

오영주* · 백원기¹ · 이우철강원대학교 생명과학부 · 대전대학교 생명과학과¹

1997년 임혁택에 의해 신종으로 기재된 자병취(*Saussurea chabyoungsanica* Im)의 새로운 분포지가 추가로 확인된 바, 신종에 대한 실체를 파악하기 위해 전반적인 형태학적 형질을 재검토하였고 지역간 변이의 폭, 식생구조와 토양환경을 조사하였다. 추가로 발견된 장소는 만덕봉, 석병산, 두리봉, 태백(석개재 상봉) 등이었으며, 이들 지역은 태백산맥계의 능선부이고 전부 석회암지대로 토양의 pH가 7.2~7.9이었다. 지역별 외부 형태에 의한 판별분석을 수행한 결과, 석병산집단이 다른 집단과 구분되며, 이는 환경 구배현상에서 오는 차이가 반영된 것으로 생각된다. 자병취 자생지의 식생구조를 파악하여 군락 구분을 한 뒤, 각 군락별 토양환경의 특성을 조사하였다. 식물사회학적 조사 결과, 자병취 자생지의 식물군락은 광의의 신갈나무군락군에 포함되는 자병취-산거울군락군, 조록싸리-자병취군락, 조록싸리-자병취전형하위군락, 대사초하위군락, 민둥갈퀴-자병취군락, 참배암차즈기-자병취군락, 털댕강나무-자병취군락 등 1군락군, 4군락, 2하위군락으로 분류되었다. 구성종 중, 자병취, 산거울, 조록싸리, 산새풀, 민둥갈퀴, 대사초, 참배암차즈기 순으로 중요치가 높으며 전지역에 출현하였다. 태백집단을 제외하고는 자병취, 산거울의 중요치가 가장 높은 것으로 보아 두 종간의 친화성이 매우 높은 것으로 생각된다. 토양시료의 물리화학적 분석으로부터 토성은 토성요인들 간의 상관분석에서 높은 값을 나타내며 토양시료의 PCA분석 결과, 토양환경요인의 특성에 의해 대체로 군락구분이 가능하였다. 이차원공간에 표현되는 기여율의 누적값은 73%로 토성(자갈, 모래, 미사)과 유기물함량, 토양함수량 등이 주된 요인으로 나타났다.

Hyun-Woo Lee^{1*}, Myong Gi Chung², Youngbae Suh³, and Chong-Wook Park¹¹Department of Biology, College of Natural Sciences, Seoul National University;²Department of Biology, College of Natural Sciences, Gyeongsang NationalUniversity; ³Natural Products Research Institute, Seoul National University

Allozyme investigation of the five *Cimicifuga* taxa in Korea was conducted to assess genetic and clonal diversity within populations and genetic divergence among populations and taxa. Levels of allozyme variation maintained in Korean *Cimicifuga* taxa were comparable to those for most herbaceous perennials. In general, samples excluding copies of the same multilocus genotype maintained higher levels of genetic diversity than the total samples within populations. Copies of homozygous genotypes at several loci due to clonal spread lead to decreased levels of genetic diversity within populations, indicating that clonal reproduction found in *Cimicifuga* affects population genetic structure. In general, more widely distributed species such as *C. dahurica* and *C. japonica* harbored higher levels of allozyme diversity than the other taxa examined. Although two varieties of *C. heracleifolia* are geographically and reproductively isolated, the genetic and clonal structure of var. *bifida* seems to resemble var. *heracleifolia*, indicating that the two varieties probably may have had a similar evolutionary history. On the other hand, the allozyme data strongly suggest that the two morphological types (Groups I and II) of *C. simplex* are treated as separate species.