

RAPD분석에 의한 미선나무속의 분류학적 연구

김동갑 · 박경량¹⁾ · 김주환*
대전대학교 생명과학부, ¹⁾한남대학교 미생물학과

A taxonomic study of *Abeliophyllum* Nakai (Oleaceae) based on RAPD analysis

Dong-Kap Kim, Kyeong Ryang Park¹⁾ and Joo-Hwan Kim*
Division of Life Science, Daejeon University, Daejeon 300-716, Korea,
¹⁾Dept. of Microbiology, Hannam University, Daejeon 306-791, Korea

ABSTRACT

Abeliophyllum distichum Nakai (Oleaceae) is a monotype of Korea and is distinguished from related genus *Forsythia* Vahl by the morphological characters such as fruit shape, flower color and etc. Even though several intraspecific taxa were reported according to the color of flowers and shape of fruits, there have been many controversals on the taxonomic identity and status of rank on those taxa. In the present study, we performed the RAPD analysis to delimit the intraspecific taxa of *Abeliophyllum distichum* and to investigate the genetic polymorphism and relationships among 12 populations. 212 scorable RAPD markers with 70 common markers were found from the PCR reactions with 16 random oligoprimers and were analyzed by Nei's genetic distance. From 0.108 to 0.321 of genetic variations were showed among the taxa. Some regional groups instead of same taxa were clustered from the phenogram of UPGMA analysis. Also, we could not find distinct lineage among intraspecific taxa. The result from RAPD analysis supported that the intraspecific taxa of *Abeliophyllum distichum* might be the individual variations and treated as the same taxa. RAPD analysis was very useful to confirm the high gene pool with diverse genetic polymorphism among *Abeliophyllum distichum* populations.

Key words : *Abeliophyllum*, RAPD, UPGMA, genetic polymorphism, relationships

서 언

물푸레나무과 (Oleaceae)의 미선나무속 (*Abeliophyllum*)은 단일종(*A. distichum* Nakai)으로 구성된 한국특산식물속으로 충청북도 진천군 초평면

용정리에서 채집된 표본(Nakai 8147-50, TI)을 기준으로 Nakai(1919)에 의해 기재되었고, 이후 미선나무에는 흰색 꽃과 분홍색 꽃을 갖는 변이체들이 존재하며 흰색의 꽃을 기본종으로 인식하였고, 후자를 분홍미선나무(*A. distichum* for. *lilacinum* Nakai)라고

기재한 바 있다. 또한, Lee(1976)는 미선나무의 꽃잎과 꽃받침잎의 색변이에 따라 푸른미선나무(*A. distichum* for. *viridicalycinum* T. Lee)와 상아미선나무(*A. distichum* for. *eburneum* T. Lee)를 기재하였고, 시과의 선단부가 둔두 또는 평두이며 엽병과 잎의 이면맥상에 털이 선 것을 둥근미선나무(*A. distichum* var. *obtusicaipum* T. Lee)라고 발표한 바 있다. 그러나, 미선나무는 꽃과 꽃받침잎의 색과 열매의 형태 등 생식기관의 형질이 자생지의 동일집단내에서도 일련의 연속적인 변이를 나타내고 있으며, 심지어는 동일개체에서 조차 변이양상이 관찰되기도 한다. 이와 같이 미선나무속은 꽃과 꽃받침잎의 색, 열매의 형태 등에 의해 많은 종내분류군들이 보고되어 있으나, 현재까지는 상기한 검색형질의 분류학적 가치에 대하여 구체적으로 논의된 바 없으며, 학자들에 따라서는 종내분류군들을 개체변이로 처리하는 등 (Paik, 1994; Lee, 1996) 현재까지 분류군간의 명확한 구별이 매우 어려운 것으로 알려져 있다. 현재까지 우리나라에 분포하는 미선나무 자생지는 1917년 정태현과 Nakai에 의해 충북 진천군 초평면 용정리(천연기념물 제14호)에서 최초로 발견된 이래, 1955년 충북 괴산군 장연면 송덕리의 인근 야산에서 제2의 자생지가 발견되어 천연기념물 제147호로 지정된 바 있다. 그 이후, 충북 괴산군 칠성면 울지리(천연기념물 제221호)와 장연면 추점리(천연기념물 제220호), 경기도 고양군 신도면 효자리, 충북 영동군 영동읍 매천리(천연기념물 제364호), 전북 부안군 변산면 청림리(370호)가 알려짐으로서 미선나무는 우리나라 중부를 중심으로 서쪽에 자라는 것으로 그 분포가 소상히 밝혀졌다. 그러나, 본 속의 기준표본 채집지인 충북 진천군의 자생지는 완전히 파괴되어, 1969년 천연기념물에서 해제된 바 있다.

최근 계통분류학에 있어서 근연분류군간의 유전적 유연관계분석에 대한 요구가 증대됨에 따라, 유전자에 관한 연구는 외부형태에 기초한 전통적 연구에서의 문제점을 보완하여주고, 특정 유전자의 특성에 기초한 식물의 계통체계 및 진화과정을 밝혀주고 있다(Doyle *et al.*, 1992). DNA fingerprinting 방법을 이용하여 핵산의 다형현상(polymorphism)을 직접 분

석함으로써 유전형(genotype)의 기본적 차이를 결정하는 여러 가지 방법들이 개발되어 사용되고 있는데 (Weising *et al.*, 1995), 그 중 최근 식물계통분류학에서 가장 많이 사용되는 대표적인 것이 Random amplified polymorphic DNA(RAPD; Williams *et al.*, 1990)이다. RAPD 분석은 간단한 10-mer primer를 가지고 미량의 DNA로부터 polymerase chain reaction(PCR)을 이용하여 많은 양의 분자유전학적 표지인자(molecular genetic marker)를 손쉽게 검색할 수 있는 장점을 가지고 있다.

따라서 본 연구는 미선나무와 종내분류군들의 지역집단군을 대상으로 RAPD방법에 의한 분자유전학적 다형현상을 분석하고 이를 기초로 미선나무의 분류학적 한계를 검토하며 집단간의 유전적 변이를 논의하고자 수행되었다.

재료 및 방법

1. 재료

본 실험에 사용된 재료는 1999년 4월부터 2000년 10월까지 자생지에서 직접 채집한 12집단을 이용하였다(Table 1). 또한, 본 연구에 사용된 재료의 증거표본은 대전대학교 생명과학부 식물표본실(TUT)에 보관하였다.

2. 방법

1) DNA extraction

DNA 추출을 위하여 채집된 식물의 잎은 얼음과 함께 ice box를 이용하여 실험실로 운반하거나, silica gel로 건조하여 밀폐된 비닐주머니에 넣어 실험실로 운반하였다. 채집된 잎은 액체질소를 넣어 막자사발로써 분말로 파쇄하여 -70℃의 deep freezer에 보관하였다.

DNA추출은 CTAB method(Doyle and Doyle, 1987)를 다소 변형한 아래의 방법으로 실시하였다. 냉동보관된 약 1.0g의 분말조직을 0.5% 2- β -mercaptoethanol이 첨가된 15ml의 extraction buffer(2% CTAB; 100mM Tris, pH 8.0; 50mM EDTA,

Table 1. Materials and collection data of *Abeliophyllum* which were used in RAPDs analysis.

Taxa	Localities, Voucher No.	Date	Abbreviation.
<i>Abeliophyllum distichum</i> Nakai (미선나무)	¹ Cheongrim , Buan D.K. Kim 0045	Apr. 4. 2000	AD1
	² Naibyeonsan , Buan D.K. Kim 0047	Apr. 4. 2000	AD2
	³ Maecheon , Yeongdong D.K. Kim 0027	Apr. 5. 2000	AD3
	⁴ Yongjeong , Jincheon D.K. Kim 0057	Apr. 6. 2000	AD4 AD5
	⁵ Songdeok , Goesan D.K. Kim 0002	Apr. 6. 2000	AD6
	⁶ Chujeom , Goesan D.K. Kim 0011	Apr. 6. 2000	AD7
	<i>Abeliophyllum distichum</i> for. <i>lilacinum</i> Nakai (분홍미선)	Cheongrim , Buan D.K. Kim 0043	Apr. 4. 2000
Yongjeong, Jincheon D.K. Kim 0073		Apr. 4. 2000	AL2 AL3
Songdeok , Goesan D.K. Kim 0009		Apr. 6. 2000	AL4
⁷ Gwangreung D.K. Kim 0120		Apr. 9. 2000	ADE

* ^{1,2}: Jeollabuk-do

³: Chungcheongbuk-do

⁴: Chungcheongbuk-do

⁵: Chungcheongbuk-do

⁶: Chungcheongbuk-do

⁷: transplanted from Goesan

* Bold: Natural monument

pH 8.0; 500mM NaCl)에 넣은 후 65℃에서 20분간 incubation하고, 조직내 phenol 화합물, 탄닌 등의 불순물을 제거하기 위하여, extraction buffer에 2% PVP-40을 첨가하였다. Incubation후 SEVAC용액 (chloroform:Isoamyl alcohol=24:1) 7.5 ml를 첨가하여, 4,200rpm에서 30분간 원심분리하여 상등액을 취하고 이 부피의 2/3이 되는 양의 isopropanol을 첨가한 후, -20℃에서 12시간 이상 보관하였다가 15,000rpm으로 50분간 원심분리하여 DNA를 분리하였다. 분리된 DNA pellet은 70% ethanol로 세척한 후 TE buffer(1M Tris, 0.5M EDTA, pH 8.0)에 용해하였으며, 그 후 필요에 따라 7.5M ammonium acetate, 2.5M sodium acetate 등의 양이온 첨가과정을 포함한

정제과정을 실시하였다. 추출된 DNA 용액에 RNA를 제거하기 위하여 RNase(2unit/ml, 37℃, 1 hour ; Berhinger Mannheim)을 처리하고, GeneClean kit(Bio 101 Inc., CA, USA)와 Chelex 100(Bio-Rad Lab., CA, USA)을 이용하여 DNA를 순수정제하였다. 정제된 DNA는 0.7% Agarose gel로 전기영동한 후 1% EtBr로 염색하여 UV illuminator상에서 marker와의 밝기 정도를 비교하는 spot-test를 실시하여 그 농도를 계산하여 PCR반응에 사용하였다.

2) RAPD

추출된 DNA로부터 RAPD절편의 증폭반응은 Perkin-Elmer 9600 thermal cycler에서 수행되었다.

Table 2. The list of 16 primers used for the RAPDs analyses.

Primer No.	Sequence(5' →3')	Primer No.	Sequence(5' -3')
4	CCT GGG CTG G	44	TTA CCC CGG C
6	CCT GGG CCT A	72	GAG CAC GGG A
20	TCC GGG TTT G	73	GGG CAC GCA A
39	TTA ACC GGG C	77	GAG CAC CAG G
40	TTA CCT GGG C	78	GAG CAC TAG C
41	TTA ACC GGG G	81	GAG CAC GGG G
42	TTA ACC GGG C	83	GGG CTC GTG G
43	AAA ACC GGG G	84	GGG CGC GAG T

PCR반응은 전체 25 μ l 부피로 행하며, 10-50ng DNA, 1 unit *Taq* DNA Polymerase(Bioneer), 10mM Tris-HCl, pH 8.3, 50mM KCl, 1.5mM MgCl₂, 0.001% gelatin, 0.5 μ M primer 및 200 M의 각 dATP, dCTP, dGTP, dTTP 등이 포함되어 있다. Primer는 NAPS(University of British Columbia)에서 제작된 No. 1-100의 10-mer oligo primer를 이용하였으며, 다음의 PCR반응에 사용되었다. ① 94℃에서 2분간 pre-denaturation, ② 94℃에서 1분간, 44℃에서 2분간, 72℃에서 2분으로 구성된 amplifying cycle을 35회 반복, ③ 마지막으로 72℃에서 7분동안 extension으로 구성된 3단계의 PCR 과정을 거쳐 DNA product를 만들어 내었다. 이때 각각의 primer에 대한 상기의 PCR 과정을 통한 screening을 실시하여, 선택된 primer별로 3회 이상의 반복실험을 수행하여 재현성이 뚜렷한 것만을 유용한 primer로 결정하였다(Table 2). PCR을 통하여 합성된 DNA product는 1 × 10⁻⁴% EtBr이 포함된 1.3% Agarose gel로 전기영동하여 UV-illuminator상에서 band를 확인한 후, Universal Software(AAB, 2000)의 1D-PCR program을 이용하여 정확한 band의 위치를 결정하였다.

3) 자료분석 및 유연관계분석

전기영동을 통하여 전개된 DNA fragment의 각 band를 하나의 형질로 취급하여 0과 1의 값을 주어 전체 OTU에 대한 자료행렬을 작성하였으며, Nei(1972)의 genetic distance로서 유사도지수 자료행렬(Table 3)을 산출하였다. 도출된 유전적 거리지수

자료행렬은 NTSYS-pc(Rohlf, 1992)의 SAHN clustering program을 이용하여, UPGMA방법에 의한 phenogram(Fig. 1)을 작성하여 각 OTU간의 유전적 유사성을 검토하였다.

결과 및 고찰

본 연구에 사용된 random primer는 총 100개이었으며, 그 중 primer screening을 실시하여 분류군 전체에 반응이 일어난 primer는 30개였다, 본 실험에서 반응이 일어난 30개의 primer는 대부분 G+C content가 매우 높았으며, 그 중 3회의 반복실험을 통해 분류군 전체에서 반응이 일어난 것은 16개였다(Table 2). 실험에 사용된 random primer에서 높은 G+C content를 갖는 것은 일반적으로 primer의 염기구성이 DNA의 증폭길이에 커다란 영향을 미치며 (William *et al.*, 1990), random primer에 있어서 G+C content가 높을수록 DNA 증폭은 매우 잘 일어난다는 견해와 일치하였다(Fritsch *et al.*, 1993). PCR과정을 통해 증폭된 DNA 절편들은 300-2000bp 사이의 구간에서 관찰되었고, RAPD marker의 수는 각 primer마다 3-14개로 다양하게 나타났으며, 종내분류군간 보다는 지역별개체군간에 서로 다른 밴드양상이 관찰되었다(Fig. 1-10). 16개의 primer에 의한 RAPD PCR반응 결과, 총 212개의 유전적 표식밴드를 확인할 수 있었고, 이중 33%에 달하는 70개의 밴드는 전 분류군에서 공통적으로 관찰되었다. 증폭된 DNA band의 존재유무에 따라 작성된 기초자료행렬

Table 3. Genetic dissimilarity matrix caulated by Nei(1972)' s genetic distance based on RAPDs analyses for *Abeliophyllum*.

	AD1	AD2	AD3	AD4	AD5	AD6	AD7	AL1	AL2	AL3	AL4	ADE
AD1	0											
AD2	0.1483	0										
AD3	0.2406	0.3016	0									
AD4	0.2540	0.2138	0.2986	0								
AD5	0.2038	0.1830	0.3205	0.1076	0							
AD6	0.1588	0.1808	0.2761	0.1815	0.1601	0						
AD7	0.1851	0.1816	0.2616	0.1732	0.1696	0.1257	0					
AL1	0.0479	0.1834	0.2396	0.2479	0.2155	0.1778	0.2046	0				
AL2	0.1872	0.1669	0.3155	0.1333	0.0319	0.1609	0.1705	0.2062	0			
AL3	0.2249	0.1781	0.2796	0.1784	0.1661	0.1894	0.1987	0.2467	0.1669	0		
AL4	0.2247	0.1858	0.3059	0.2139	0.2176	0.1801	0.1893	0.2194	0.2085	0.1858	0	
ADE	0.3051	0.2911	0.3514	0.2248	0.2568	0.2359	0.2439	0.3045	0.2445	0.2503	0.2731	0

* Find the Abbreviation in Table 1.

을 토대로 Nei(1972)의 유전적 거리지수를 이용하여 비 유사도(상사도)지수행렬(Table 3)을 도출하였고, 이를 기초로 UPGMA phenogram을 작성하였다(Fig. 11).

RAPD 분석에 의한 미선나무집단의 상사도지수 행렬에 의하면, 미선나무의 지역별 개체군간에는 0.108에서 0.321(평균 0.206)의 유전적 상이성을 나타내었고, 분홍미선의 지역별개체군 사이에는 0.167에서 0.247(평균 0.231)의 매우 낮은 값을 나타내었다. 또한 미선나무집단과 분홍미선집단간에는 0.032에서 0.316의 차이를 나타내었고, 상아미선은 미선

나무와 분홍미선의 개체군들과는 0.225-0.351의 비 유사도지수를 나타냄으로써 미선나무 종내 품종간 유전적 불연속성은 거의 없는 것으로 생각된다. RAPD 분석결과를 기초로 UPGMA방법의 유집분석을 수행한 결과, 미선나무의 종내 품종간 및 지역집단간에 일정한 유전적 불연속성은 거의 나타나지 않았으나, 충북 진천군의 집단들사이에는 높은 유전적 유연관계를 확인할 수 있었다. UPGMA phenogram에 의하면, 충북 진천군의 미선나무(AD4, AD5), 분홍미선나무(AL2, AL3) 집단은 광릉의 상아미선(ADE), 충북 괴산의 미선나무(AL4) 집단과 하나의

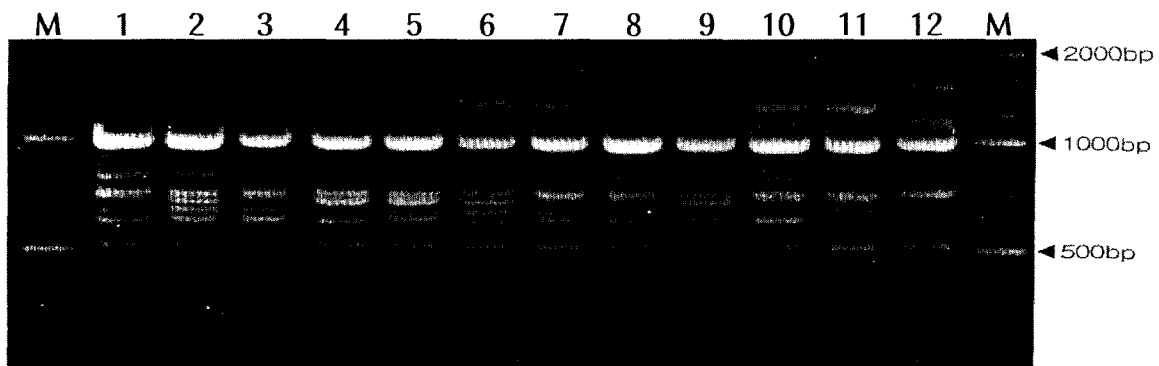


Fig. 1. Electrophoretic photograph of RAPD with the primer No. 4

M : Molecular Maker

Lane 1-7 : *A. disticum* Nakai

Lane 8-11 : *A. disticum* for. *lilacinum* Nakai

Lane 12 : *A. disticum* for. *eburneum* T. Lee

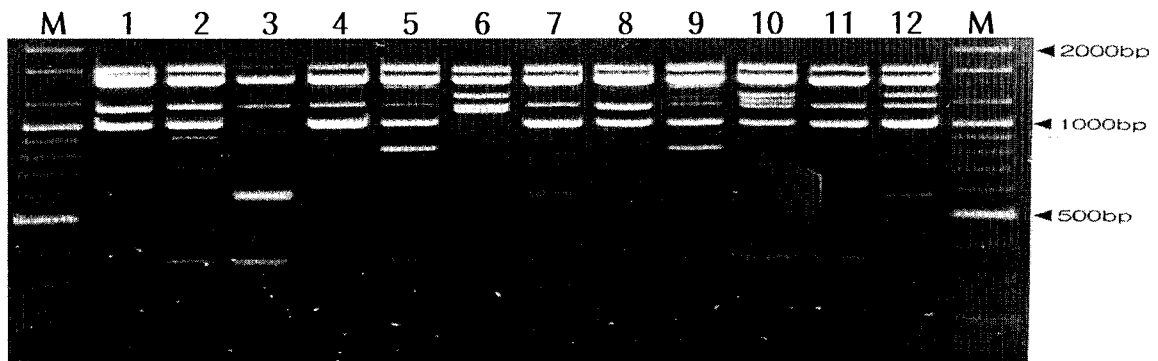


Fig. 2. Electrophoretic photograph of RAPD with the primer No. 6

M : Molecular Maker

Lane 1-7 : *A. disticum* Nakai

Lane 8-11 : *A. disticum* for. *lilacinum* Nakai

Lane 12 : *A. disticum* for. *eburneum* T. Lee

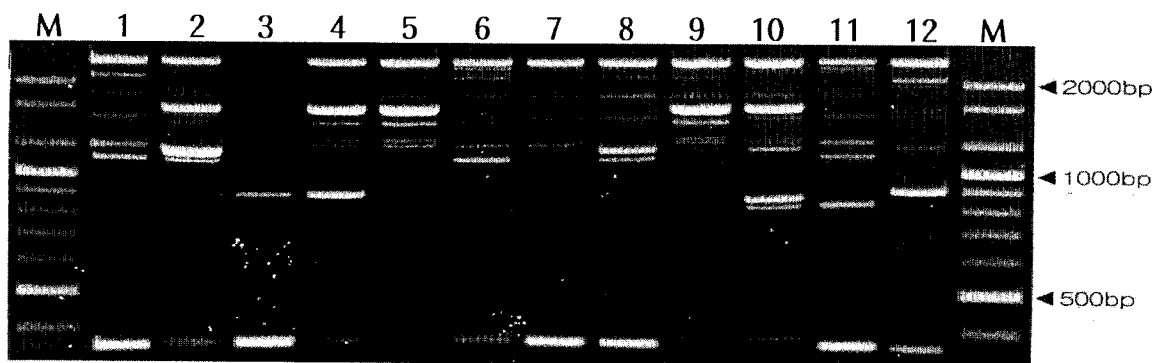


Fig. 3. Electrophoretic photograph of RAPD with the primer No. 39

M : Molecular Maker

Lane 1-7 : *A. disticum* Nakai

Lane 8-11 : *A. disticum* for. *lilacinum* Nakai

Lane 12 : *A. disticum* for. *eburneum* T. Lee

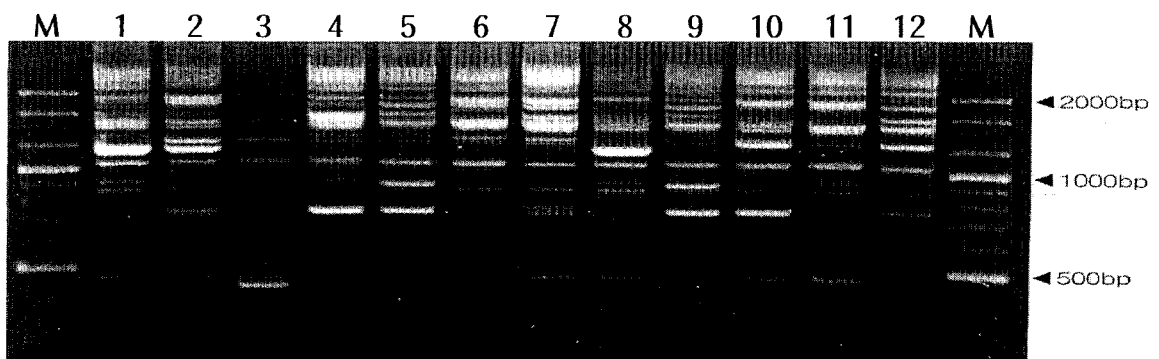


Fig. 4. Electrophoretic photograph of RAPD with the primer No. 41

M : Molecular Maker

Lane 1-7 : *A. disticum* Nakai

Lane 8-11 : *A. disticum* for. *lilacinum* Nakai

Lane 12 : *A. disticum* for. *eburneum* T. Lee

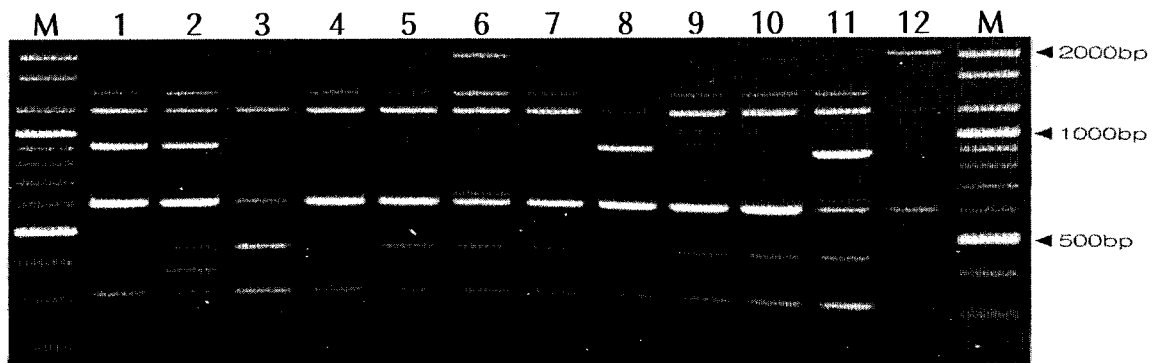


Fig. 5. Electrophoretic photograph of RAPD with the primer No. 42
 M : Molecular Maker
 Lane 1-7 : *A. disticum* Nakai
 Lane 8-11 : *A. disticum* for. *lilacinum* Nakai
 Lane 12 : *A. disticum* for. *eburneum* T. Lee

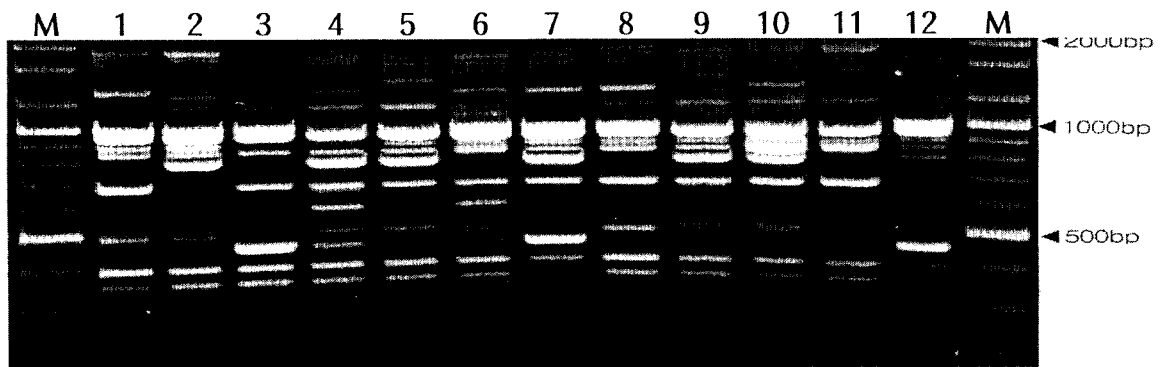


Fig. 6. Electrophoretic photograph of RAPD with the primer No. 43
 M : Molecular Maker
 Lane 1-7 : *A. disticum* Nakai
 Lane 8-11 : *A. disticum* for. *lilacinum* Nakai
 Lane 12 : *A. disticum* for. *eburneum* T. Lee

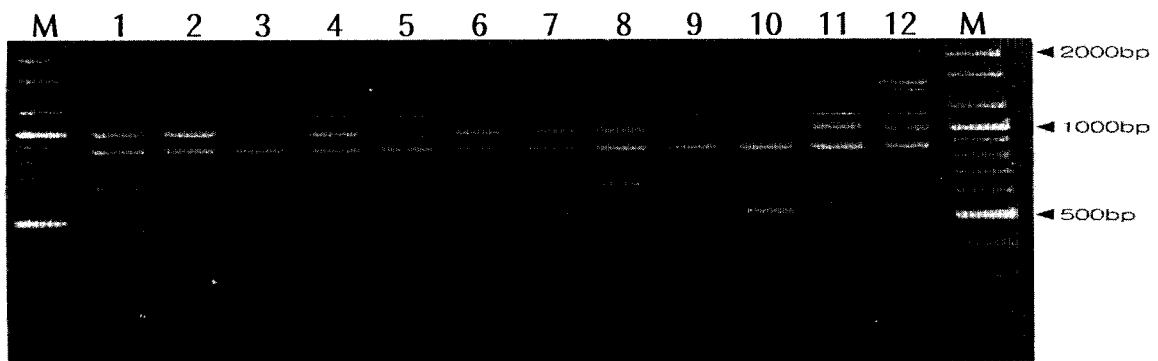


Fig. 7. Electrophoretic photograph of RAPD with the primer No. 44
 M : Molecular Maker
 Lane 1-7 : *A. disticum* Nakai
 Lane 8-11 : *A. disticum* for. *lilacinum* Nakai
 Lane 12 : *A. disticum* for. *eburneum* T. Lee

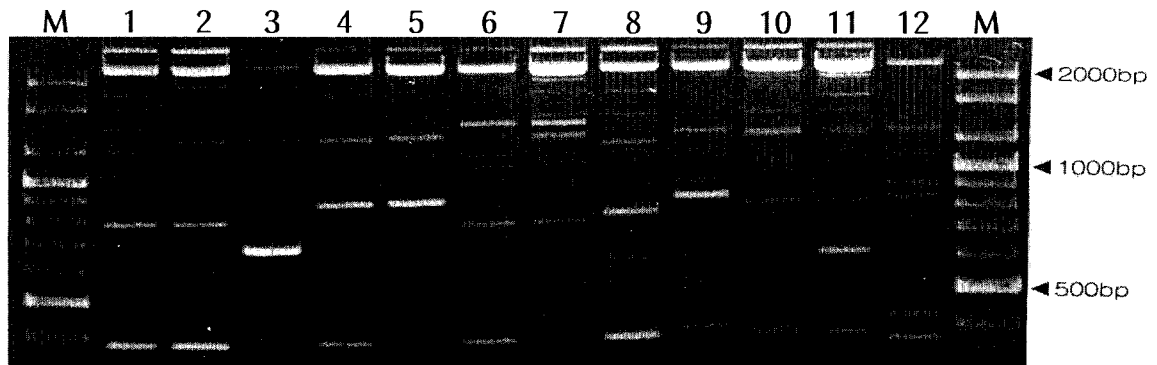


Fig. 8. Electrophoretic photograph of RAPD with the primer No. 73
 M : Molecular Maker
 Lane 1-7 : *A. disticum* Nakai
 Lane 8-11 : *A. disticum* for. *lilacinum* Nakai
 Lane 12 : *A. disticum* for. *eburneum* T. Lee

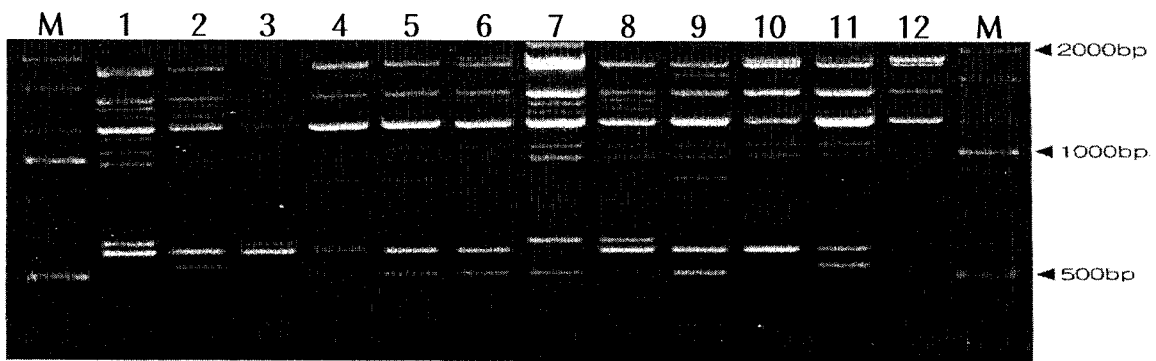


Fig. 9. Electrophoretic photograph of RAPD with the primer No. 78
 M : Molecular Maker
 Lane 1-7 : *A. disticum* Nakai
 Lane 8-11 : *A. disticum* for. *lilacinum* Nakai
 Lane 12 : *A. disticum* for. *eburneum* T. Lee

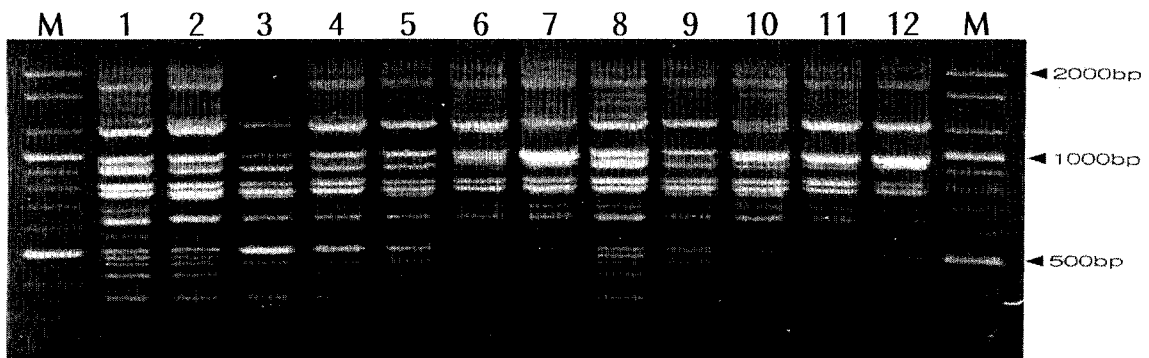


Fig. 10. Electrophoretic photograph of RAPD with the primer No. 83
 M : Molecular Maker
 Lane 1-7 : *A. disticum* Nakai
 Lane 8-11 : *A. disticum* for. *lilacinum* Nakai
 Lane 12 : *A. disticum* for. *eburneum* T. Lee

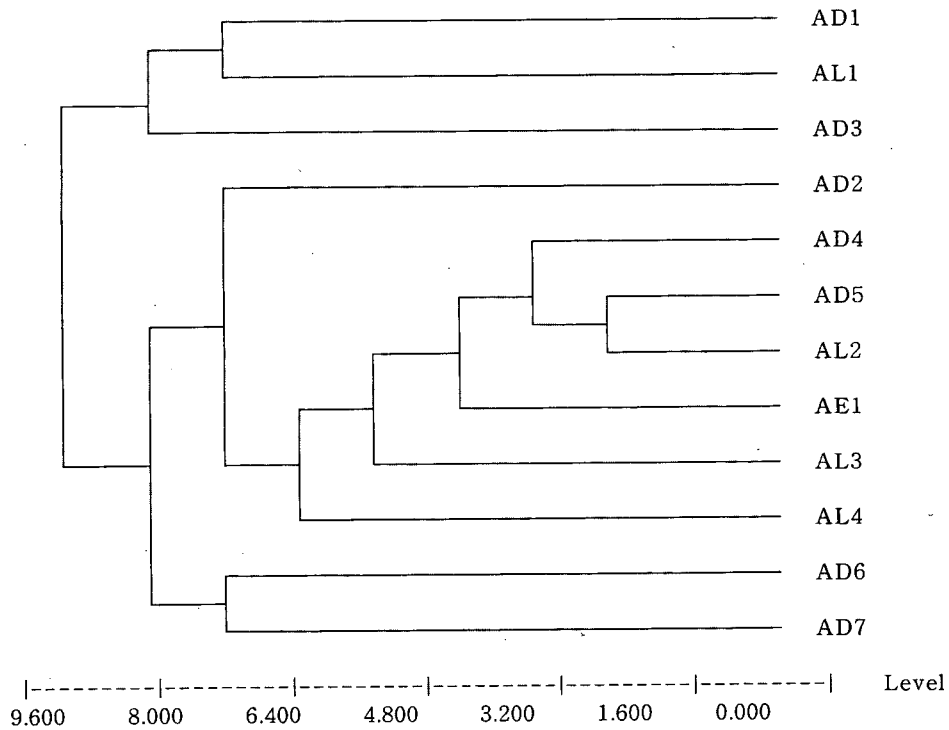


Fig. 11. A phenogram by UPGMA clustering method of *Abeliophyllum* based on RAPD analysis
 * Find the abbreviation in Table 1.

유집군을 형성하여 전북 변산의 미선나무집단 (AD2)과 유집된 후에 충북 괴산의 미선나무 집단 (AD6, AD7)군과 커다란 하나의 유집군을 형성한 후에, 충북 영동군의 미선나무(AD3), 전북 부안의 미선나무(AD1), 분홍미선나무 집단(AL1)과 합쳐져 마지막으로 유집되는 것으로 나타났다(Fig. 11). 결국, RAPD 연구결과 미선나무, 분홍미선 및 상아미선의 기본품종 집단간에는 뚜렷한 유전적 불연속성이 관찰되지 않았으며, 전체적으로 다양한 유전적 다형성이 관찰되어 현재까지 자생하는 미선나무는 높은 gene pool을 유지하고 있는 것으로 생각된다. 이와 같은 결과는 학술적 혹은 경제적으로 잠재적 가치가 매우 높은 미선나무의 육종 및 신품종 개발이나 자생지 보전 또는 복원사업에 있어서 매우 다행스러운 일이라 사료된다. 또한, 미선나무의 종내분류군들에 대한 분류학적 한계설정에 있어서, 꽃과 열매의 형태적 변이를 근거로 설정된 변종 및 품종 등은 모종

인 미선나무에 모두 이명처리 되어야 할 것으로 판단되며, 이는 미선나무의 종내분류군들을 개체변이로 취급하여 하나로 통합한 Paik(1994)의 견해를 지지하고 있으며, 향후 본 분류군의 분류학적 처리에 반영되어야 할 것으로 생각된다.

최근까지 RAPD에 의한 분석방법은 속내 혹은 혈연적으로 가까운 분류군간의 계통학적 유연관계를 입증하는 분류학에 사용되거나, 종간 혹은 종내의 지역군집 및 잡종을 분석하여 그 기원을 추정하는 분자생태학에 많이 이용되고 있는 것으로 보고되어 있다(Hardrys *et al.*, 1992). 비록 본 연구에서는 푸른미선과 등근미선이 포함되지는 않았지만, RAPD 분석방법이 미선나무속내 분류군의 종집단 및 지역개체군간의 유전적 다양성과 유연관계를 설명하는데 매우 유용한 것으로 판단된다.

적 요

물푸레나무과의 미선나무는 한국고유속 단일종으로 열매의 형태와 꽃의 색 등과 같은 외부형태학적 특징에 의해 근연속인 개나리속과 구별된다. 미선나무는 꽃의 색과 시과의 형태에 따라 여러개의 종내분류군들이 보고되어 있지만, 이들의 분류학적 정체성과 계급의 설정 등에 관하여는 학자들간에 많은 논란이 있다. 본 연구에서는 RAPD 분석을 실시하여 이를 토대로 미선나무의 종내분류군들의 한계를 규명하고 집단간의 유전적 다형현상과 유연관계를 논의하고자 하였다. 16개의 random primer를 이용한 효소증합반응을 실시하여, 70개의 공통적인 band를 포함하여 212개의 표식인자가 관찰되었고, 그 결과는 Nei의 유전적거리를 이용하여 분석하였다. 분류군간에는 0.108에서 0.321의 유전적 변이가 관찰되었고, UPGMA에 의한 군집분석을 통하여 동일분류군보다는 몇몇 지역집단간에 유집군이 형성되었으며, 종내분류군간에는 뚜렷한 연속성이 관찰되지 않았다. RAPD분석 결과는 미선나무의 종내분류군들은 개체변이이고 이를 동일종으로 처리되어야 한다는 의견을 지지하고 있다. 또한, RAPD분석은 미선나무 집단이 다양한 유전적 다형성을 지닌 높은 유전자 풀을 유지하고 있다는 것을 확인하는데 매우 유용하였다.

사 사

본 연구는 21세기 프론티어연구개발사업인 자생식물이용기술개발사업단 일부지원(FP001301-01)과 2000년도 한남대학교 학술연구조성비 일부지원에 수행되었습니다.

인 용 문 헌

- AAB (Advanced American Biotechnology). 2000. Universal Software. 1D program for PCR and RFLP. Fullerton, CA.
- Doyle, J.J. and J.A. Doyle. 1987. A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. *Phytochem. Bull.* 19:11-15.
- Doyle, J.J., M. Lavin, and A. Bruneau. 1992. Contributions of molecular data to Papilionoid Legume Systematics. *In Molecular Systematics of Plants*, Soltis *et al* eds. pp. 223-251. Chapman and Hall. New York.
- Fritsch, P., M. Hanson, C. Spore, P. Pack and L. Reiseberg. 1993. Constancy of RAPD primer amplification strength among distantly related taxa of flowering plants. *Plant Molecular Biology* 11:10-20.
- Hardrys, H., M. Balick and B. Schrierwator. 1992. Applications of random amplified polymorphic DNA (RAPD) in molecular ecology. *Mol. Ecol.* 1:55-63.
- Lee, T.B. 1976. New forms of *Abeliophyllum distichum*. *Kor J. Pl. Tax.* 7:21-22.
- Lee, T.B. 1979. Illustrated flora of Korea. Hyangmunsa. 990pp. (in Korean).
- Lee, T.B. 1984. Outline of endemic plants and their distribution in Korea. *Kor. J. Pl. Tax.* 14:21-32.
- Lee, W.T. 1996. Lineamenta Florae Koreae. Academic Press, Seoul. Pp. 855. (in Korean)
- Nakai, T. 1919. Genus novum Oleacearum in Corea media inventum. *Bot. Mag. Tokyo* 33:153-154.
- Nei, M. 1972. Genetic distance between populations. *Amer. Natur.* 106:283-292.
- Paik, W.K. 1994. Substance of the Korean endemic plants and investigation of their distribution. *Bulletin of the KACN ser.* 13:5-84. (in Korean)
- Rohlf, J. 1992. Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System. ver. 1.70. Exeter Software, NY.
- Weising, K., H. Nybom, K. Wolff and W. Meyer. 1995. DNA Fingerprinting in Plants and Fungi. CRC press.
- Williams, J., A. Kubelik, J. Rafalski and S. Tingey. 1990. DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. *Nucleic Acids Research* 18:6231-6239.

(접수일 2002. 2.15)

(수락일 2002. 2.20)