

A209

**Artemisiae** 식물의 구분을 위한 DNA 표지 개발  
이미영<sup>P</sup>, 김종두<sup>1</sup>, 박채행<sup>1</sup>, 도의정<sup>1</sup>, 고병섭<sup>2</sup>, 오승은<sup>C</sup>

<sup>C1</sup> 건국대학교 이과대학 생명과학과, 서울 143-701; <sup>P</sup> 한국한의학연구원, 서울 135-100; <sup>1</sup> 한국한의학연구원, 서울 135-100

*Artemisiae* 식물 중 일부는 한약재인 애엽과 인진호로 구분되어 사용되고있다. 현재, *A. argyi*, *A. princeps*와 *A. montana*는 애엽으로, *A. capillaris*는 인진호로 각각 규정되어있다. 하지만, 유통되고있는 애엽과 인진호의 진위여부를 형태학적인 특성으로 구분하기는 대단히 어려워 *Artemisiae* 식물을 효율적으로 구분할 수 있는 DNA 표지 (marker)의 개발을 시도하였다. 50개의 서로 다른 random primer를 이용한 random amplified polymorphic DNA (RAPD) 실험결과 19개의 primer가 *Artemisiae* 식물에 polymorphism을 나타내었다. 특별히, primer 308 (5'-AGCGGCTAGG-3')과 329 (5'-GCGAACCTCC-3')는 애엽에 속하는 *A. argyi*와 *A. princeps*를 인진호인 *A. capillaris*와 그외의 *Artemisiae*의 동속식물인 *A. iwayamogy*, *A. japonica*와 *A. keiskeana*로부터 구별할 수 있는 특이적인 700 bp와 850 bp 밴드를 나타내었다. Primer 308과 329는 건조약재로부터 분리된 DNA를 주형으로 하여 PCR 할 경우에도 동일한 밴드를 나타내어 시중에서 유통되고있는 건조한약재로부터 애엽과 인진호를 효율적으로 구별할 수 있는 DNA 표지로 응용할 수 있는 가능성을 확인하였다.

A210

RAPD에 의한 한국산 칠면초와 근연종의 유전적 변이 연구  
심현보<sup>P</sup>, 최병희<sup>C</sup>

인하대학교 생명과학과, 인천 402-020

한반도 해안 염습지에 분포하는 대표적인 식물이 나문재속 (*Suaeda*)이다. 나문재속에 속하는 칠면초(*S. japonica*)와 근연종들은 주로 직접적으로 주기적인 해수의 영향을 받고 있는 해안 염습지에 생육한다. 칠면초는 생육지 환경 또는 분포지에 따른 형태적 변이형이 보고 되어 있다. 이러한 생태적 또는 지리적 차이에 의한 형태적 변이가 유전적 차이인지를 검증할 필요가 있다. 또한 칠면초는 근연종들과 형태적으로 매우 유사하여 종간 한계가 명확하지 않다. 본 연구에서는 칠면초의 종내 또는 종간 유전적 변이를 밝히기 위해 random amplified polymorphic DNA (RAPD) 분석을 수행하였다. 연구에 사용된 재료는 1997년 9월부터 2002년 9월까지 채집된 한반도 서남해안의 13개 집단을 대상으로 하였다. 조사는 형태적 특성이 뚜렷한 지역 집단을 선정하여 비교를 하였다. 종간 유연관계를 알아보기 위해서 속내 근연종인 나문재(*S. glauca*), 해홍나물(*S. maritima*), 방석나물(*S. australis*), 기수초(*S. malacosperma*)를 선정하여 비교하였다. 이들의 유전적 실험 결과와 지리적, 생태적 환경에 따른 형태적 변이를 비교 논의하였다.

A211

**Systematic Relationships among Korean Taxa of the Genus *Dryopteris* (Dryopteridaceae)**  
Sang-Jun Lee<sup>P</sup>, Chong-Wook Park<sup>C</sup>

School of Biological Sciences, Seoul National University, Seoul 151-742

The genus *Dryopteris* comprises ca. 200 species worldwide, and has been divided into four subgenera: subg. *Dryopteris*, *Pycnopteris*, *Erythrovariae*, and *Nephrocystis*. The *D. varia* complex (subg. *Erythrovariae*) is highly variable in morphology. The previous morphological analysis suggested the presence of seven entities in the complex in Korea. In the present study, we obtained chloroplast DNA sequences of *trnL* intron and *trnL-trnF* IGS region from Korean taxa of the genus to examine the genetic divergence among them and to compare the molecular relationships among taxa of the *D. varia* complex with those inferred from the previous morphological analysis. The NJ tree showed that *D. sacrosancta* was separated from the remaining taxa of the *D. varia* complex. It also suggests that *D. chinensis* of subg. *Dryopteris* is more closely related to *D. sacrosancta* rather than to the other species of subg. *Dryopteris*. The sequence data corroborate the morphological evidence that *D. saxifragi-varia* was probably derived from hybridization between *D. saxifraga* and *D. bissetiana*, and suggest that *D. saxifragais* likely to be a maternal parent of *D. saxifraga-varia*. The Suak population appear to be closely related to *D. pacifica* and *D. varia*, but is more or less genetically distinct. These relationships among the Korean taxa of the genus *Dryopteris* depicted on the NJ tree are largely congruent with those inferred from the previous morphological study.

A212

**Hybridization in Populations of *Aconitum* subg. *Aconitum* at Mt. Sobaek: Evidence from Chloroplast Haplotypes**  
Chae Eun Lim<sup>P</sup>, Miehe Han<sup>1</sup>, Junghe Lee<sup>1</sup>, Chong-Wook Park<sup>C</sup>

School of Biological Sciences, Seoul National University, Seoul 151-742

We have examined the sequences of three cpDNA intergenic spacers (*rbcl-accD*, *psbA-trnH*, and *trnL-trnF*) of the nine putative hybrid populations including three representative populations to understand the structure of the putative hybrid populations of *Aconitum* subg. *Aconitum* at Mt. Sobaek in Korea. Based on the sequence analysis of three cpDNA intergenic spacers, three haplotypes were found in nine putative hybrid populations at Mt. Sobaek representing five morphological types based on the pedicel pubescence. The existence of two or three different haplotypes within each population strongly suggest that at least three taxa of *Aconitum* subg. *Aconitum* were distributed sympatrically at Mt. Sobaek in the past. In addition, there is no association between the morphology and the cpDNA haplotypes of putative hybrids in each population at Mt. Sobaek; it might be the result of repeated hybridization and introgression accompanied with asexual reproduction by biennial tubers.