics*. Columbia University Press, NY.
- Park, K. and W. J. Elisens. 1997. Isozyme and morphological divergence within *Euphorbia* section *Tithymalopsis* (Euphorbiaceae). *Int. J. Plant Sci.* 158:465-475.
- Park, K., D. Chung and B. Lee. 1999. Phylogenetic relationships of *Euphorbia fauriei* within the Korean *Euphorbia* subgenus *Esula* (Euphorbiaceae). *J. Basic Sci.* 13:87-98 (in Korean).
- Park, K., H. Jung, B. Ahn, K. Lee and J. Kim. 1999. Genetic and morphological divergence in Korean *Euphorbia ebracteolata* (Euphorbiaceae). *Kor. J. Plant Tax.* 29:249-262 (in Korean).
- Park, K. and W. Elisens. 2000. A phylogenetic study of tribe Euphorbieae (Euphorbiaceae). *Int. J. Plant Sci.* 161:425-434.
- Pleasants, J. M. and J. F. Wendel. 1989. Genetic diversity in a clonal narrow endemic, *Erythronium propullans*, and in its widespread progenitor, *Erythronium albidum*. *Amer. J. Bot.* 76:1136-1151.
- Rohlf, F. J. 1992. NTSYS-pc: numerical taxonomy and 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 electrophoretic data in population genetics

- and systematics. *J Hered.* 72:281-283.
- Kurosawa, T. and A. Shimizu. 2000. Catalogue of the type specimens preserved in the herbarium, department of botany, the University museum, the University of Tokyo, part 7. Euphorbiaceae. The University Museum, The University of Tokyo Material Reports No. 41.
- Wright, S. 1931. Evolution in mendelian populations. *Genetics* 16:97-159.
- Wright, S. 1978. Evolution and the genetics of populations, vol. 4. Variability within and among natural populations. University of Chicago Press, Chicago, IL.

**Comparisons of morphological and genetic diversity
between endemic *Euphorbia fauriei* and
widespread *E. pekinensis* (Euphorbiaceae)**

**Park, Ki-Ryong^{1*}, Han-Jin Jung¹, Joo-Hwan Kim²,
Gyu Young Chung³ and Byoung-Un Oh⁴**

¹Department of Biology, Kyung-Nam University, Masan 631-701, Korea;

²Division of Life Science, Daejeon University, Daejeon 300-716, Korea;

³School of Bioresource Science, Andong National University,

Andong 760-749, Korea; ⁴School of Life Science, Chungbuk

National University, Cheongju 360-763, Korea

Abstract

Genetic and morphological variation in two species of *Euphorbia*, Jeju island endemic *E. fauriei* and widespread *E. pekinensis*, was investigated using starch gel electrophoresis and numerical analysis. The high genetic identity between the two species and a significant number of unique alleles such as PGI-1^c, MDH-2^b, 6PGD-1^c, GA3PD-1^a and ADH-1^c in *E. fauriei* suggest that they may recently be originated from a common ancestor rather than the progenitor-derivative relationships. The higher level of genetic diversity in *E. fauriei* is unusual of species with limited geographic distribution. The relatively high levels of genetic diversity found among populations of *E. fauriei* indicates that the Jeju island may play an important refuge during the Pleistocene glaciation.

Key words: *Euphorbia fauriei*, *E. pekinensis*, isozyme, morphological characters

*Corresponding Author : Phone : +82-55-249-2240, e-mail: park@kyungnam.ac.kr