

백합나무 試驗林의 模擬間伐에 따른 遺傳多樣性 變化¹

洪鎔杓^{2*} · 柳根五² · 曹貞眞² · 洪庚洛²

Changes in Genetic Diversity of a Test Plantation of *Liriodendron tulipifera* L. by Simulated Practices for Seed Trees¹

Yong-Pyo Hong^{2*}, Keun-Ok Ryu², Kyung-Jin Cho² and Kyung-Nak Hong²

要 約

경기도 화성군 반월면 속달리 소재의 백합나무 종자 산지 시험림을 대상으로 모수림 작업 전후의 유전다양성의 변화를 예측하기 위해서 총 305개체에 대한 I-SSR 표지자 분석을 수행하였다. 9개의 I-SSR primer를 이용하여 PCR을 수행한 결과 총 89개의 증폭산물 변이체를 확인했으며, 속달리 시험림에 식재되어 있는 전 개체에 대한 다양도는 0.4532로 비교적 높은 수치를 보였다. 종자산지별로 구분하여 분석한 결과 미국 채종원산 종자를 양묘하여 식재한 개체군에서 가장 높은 다양도(0.4530)를 보였으며, 그 다음이 안양 산지로 0.4152, 전북 산지의 경우 0.3929로 가장 낮은 다양도를 보였다. 식재목의 형태적 특성과 식재 간격을 고려하여 두 번에 걸친 간벌을 수반하는 모수림 작업 결과 남겨질 37개 개체목에 대한 유전다양도 및 유전적 거리를 모의 통계분석한 결과, 종자 산지내 다양도는 전북이 28.3%로 가장 크게 감소했으며, 그 다음이 안양으로 16.3%, 미국이 8.0%로 가장 적게 감소한 것으로 나타났다. 개체목 감소율의 차이가 적었음에도 불구하고(87.5~88.2%) 다양도의 변화에 큰 차이가 나는 이유는 미국산 채종원 종자는 비교적 다수의 모수로부터 유래되었으나 안양 및 전북에서 생산된 종자들은 상대적으로 소수의 모수로부터 유래되었을 가능성이 크기 때문인 것으로 추정된다. 비록 2차에 걸친 간벌에 의해서 각 종자 산지내 개체간 다양도는 평균 17.5%가 감소했으나, 전체 37개체에 대한 다양도의 감소는 불과 6.1%에 지나지 않기 때문에 속달리 시험림에 식재되어 있는 305개체 중에서 종자생산을 목적으로 본 연구에서 선정한 기준에 따라 37개체를 잔존시키는 모수림 작업을 수행하더라도 이들로부터 생산될 개체들에 있어서 전체적인 유전다양성의 현격한 감소를 초래하지는 않을 것으로 생각된다.

ABSTRACT

Changes in genetic diversity after seed-tree practice were simulated in test plantation of tulip tree at Sokdal-ri, Banwol-myon, Hwasung-gun, Kyungki province. I-SSR markers were analyzed in a total of 305 tulip trees. A total of 89 amplicon variants were observed by PCR with 9 I-SSR primers. Genetic diversity for 305 trees was relatively high ($S.I.=0.4532$). Individuals originated from the seed orchards in U.S.A. showed the highest level of genetic diversity (0.4530), those from Anyang showed the medium level (0.4152), and those from Cheonbuk showed the lowest (0.3929). Simulation of seed-tree practice accompanied by 2 consecutive thinnings was performed on the basis of morphological characteristics and planted distances of the individual trees, which left 37 trees as candidates for seed-trees. Decreasing rate of genetic diversity within seed sources was greatest for individuals from Cheonbuk (28.3%), moderate for those from Anyang (16.3%), and smallest for those from U.S.A. (8.0%). In spite of little difference in decreasing rate of individuals for the 3 seed sources (87.5~88.2%), large difference in decreasing rate of genetic diversity within seed sources might be due to difference in number of mother trees for the 3

¹ 接受 2001年 1月 15日 Received on January 15, 2001.

² 審査完了 2001年 2月 9日 Accepted on February 9, 2001.

^{*} 임업연구원 임목육종부 유전생리과 Korea Forest Research Institute, Tree Breeding Department, Suwon 441-350, Korea.

^{*} 연락처자 E-mail : yphong@foa.go.kr

seed sources. For example, whereas individuals originated from the seed orchard in U.S.A., which showed the smallest decreasing rate of genetic diversity, might be originated from relatively large number of mother trees, those from Anyang and Cheonbuk might be originated from relatively small number of mother trees. Although mean of 17.5% of the genetic diversity within seed sources was decreased through 2 consecutive thinnings, a decrease in genetic diversity for the whole individuals (37 trees) was only 6.1%. This observation suggests that the seed-tree practice on the basis of the criteria established in the present study may not result in great reduction in overall genetic diversity of the progenies.

Key words: *Liriodendron tulipifera*, *I-SSR marker*, *amplicon variants*, *genetic diversity simulation of seed-tree practice*

序 論

백합나무(*Liriodendron tulipifera* L.)는 미국 동부지방 전역에 분포하는 수종으로 목재 이용이 다양하며 빠른 성장과 더불어 거목으로 성장하는 장점이 있어서 원산지에서 상업적으로 중요한 활엽수 중의 하나로 자리잡고 있다. 고대 식물학 상으로 백합나무는 백악기에 16종이 북미에 번성하다가 빙하기를 겪으면서 15종은 사라지고 1종이 생존하여 미국 동부지방 전역에 분포하게 되었다. 세계적으로 백합나무 종류는 중국 중앙에 생육하는 중국백합나무(*L. chinensis* Sarg.)가 있으며, 형태적으로는 백합나무와 유사하나 백합나무는 평균수고가 30m, 잎의 길이가 15cm, 꽃 색이 녹색인 것에 반하여, 중국백합나무의 평균수고는 15m, 잎의 길이는 12.7cm, 꽃 색은 어두운 황록색으로 왜소하다. 백합나무의 꽃은 모양이나 크기가 튜립꽃과 유사하여 일반적으로 tulip tree, tulip-poplar, yellow-poplar로 많이 불려지고 있으나 그 밖에도 white-wood 등 14개의 이름을 가지고 있다. 백합나무 성숙목은 빼어난 수형을 가지며 임분에서 줄기는 통직하고 거대하며 지하고가 높으며 내병충성으로 공원의 정원수나 환경수로 적합하며 밀원 식물로도 가치가 높다. 최고의 적지는 배수가 잘 되는 계곡부위로 최대의 성장을 보이나 건조한 토양에서도 생육이 가능하다.

국내의 경우 백합나무는 1925년에 북미로부터 4.5ℓ, 1929년에 Ohio주로부터 6.4ℓ를 도입하여 식재되었다는 기록이 있다(윤국병, 1960). 국내에 기조성된 임분으로부터 우량한 종자를 채취하여 보급하기 위해서 특정 임분을 채종림으로 전환할 경우 강도의 간벌이 수반되는 모수림 작업이 수반되며, 이때 임분내 유전다양성의 감소를 피할 수 없게 되는데 유전다양성 감소를 극소화할 수 있는 모수림 작업이 유전자원보존 차원에서 고려되어야

할 중요한 사항이라 할 수 있다. 모수림 작업에 따른 전체적인 유전다양성의 변화 양상은 동일 임분에 있어서 간벌 전 및 간벌 후에 존재하는 개체들을 대상으로 DNA 표지자 분석을 수행함으로써 추정할 수 있다. 본 연구에서는 경기도 화성군 반월면 속달리 소재의 백합나무 시험림(1971년 식재)을 채종림으로 유도할 목적으로 식재목의 형태적 특성과 식재 간격을 고려하여 두 번에 걸친 간벌을 수반하는 모수림 작업을 수행할 경우 시험지내 유전적 다양성의 변화 양상을 inter-simple sequence repeats (I-SSR) 표지자 분석을 통해서 모의 수행하였다.

材料 및 方法

I-SSR 표지자 분석을 위해서 경기도 화성군 반월면 속달리 소재의 백합나무 종자 산지별 시험림에 식재된(1971년), 총 305개체로부터 잎을 채집하였다(1999년). 경기 안양, 전북, 미국 등 3개 종자 산지별로 각각 76본, 101본, 128본의 잎에서 CTAB방법을 이용하여 genomic DNA를 추출하였다(Hong et al., 1993). PCR 분석을 위하여 20ng의 주형 DNA, 0.6μM의 primer, 0.5μg의 BSA(Bovine Serum Albumin, Takara, Japan), 1.5mM MgCl₂, 100μM의 dNTPs(MBI, Lithuania), 10mM Tris-HCl, 50mM KCl, pH, 8.3, 0.6unit의 *Taq* DNA polymerase(AB, UK)를 섞어서 PTC-200 PCR 기기(MJ Research, USA)를 사용해서 반응시켰다. PCR의 온도 순환 조건은 94℃에서 5분간 전처리를 하고, 94℃에서 30초간 열변성, 52℃에서 30초간 primer 결합, 72℃에서 1분간 DNA 복제의 세 과정을 45회 반복수행하고, 72℃에서 10분간 DNA 복제를 완성했다. PCR 증폭산물은 1X TBE용액을 이용해서 제조한 2% agarose gel을 이용하여 분획하였으며, EtBr로 염색한 후 자외

선분광기상에서 사진 촬영하여 관찰하였다. 증폭산물 변이체는 gel상의 동일한 위치에 증폭산물이 있고 없음을 기준으로 증폭산물이 있을 경우 1, 없을 경우 0으로 기록하여 실험을 통해서 분석된 전 개체에 대하여 조사표를 작성하였다.

개체 및 종자 산지별로 정리된 자료를 이용해서 종자 산지 내 및 종자 산지를 구분하지 않고 모든 개체에 대한 I-SSR 증폭산물 다양성을 Shannon's index(표현형 다양성; Shannon, 1948)를 컴퓨터 프로그램 POPGENE v.1.21 (Yeh 등, 1997)을 이용해서 계산했다. I-SSR 증폭산물 변이체의 공유 정도에 의해 계산되는 종자 산지간 유전적 거리를 컴퓨터 프로그램 RAPDDIST v1.0 (Black, 1996)을 이용해서 Manhattan Distances (Prevosti distance; Wright, 1978) 공식에 의거해서 계산했다. 종자 산지간 유전적 분화 정도를 평가하기 위해서 Excoffier 등(1992)의 Euclidean metric법에 의해 유전적 거리를 계산했으며 컴퓨터 프로그램 AMOVA v1.55 (Excoffier 등, 1992)를 이용해서 AMOVA를 수행했다.

結果 및 考察

증폭산물의 다형성을 기준으로 예비실험을 통해서 선발한 9개의 I-SSR primer를 이용하여 PCR 을 수행한 결과 총 89개의 증폭산물 변이체[UBC primer #812(12개 변이체), #813(8개), #815(12개), #827(3개), #834(8개), #835(7개), #836(7개), #843(14개), #846(18개)]를 확인했다(Figure 1). 관찰된 89개 I-SSR 표지자를 이용하여 305개체를 대상으로 유전다양성 정도를 (Shannon's index : S.I.)를 계산한 결과, 속달리 시험림에 식재되어 있는 전 개체에 대한 다양도는 0.4532로서 비자나무 (0.3990, 홍 등 2000), 은행나무 (0.3965, 홍 등 2000)에 비하여 상대적으로 높은 수치를 보였다 (Table 1). 종자 산지별로 구분하여 분석한 결과 미국 채종원산 종자를 양묘하여 식재한 개체군에서 가장 높은 다양도(0.4530)를 보였으며, 그 다음이 안양 산지로 0.4152, 전북 산지의 경우 0.3929로 가장 낮은 다양도를 보였다.

식재목의 형태적 특성과 식재 간격을 고려하여



Figure 1. I-SSR profiles, amplified by UBC primer #815 and fractionated with 2% agarose gel, of whole individuals. M denotes DNA size marker of 100bp ladder.

Table 1. Estimates of phenotype diversity of I-SSR amplicons resulted from 2 simulated consecutive thinning.

Seed Source	No. of individuals		
	305 trees (±SD)	100 trees (±SD)	37 trees (±SD)
Anyang	0.4152(0.2253)	0.3946(0.2500)	0.3477(0.2669)
Cheonbuk	0.3929(0.2110)	0.3534(0.2496)	0.2817(0.2766)
U.S.A.	0.4530(0.1949)	0.4344(0.2114)	0.4169(0.2331)
Total*	0.4532(0.1834)	0.4427(0.1842)	0.4256(0.1906)

* Phenotype diversity and rate of decrease were estimated for whole samples without considering seed sources.

1차 간벌을 수행했을 경우에 남겨질 100 개체목 (안양 26본, 전북 29본, 미국 45본)을 대상으로 다양도를 평가하는 모의 통계분석을 수행한 결과, 전체 다양도는 0.4427로 간벌전의 다양도에 비해 2.3%가 감소했으며, 종자 산지별 다양도에 있어서 간벌전에 비해서 평균 6.4%의 다양도가 감소하는 경향을 보였으나, 종자 산지간의 전반적인 양상은 그대로 유지됨이 확인되었다(미국>안양>전북) (Table 2). 종자 산지간 1차 간벌에 의한 다양도 감소율을 비교한 결과, 전북 산지가 10.1%의 감소율을 보여 가장 높았고 미국 산지는 4.1%의 감소율을 보여 가장 낮았다.

최종적으로 채종용 모수로 남겨질 개체를 선정하고 2차 간벌을 수행했을 경우에 남겨질 37 개체목(안양 9본, 전북 12본, 미국 16본)을 대상으로 다양도를 평가하는 모의 통계분석을 수행한 결과, 전체 다양도는 0.4256으로 2차 간벌 전의 다양도에 비해 3.9%가 감소했으며, 1차 간벌 전의 다양도에 비해 6.1%가 감소했다(Table 2, Figure 2). 종자 산지별 다양도에 있어서 2차 간벌 전에 비해서 평균 12.1%의 다양도가 감소하는 경향을 보였고, 1차 간벌 전의 다양도에 비해서 평균 17.5%의 다양도가 감소하는 것으로 나타났으나, 종자 산지간의 전반적인 양상은 그대로 유지됨이 확인되었다(미국>안양>전북). 2차에 걸친 간벌에 의한 종자 산지간 다양도 감소율을 비교한 결과, 전북 산지가 28.3%의 감소율을 보여 가장 높았고, 그 다음이 안양 산지로 16.3%, 미국 산지는 8.0%의 감소율을 보여 가장 낮았다.

1차 간벌 후 남겨질 100개체 및 2차 간벌 후 남겨질 37개체를 대상으로 동일 종자 산지내 개체들을 하나의 분류 단위로 묶어서 유전적 유연관계를

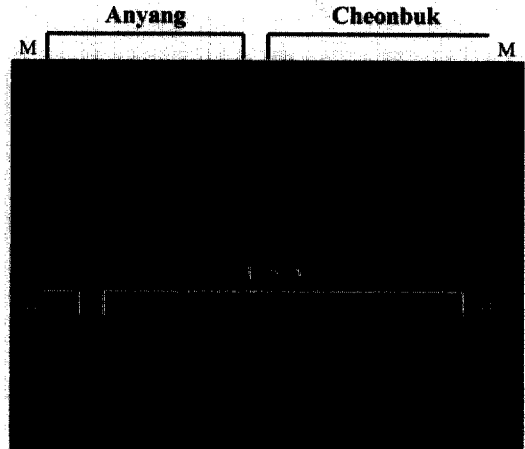


Figure 2. I-SSR profiles, amplified by UBC primer #815 and fractionated with 2% agarose gel, of 37 individuals which will be remained after the final thinning. M denotes DNA size marker of 100bp ladder.

추정한 결과, 1차 간벌 후 남겨질 100개체들이 종자 산지에 따른 뚜렷한 분지양상을 보이지 않고 다른 종자 산지에 속한 개체들이 동일한 분지군에 혼재되어 있음이 확인되었다(Figure 생략). 2차 간벌 후의 경우에도 종자 산지에 따른 뚜렷한 분지양상이 관찰되지 않고 다른 종자 산지에 속한 개체들이 동일한 분지군에 혼재되어 있음이 확인되었다(Figure 생략).

간벌 전의 305개체를 대상으로 3개 종자 산지간 유전적 분화정도(θ_{ST})의 계산을 시도하였으나 분석시료의 수가 AMOVA (v.1.55) 프로그램의 계산 가능 한계를 벗어나기 때문에 불가능하였고, 1차 간벌 후 남겨질 100개체를 대상으로 분석을 수

Table 2. Changes of phenotype diversity of I-SSR amplicons resulted from 2 simulated consecutive thinning.

Seed Source	1st thinning			2nd thinning			Accumulated		
	No. of trees		Rate of decrease	No. of trees		Rate of decrease	No. of trees		Rate of decrease
	305	100		100	37		305	37	
Anyang	0.4152	0.3946	0.0496	0.3946	0.3477	0.1189	0.4152	0.3477	0.1626
Cheonbuk	0.3929	0.3534	0.1005	0.3534	0.2817	0.2029	0.3929	0.2817	0.2830
U.S.A.	0.4530	0.4344	0.0411	0.4344	0.4169	0.0403	0.4530	0.4169	0.0797
Average			0.0637			0.1207			0.1751
Total*	0.4532	0.4427	0.0232	0.4427	0.4256	0.0386	0.4532	0.4256	0.0609

* Phenotype diversity and rate of decrease were estimated for whole samples without considering seed sources.

행한 결과 3개 종자 산지간에 11.1%의 유전적 분화 양상을 확인할 수 있었다. 2차 간벌 후에 남겨질 37개체를 대상으로 종자 산지간 유전적 분화 정도를 분석한 결과 3개 종자 산지간에 14.3%의 유전적 분화 양상을 보여 3.2%의 유전적 분화의 증가를 확인할 수 있었다. 비록 1차 간벌 전의 종자 산지간 유전적 분화 정도를 직접 계산할 수는 없었으나 1차 간벌에 의해 종자 산지내 다양도가 평균 6.3% 감소하고 전체 다양도는 불과 2.3% 밖에 감소하지 않은 점과 2차 간벌에 의해 1차 간벌 후에 비해 종자 산지내 다양도가 평균 12.1% 감소하고 전체 다양도는 3.9% 감소한 점에 비추어 볼 때 상대적으로 1차 간벌에 의한 3개 종자 산지간 유전적 분화 정도의 증가폭은 그다지 크지 않을 것으로 추정된다. 이론적으로 1차 간벌 전의 3개 종자 산지간 유전적 분화 정도는 1차 간벌 후의 유전적 분화 정도인 11.1% 보다는 적을 것으로 생각되며, 미국 동부 전역에 분포하는 50개 집단을 대상으로 8개 동위효소 유전자좌의 분석을 수행한 결과 집단간에 심한 유전적 분화 양상($G_{ST}=21.1\%$, Parks 등, 1994)을 보였다는 보고 및 North Carolina 주의 6개 집단을 대상으로 4개의 동위효소 유전자좌를 분석한 결과 13.9%의 집단간 유전적 분화 양상을 관찰한 보고(Brotschol 등, 1986)와 비교해 볼 때 -- 동위효소 유전자좌 분석 결과와 DNA 표지자 분석 결과를 직접 비교한다는 것이 비현실적임에도 불구하고 -- 본 연구에서 확인된 종자 산지간 유전적 분화 정도는 천연집단간 유전적 분화 정도 보다 낮은 수준이었다. 더욱이 국내에서 동일한 수종에 대해 동위효소 유전자좌를 분석한 결과와 DNA 표지자를 분석한 결과 -- 소나무 : 3.9%(동위효소 유전자좌; 김과 이, 1992)와 13.0%(RAPD 표지자; 김, 1995), 전나무 : 6.2%(동위효소 유전자좌; 안, 1997)와 19.8%(RAPD 표지자; 김, 1998), DNA 표지자의 경우 동위효

소 유전자좌의 결과에 비해서 약 3배정도 유전적 분화가 크게 관찰됨을 확인할 수 있었다. 따라서 본 연구에서 I-SSR 표지자를 분석해서 얻어진 유전적 분화 정도는 동위효소 유전자좌 분석 결과의 수준에서 볼 때 매우 낮은 수준임을 알 수 있다. 예를 들면, 1차 간벌 전의 유전적 분화 수준이 1차 간벌 후의 수준인 11.1%와 동일하다고 가정하더라도 동위효소 유전자좌 분석 결과의 수준(DNA 표지자 분석 결과의 1/3)으로 환산하면 불과 3.7%에 불과한데, 이는 본 연구에서 분석된 3개 종자 산지의 개체들의 모수가 동일한 산지에서 유래되었을 가능성이 높음을 간접적으로 시사하는 것으로 생각된다.

두 번에 걸친 간벌을 수반하는 모수림 작업 결과 남겨질 37개 개체목(평균 87.9% 제거, 안양-88.2%, 전북-88.1%, 미국-87.5%, Table 3)에 대한 유전다양도를 모의 통계분석한 결과, 종자 산지내 다양도는 전북이 28.3%로 가장 크게 감소했으며, 그 다음이 안양으로 16.3%, 미국이 8.0%로 가장 적게 감소한 것으로 나타났다(Table 2). 개체목 감소율의 차이가 적었음에도 불구하고(87.5~88.2%) 다양도의 변화에 큰 차이가 나는 이유는 미국산 채종원 종자는 비교적 다수의 모수로부터 유래되었으나 안양 및 전북에서 생산된 종자들은 상대적으로 소수의 모수로부터 유래되었을 가능성이 크기 때문인 것으로 추정되며, 특히 전북 산지의 경우 종자생산 모수의 수가 극히 제한되어 있었거나 또는 특정 모수들로부터 유래된 차대들이 속달리 임지 환경에서 우량한 개체들로 성장할 수 있었기 때문에 다른 종자 산지에서 남겨진 개체들 보다 그 다양도가 크게 감소된 것으로 생각된다. 비록 2차에 걸친 간벌에 의해서 각 종자 산지내 개체간 다양도는 평균 17.5%가 감소했으나, 전체 37개체에 대한 다양도의 감소는 불과 6.1%에 지나지 않기 때문에 속달리 시험림에 식재되어

Table 3. Changes of the number of trees remained after 2 simulated consecutive thinning.

Seed Source	1st thinning			2nd thinning			Accumulated		
	No. of trees		Rate of decrease	No. of trees		Rate of decrease	No. of trees		Rate of decrease
	305	100		100	37		305	37	
Anyang	76	26	0.658	26	9	0.654	76	9	0.886
Cheonbuk	101	29	0.713	29	12	0.586	101	12	0.881
U.S.A.	128	45	0.648	45	16	0.644	128	16	0.875
Average			0.673			0.628			0.879

있는 305개체 중에서 종자 생산을 목적으로 본 연구에서 선정한 기준에 따라 37개체를 잔존시키는 모수림 작업을 수행하더라도 이들로부터 생산될 차대들에 있어서 전체적인 유전다양성의 현격한 감소를 초래하지는 않을 것으로 생각되나 도입수종인 백합나무의 국내 식재를 확대할 경우에는 genetic base를 넓혀주기 위한 추가적인 종자의 도입이 필요할 것으로 생각된다.

參 考 文 獻

1. 김진수·이석우. 1992. 강원, 경북 지역 소나무 천연집단의 유전적 구조. 한국육종학회지. 24 : 48-60.
2. 김용율. 1995. RAPD 분석에 의한 소나무 10개 천연집단의 유전변이 연구. 서울대학교. 박사학위논문.
3. 김인식. 1998. RAPD marker에 의한 국내 전나무류의 유전적 구조 및 유연관계. 서울대학교. 박사학위논문.
4. 안진권. 1997. 전나무 천연집단의 동위효소에 의한 유전변이와 생장 및 침엽의 형태적 특성. 임육연보. 21 : 89-95.
5. 윤국병. 1960. 외국수종육성에 관한 시험-해방전에 도입된 임목종자의 목록. 임업시험연구자료 제1호. 43p.
6. 한영창·유근옥·이갑연·장석옥. 1990. 툼립나무의 특성과 생장. 임육연구노트 42호. 9p.
7. Beck, D.E. and D.B. Lino 1981. Yellow-poplar : Characteristics and Management. USDA Forest Service. Agriculture Handbook No. 583. Washington, DC. U.S.A. 90p.
8. Beck, D.E. 1990. In Silvics of North America Volume 2, Hardwoods. p.406-416. Russell M. B. and Barbara H. H. (eds) USDA, Agriculture Handbook No. 654. Washington, DC. U.S.A.
9. Black, W. C. IV. 1996. RAPDDIST 1.0. Department of Microbiology, Colorado State University, Fort Collins, CO. U.S.A.
10. Brotschol, J. V., J. H. Roberds, and G. Namkoong. 1986. Allozyme variation among North Carolina populations of *Liriodendron tulipifera* L. *Silvae Genetica* 35(4) : 131-138.
11. Excoffier, L., P. Smouse, and J. Quattro. 1992. Analysis of molecular variance inferred from metric distance among DNA haplotypes : application to human mitochondrial DNA restriction data. *Genetics* 131 : 479-491.
12. Hong, Y.P., V.D. Hipkins, and S.H. Strauss. 1993. Chloroplast DNA diversity among trees, populations and species in the California closed-cone pines(*Pinus radiata*, *P. muricata* and *P. attenuata*). *Genetics* 135 : 1187-1196.
13. Hong, Y.P., K.J. Cho, and E.M. Shin. 2000. Diversity of I-SSR variants in the populations of *Torreya nucifera*. *Journal of Korean Forestry Society*. 89(2) : 167-172.
14. Hong, Y.P., K.J. Cho, K.N. Hong, and E.M. Shin. 2001. Diversity of I-SSR Variants in *Ginkgo biloba* L. Planted in 6 Regions of Korea. *Journal of Korean Forestry Society* (in press)
15. Parks, C.R., J.F. Wendel, M.M. Sewell, and Y.L. Qiu. 1994. The significance of allozyme variation and introgression in the *Liriodendron tulipifera* complex (Magnoliaceae). *American Journal of Botany* 81(7) : 878-889.
16. Shannon, C.E. 1948. A mathematical theory of communication. *Bell System Tech. J.* 27 : 379-423.
17. Yeh, F.C., R.C. Yang, and T. Boyle. 1997. POPGENE. Microsoft window-based freeware for population genetic analysis. Department of Renewable Resources. University of Alberta. Edmonton, AB. Canada.
18. Wright, S. 1978. Evolution and genetics of populations. Vol. 4. Variability within and among natural populations. University of Chicago Press, Chicago, USA.
19. Zobel, B. J. and J. Talbert. 1984. Applied Forest Tree Improvement. John Wiley and Sons, New York. 505p.
20. Zobel, B.J., G. van Wyk, and P. Stahl. 1987. Growing Exotic Forests. John Wiley and Sons, New York. 508p.