

RAPD에 의한 한국산 노린재나무과 식물의 유연관계 분석

박 상 흥^{1,2} · 이 중 구² · 김 주 환^{1,*}

¹대전대학교 생명과학과 · ²한국생명공학연구원 천연물의약연구센터

한국산 노린재나무과의 종간 및 지역별 개체군 집단간의 유연관계를 객관적으로 분석하고자 자생지와 식물원에서 채집된 4분류군 23집단을 대상으로 RAPD 연구를 수행하였다. PCR과정을 통하여 증폭된 RAPD 절편들은 150bp에서 1,900bp 사이의 구간에서 주로 관찰되었으며 총 11개의 oligoprimer를 이용한 효소중합반응에서 92개의 유전적 표식밴드를 확인할 수 있었고 Nei Li의 유전적 거리지수를 이용하여 분석하였다. 또한 이러한 자료에 근거하여 종간에 대한 UPGMA 유집분석 실시하였다. RAPD 분석결과를 기초로 UPGMA방법에 의한 유집분석을 수행한 결과 한국산 노린재나무과의 낙엽성 분류군과 상록성 분류군의 뚜렷한 유집군을 형성하였다. 또한 낙엽성 분류군에서 지역별 개체군 간의 유연관계보다 종간 유연관계가 밀접한 것으로 조사되었으며 섬노린재 개체군들은 독립적인 유집군을 형성하였고 노린재나무와 검노린재는 각기 다른 유집군을 형성하였다. 본 연구에서 사용한 RAPD 분석방법은 한국산 노린재나무과의 종간 유연관계를 파악하기 위한 매우 유용한 것으로 나타났다.

주요어: 노린재나무과, 유연관계, RAPD, UPGMA

노린재나무과(Symplocaceae)는 전 세계적으로 약 400종이 분포하며 단일속인 노린재나무속(*Symplocos*)으로 구성되어 있으며 아프리카, 서남아시아, 유럽을 제외한 열대와 아열대지역에 관목 또는 교목의 형태로 퍼져 있다(Cronquist, 1981). 노린재나무속은 외부형태적으로 매우 다양하고 종의 특징적인 형질을 찾기 어려워 분류학적으로 문제점이 많은 분류군으로(Nootboom, 1975; Nagamasu, 1993), 특히 해발이 높은 곳이나 열대와 아열대지역의 작은 섬에서 많은 종들과 자매종들이 나타나기 때문에 분류학적 어려움이 더욱더 야기되는 원인이 된다(Nagamasu, 1993).

우리나라에 분포하는 노린재나무과 식물에 관하여는 Miquel (1867)이 Oldham의 채집품을 기준으로 *S. paniculata*와 *S. crataegoides*를 기재함으로써 처음 학계에 소개되었고, 그후

*교신저자: 전화 042-280-2434, 전송 042-285-2434, sysbot@dju.ac.kr

접수: 2007년 5월 7일/완료: 2007년 8월 31일

Table 1. Materials and collection data of Symplocaceae in RAPD analysis.

Species	Locality and date	Abbreviation	DNA No.
<i>Symplocos coreana</i> (Lév.) Ohwi 섬노린재	JJ: Donneco Scogwiposi (Aug. 02. 2002)	<i>S. coreana</i> 1	1
	JJ: Donneco Scogwiposi (Aug. 02. 2002)	<i>S. coreana</i> 2	2
	JJ: Yeongsil Scogwiposi (June, 05. 2002)	<i>S. coreana</i> 3	3
	JJ: Yeongsil Scogwiposi (June, 05. 2002)	<i>S. coreana</i> 4	4
<i>S. sawafutagi</i> Nagamasu 노린재나무	CN: Gyeryongsan Gongju-si (May. 19. 2002)	<i>S. sawafutagi</i> 1	5
	JN: Deogyusan Muju-gun (May, 22. 2002)	<i>S. sawafutagi</i> 2	6
	JN: Deogyusan Muju-gun (May, 22. 2002)	<i>S. sawafutagi</i> 3	7
	GN: Jirisan Gurye-gun (June, 12. 2002)	<i>S. sawafutagi</i> 4	8
	GN: Jirisan Gurye-gun (June, 08. 2002)	<i>S. sawafutagi</i> 5	9
	GN: Jirisan Jungsan ri (June, 08. 2002)	<i>S. sawafutagi</i> 6	10
	GN: Jiphyeonsan Jinjusi (May, 08. 2002)	<i>S. sawafutagi</i> 7	11
	GN: Jagulsan Uiryeong-gun (May, 24. 2002)	<i>S. sawafutagi</i> 8	12
	GB: Tongggosan Uljin-gun (May, 25. 2001)	<i>S. sawafutagi</i> 9	13
	Bomunsan Daejeon (April, 28. 2002)	<i>S. sawafutagi</i> 10	14
	JB: Byeonsan Buan-gun (June, 09. 2002)	<i>S. sawafutagi</i> 11	15
	JJ: Yeongsil Scogwiposi (July, 03. 2002)	<i>S. sawafutagi</i> 12	16
	JJ: Yeongsil Scogwiposi (May, 14. 2002)	<i>S. sawafutagi</i> 13	17
<i>S. tanakana</i> Nakai 검노린재	CN: Youngmokhang Taean-gun (July, 03. 2002)	<i>S. tanakana</i> 1	18
	JJ: Halla Arboretum Yeondong (May, 02. 2002)	<i>S. tanakana</i> 2	19
	JN: Bogildo (May, 04. 2002)	<i>S. tanakana</i> 3	20
	JN: Wando-gun (May, 04. 2002)	<i>S. tanakana</i> 4	21
<i>S. prunifolia</i> Sieb. & Zucc. 검은재나무	JJ: Sanghyodong Scogwiposi (May, 02. 2002)	<i>S. prunifolia</i> 1	22
	JJ: Halla Arboretum Yeondong (May, 02. 2002)	<i>S. prunifolia</i> 2	23

CN: Chuncheongbam-do, GB: Gyeongsangbuk-do, GN: Gyeongsangnam-do, JB: Jeollabuk-do, JN: Jeollanam-do, JJ: Jeju-do.

Hemsley and Forbes (1889)가 경성지역의 노린재나무의 분포를 기재한 바 있으며, Palibin (1898), Brand (1901), Schneider (1911), Mori (1921) 등이 한국내 노린재나무의 분포를 각각 하였다. 한편 Nakai (1911)는 Flora Koreana에 *S. crataegoides*로 노린재나무(*S. sawafutagi*)를 처음 기재한 이래 완도식물조사보고서(Nakai, 1914), 지리산식물조사보고서(Nakai, 1915)등에 *S. paniculata* f. *major*, *S. argutidens* 등의 분포를 기재한 바 있다. 또한, Rehder (1916)는 검은재나무를 *S. prunifolia*로 기재하였으며, Nakai (1918)는 금강산식물조사보고서에 노린재나무의 분포를 밝힌바 있다.

한반도에는 섬노린재, 노린재나무, 흰노린재, 검은노린재, 검은재나무, 사철검은재나무등 6분류군이 알려져 있으나 사철검은재나무(*S. lucida*)는 안(1982)에 의해 제주도에 분포한다는 기록이 남아있을 뿐 정확한 자생지에 대한 언급이 없었으며 그 이후 사철검은재나무에 관한 연구 기록은 전무하다. 또한 흰노린재의 경우 Ohwi (1965)가 노린재나무를 기재하면서 “열매는 남색 또는 드물게 흰색으로 익으며 5-6월에 흰색의 열매가 나타난다.”라는 기재외에는 다른 내용이 없었으며 이후 Nagamasu (1993)는 흰노린재를 노린재나무의 이명처리 하였으며 열매는 드물게 흰색으로 익는다고 기재하였다.

최근들어 Nooteboom (1975)과 Nagamasu (1993)가 노린재나무과를 재분류 하였는데, Nooteboom (1975)은 한반도에 자생하는 낙엽성 분류군인 섬노린재, 노린재나무, 검은노린재를 하나의 분류군으로 인식하였으며 Nagamasu (1993)은 한반도에 자생하는 노린재나무과를 낙엽성 3분류군과 상록성 1분류군이 개별종으로 자생한다고 보고하였다.

따라서 본 연구에서는 여러 학자들에 의해 기재된 이후 분류학적 연구가 전무했던 한반도 노린재나무과의 낙엽성 3분류군과 상록성 1분류군을 대상으로 종간 및 지역별 개체군 집단간의 유연관계를 객관적으로 분석하고자 하였다.

재 료 및 방 법

재료: 본 연구에 사용된 재료는 2002년 4월부터 2003년 10월까지 채집한 것을 이용하였다. 한국산 노린재나무과의 종간 유연관계 검증을 위하여 자생지와 식물원에서 채집된 23개체군을 실험재료로 사용하였다(Table 1). 본 실험에 사용한 증거표본은 대전대학교 생명과학과 식물표본실(TUT)에 보관하였다.

DNA 추출: DNA 추출을 위하여 채집된 식물의 잎은 냉동처리하거나 silica gel로 건조하여 실험실로 운반하였다. 잎은 액체질소를 넣어 막자사발로써 분쇄하여 -70°C 의 초저온냉동고에 보관하였다. DNA추출은 CTAB method (Doyle and Doyle, 1987)를 다소 변형한 방법으로 실시하였다. 즉, 냉동보관된 약 1.0 g의 분말조직을 0.5% β -mercaptoethanol이 첨가된 15 ml의 추출용액(2% CTAB; 100 mM Tris, pH 8.0; 50 mM EDTA, pH 8.0; 500 mM NaCl)에 넣은 후 65°C 에서 20분간 incubation하며, 조직내 phenol 화합물, 탄닌 등의 불순물을 제거하

Table 2. RAPD data matrix for 23 accessions from Symplocaceae

Primer code	Size (kb)	DNA No. ^a																						
		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23
UBC-06	1.3	1	1	0	0	1	1	1	0	1	1	1	1	0	1	1	0	0	1	1	1	1	0	0
	1.1	0	0	0	0	1	1	1	0	1	1	1	1	0	1	1	0	0	1	1	1	1	0	0
	0.7	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
	0.6	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	0
	0.5	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0
	0.45	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0	0	0	0	1	0
	0.4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0	1
	0.32	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	1
	0.28	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0
	0.2	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0
	0.15	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
	UBC-16	1.5	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
		1.2	0	0	0	0	1	0	1	0	1	1	1	0	1	1	0	0	1	0	0	1	0	1
0.95		0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	1	0	0	1	1	0	0	1	1	1	1	0	
0.6		1	1	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	0	1	0	1	1	0	0	
0.45		0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	
0.4		1	1	0	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	0	1	0	1	1	0	1	0	
0.25		1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	0	1	1	1	1	0	
0.2		0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	
UBC-29		0.9	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1
	0.8	1	1	0	0	1	0	1	1	1	1	1	0	1	1	1	0	0	0	0	0	1	1	
	0.6	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0	0	
	0.4	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	1	0	0	0	0	
	0.3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	
UBC-31	1.4	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	0	0	
	1.1	0	0	1	1	1	0	1	0	1	0	1	1	0	1	1	1	0	1	1	0	1	0	
	8.5	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	1	1	1	1	0	
	0.7	1	1	1	1	1	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	1	1	
	0.55	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0	1	
	0.35	0	0	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	0	1	0	0	0	1	1	1	1	0	
	0.3	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	
UBC-34	0.25	1	1	1	1	1	0	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	0	1	1	0	0	0	
	1.9	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
	1.6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	
	1.2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0	
	1.1	0	0	0	0	1	0	0	0	1	1	1	1	0	1	1	0	0	1	1	1	1	0	
	0.8	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	
	0.75	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	
	0.7	1	0	1	0	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	
	0.5	0	0	1	0	0	1	0	0	0	1	0	0	1	1	0	0	1	1	1	1	1	1	
	0.32	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	
	0.28	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	
0.25	0	0	0	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0		
0.2	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0		

Table 2. Continued.

UBC-50	1.6	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
	1.5	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
	1.3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
	1.2	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	1.1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	1.0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	0.9	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
	0.7	0	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
	0.5	0	1	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	0
	UBC 60	1.4	0	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0
1.2		0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	1	
1.0		0	0	0	0	1	0	1	0	1	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	1	
0.8		0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	
0.7		0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	0	
0.65		0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	1	0	0	1	1	0	0	0	1	0	0	
0.4		0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	
0.3		1	1	1	1	1	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	
UBC-63	1.1	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	
	1.0	0	1	1	1	1	1	0	0	1	1	1	1	0	1	1	0	0	1	1	1	1	0	
	0.8	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	0	0	0	1	1	1	1	0	
	0.5	0	0	0	1	1	0	1	1	0	0	1	1	1	0	1	0	1	1	0	1	0	0	
UBC-70	1.4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	
	1.25	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	
	1.1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	
	1.0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	
	0.9	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	0	0	0	1	0	0	
	0.8	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	
	0.75	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	
	0.65	1	0	0	0	1	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	
	0.45	0	1	1	0	1	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	
	0.4	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	
	0.35	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
	0.3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	
	0.25	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	0	0	1	1	1	1	0	1	1	0	0	
UBC-82	1.1	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	1	0	0	1	0	0	0	0	1	0	1	
	0.9	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	
	0.8	1	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	1	0	0	
	0.7	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
	0.6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	1	
	0.55	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	1	
	0.5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	

Table 2. Continued.

UBC-96	1.6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	
	1.0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0
	0.85	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	0.7	0	0	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	0	1	0	1	0	0	0	1	0	0	0
	0.61	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0	1	0	0	1	0	0	0
	0.4	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0	1	0	1	1	1	1	0	0
	0.35	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0

^aRefer to Table 1 for taxon information.

기 위하여, extraction buffer에 2% PVP-40을 첨가하였다. 그 후 SEVAC용액(chloroform:Isoamyl alcohol=24:1) 7.5 ml를 첨가하여, 4,200 rpm에서 30분간 원심분리하여 상등액을 취하고 이 부피의 2/3이 되는 양의 isopropanol을 첨가한 후, -20°C에서 12시간 이상 보관하였다가 15,000 rpm으로 50분간 원심분리하여 DNA를 분리하였다. 분리된 DNA pellet은 70% ethanol로 세척한 후 TE buffer (1 M Tris, 0.5 M EDTA, pH 8.0)에 용해하였으며 GeneClean kit (Bio 101 Inc., CA, USA)와 Chelex 100(Bio-Rad Lab., CA, USA)을 이용하여 DNA를 정제하였다. 정제된 DNA는 0.7% Agarose gel로 전기영동한 후 1% EtBr로 염색하여 UV illuminator상에서 그 농도를 확인한 후 PCR반응에 사용하였다.

RAPD: 추출된 DNA의 증폭반응은 Perkin-Elmer 9600 thermal cycler에서 수행하였으며 총 부피는 25 µL로서, 10-50 ng DNA, 1 unit *Taq* DNA Polymerase (Bioneer), 10 mM Tris-HCl, pH 8.3, 50 mM KCl, 1.5 mM MgCl₂, 0.001% gelatin, 0.5 µM primer 및 200 µM의 각 dATP, dCTP, dGTP, dTTP 등이 포함되어 있다. Primer는 NAPS (University of British Columbia)에서 제작된 UBC primer No. 1에서 No. 100까지의 10-mer oligo primer를 이용하여 94°C에서 2분간 pre-denaturation 한 후 94°C에서 1분, 44°C에서 2분, 72°C에서 2분으로 구성된 amplifying cycle을 35회 반복하고 72°C에서 7분 동안 extension으로 구성된 3단계의 PCR과정을 거쳤다. PCR을 통하여 증폭된 product는 EtBr이 포함된 1.5% Agarose gel로 전기영동하여 UV-illuminator상에서 촬영하였으며 이때 선택된 primer는 3회 이상의 반복 실험을 수행하여 재현성이 뚜렷한 것만을 사용하였다.

자료분석 및 유연관계 분석: 전기영동후 나타난 각 band를 하나의 형질로 취급하여 밴드의 유, 무에 따라 각기 1과 0으로 표시하고, 전체 OTU에 대한 자료행렬을 작성하였으며 (Table 2), PAUP program (ver. 4.08b; Swofford, 2001)을 이용하여, Nei (1972)의 유전적 거리지수를 다소 변형한 Nei-Li(1979)의 거리지수를 이용하여 상사도행렬을 도출하였다. 도출된 자료행렬에 따라 UPGMA방법에 의한 phenogram를 작성하였다.

Table 3. The list of 11 RAPD primers for Symplocaceae.

Primer	Sequence (5'→3')	Total no. of bands	Fragment size range (bp)
UBC 06	CCT GGG TTC A	11	150-1300
UBC-16	GGT GGG GGG A	8	200-1500
UBC 29	CCG GCC TTA C	5	300-900
UBC-31	CCG GCC TTC C	8	250-1400
UBC-34	CCG GCC CCA A	12	200-1900
UBC 50	TTC CCC GCG C	9	500-1600
UBC-60	TTG GCC GAG C	8	300-1400
UBC 63	TTC CCC GCC C	4	500-1100
UBC-70	GGG CAC GCG A	13	250-1400
UBC-82	GGG CCC GAG G	7	500-1100
UBC-96	GGC GGC ATG G	7	350-1600
Total		92	
Mean/primer		8.36	

Table 4. Genetic dissimilarity matrix caculated by Nei and Li's genetic distance based on RAPDs analysis of Symplocaceae

	SCO1	SCO2	SCO3	SCO4	SH1	SH2	SH3	SH4	SH5	SH6	SH7	SH8	SH9	SH10	SH11	SH12	SH13	SPA1	SPA2	SPA3	SPA4	SPR1	SPR2	
<i>S. coreana1</i>																								
<i>S. coreana2</i>	0.97																							
<i>S. coreana3</i>	0.15	0.89																						
<i>S. coreana4</i>	0.27	0.09	0.05																					
<i>S. sandwagitag1</i>	0.11	0.09	0.12	0.15																				
<i>S. sandwagitag2</i>	0.16	0.16	0.07	0.15	0.00																			
<i>S. sandwagitag3</i>	0.15	0.14	0.13	0.18	0.03	0.03																		
<i>S. sandwagitag4</i>	0.04	0.15	0.10	0.10	0.01	0.03	0.04																	
<i>S. sandwagitag5</i>	0.18	0.17	0.15	0.12	0.00	0.00	0.03	0.03																
<i>S. sandwagitag6</i>	0.13	0.16	0.13	0.18	0.04	0.05	0.03	0.01	0.04															
<i>S. sandwagitag7</i>	0.17	0.19	0.13	0.14	0.04	0.05	0.07	0.03	0.02	0.07														
<i>S. sandwagitag8</i>	0.14	0.12	0.10	0.15	0.03	0.06	0.04	0.03	0.01	0.01	0.01													
<i>S. sandwagitag9</i>	0.15	0.14	0.14	0.19	0.04	0.07	0.06	0.07	0.14	0.13	0.07	0.11												
<i>S. sandwagitag10</i>	0.07	0.17	0.14	0.18	0.04	0.07	0.06	0.03	0.04	0.09	0.00	0.03	0.00											
<i>S. sandwagitag11</i>	0.16	0.15	0.08	0.16	0.04	0.06	0.04	0.04	0.07	0.05	0.06	0.04	0.00	0.04										
<i>S. sandwagitag12</i>	0.02	0.10	0.10	0.13	0.03	0.06	0.04	0.00	0.00	0.08	0.00	0.07	0.05	0.07	0.01									
<i>S. sandwagitag13</i>	0.18	0.10	0.14	0.18	0.17	0.00	0.03	0.04	0.15	0.10	0.10	0.14	0.05	0.05	0.00	0.00								
<i>S. tawakana1</i>	0.16	0.15	0.18	0.12	0.04	0.12	0.19	0.14	0.15	0.05	0.08	0.13	0.15	0.06	0.17	0.14	0.10							
<i>S. tawakana2</i>	0.18	0.10	0.15	0.13	0.02	0.13	0.10	0.15	0.08	0.10	0.04	0.10	0.10	0.08	0.17	0.10	0.11	0.03						
<i>S. tawakana3</i>	0.21	0.19	0.12	0.13	0.10	0.17	0.21	0.08	0.15	0.04	0.04	0.06	0.12	0.06	0.10	0.18	0.12	0.08	0.03					
<i>S. tawakana4</i>	0.18	0.18	0.10	0.24	0.05	0.11	0.19	0.25	0.05	0.05	0.08	0.11	0.13	0.08	0.17	0.15	0.16	0.05	0.00					
<i>S. prunoides1</i>	0.21	0.16	0.10	0.26	0.02	0.16	0.16	0.18	0.16	0.14	0.18	0.15	0.13	0.18	0.16	0.28	0.10	0.13	0.18	0.18	0.18	0.18	0.20	
<i>S. prunoides2</i>	0.18	0.18	0.10	0.23	0.18	0.10	0.16	0.17	0.13	0.18	0.12	0.12	0.10	0.16	0.14	0.14	0.28	0.16	0.18	0.18	0.18	0.18	0.18	0.18

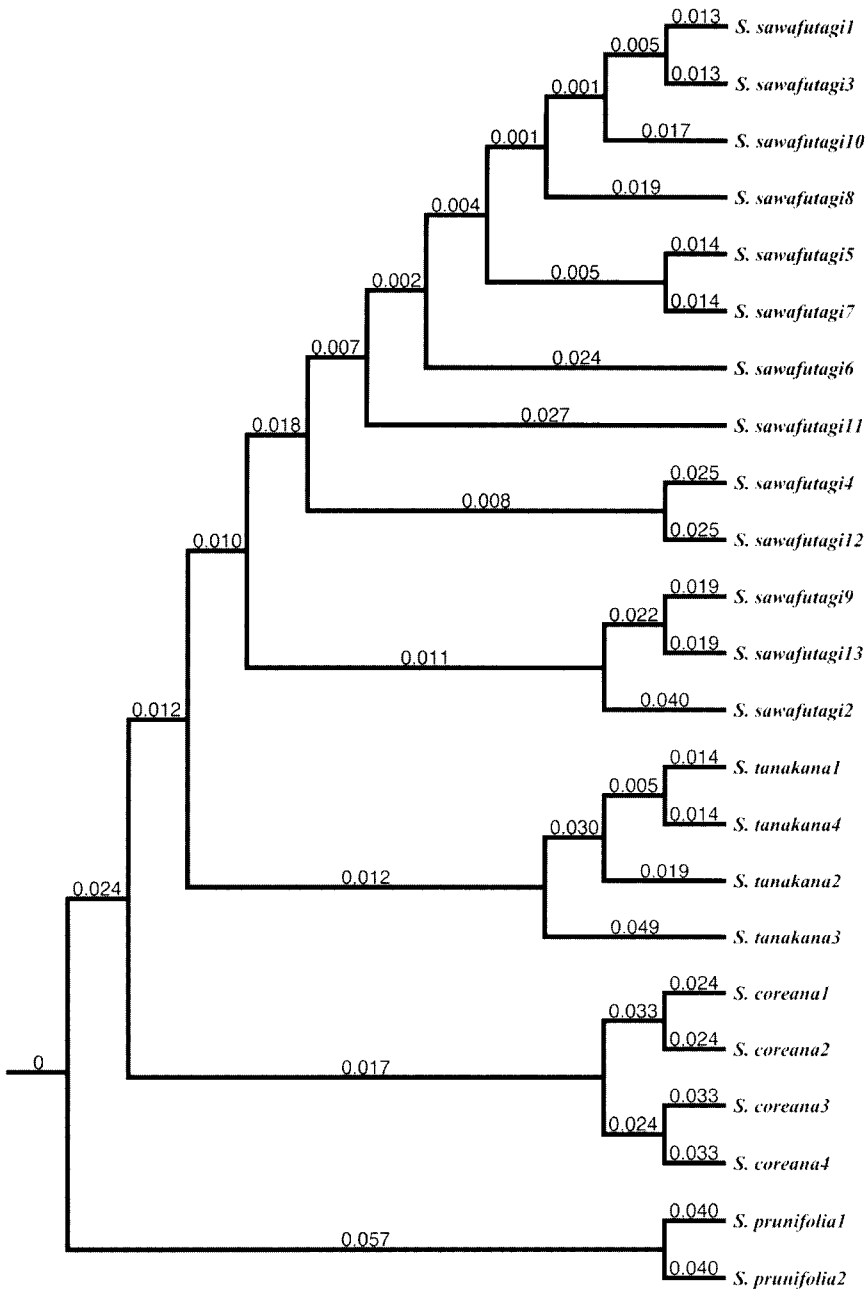


Fig. 4. The UPGMA phenogram of Symplocaceae by RAPD analysis. The branching point is positioned at a genetic distance of Nei and Li (1979).

Nooteboom (1975)의 견해보다는 각기 독립된 분류군으로 설정해야 한다는 Nagamasu (1993)의 의견과 일치한다. 또한, Park (2002)에 의한 연구에서도 소지의 털, 화분의 크기, 잎 이면 세포표피층의 wax층 발달정도에 의해 구분되는 결과와 일치하였으며 한국산 노린재나무과 4 분류군은 독립된 분류군으로 판단되었다. 또한 RAPD 분석방법은 전반적인 한국산 노린재나무과의 종집단 및 지역개체군간의 한계와 유연관계를 설명하고 종의 분류학적 정체성을 확인하는 데에 매우 유용한 것으로 판단되었다.

사 사

본 연구는 환경부 차세대핵심환경기술개발사업(과제번호 052-041-026) 및 과학기술부 21세기 프론티어연구개발사업인 자생식물이용기술개발사업(PF00300201-00)의 일부 지원에 의해 수행되었기에 이에 감사드립니다.

인 용 문 헌

- Brand, A. 1901. SymPlocaceae. Das Pflanzenreich 6. Wilhelm Engelmann, Leipzig.
- Cronquist, A. 1981. An Intergrated System of Classification of Flowering Plants. Columbia University Press, New York.
- Doyle, J. J. and J. L. Doyle. 1987. A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. *Phytochem. Bull.* 19: 11-15.
- Hemsley W. B. and F. B. Forbes 1889. Styraceae. *Bot. J. Linn. Soc.* 26: 72-75.
- Miquel, F.A.G. 1867. *Symplocos*. *Ann. Mus. Lugduno-Batavi* 3: 101-103.
- Mori, T. 1921. An. Enumeration of Plants hitherto Known From Corea. Gov. Chos.
- Nagamasu, H. 1993. The Symplocaceae of Japan. *Contrib. Biol. Lab. Kyoto Univ.* 28: 173-260.
- Nakai, T. 1911. *Flora Koreana* II. *J. Coll. Sci. Imp. Uni. Tokyo* 31: 85.
- _____. 1914. Saishu-to Narabini Kwan-to Shokubutsu Hokoku-sho. [Flora of Saishu and Kwan-Islands (Quelpaert)]. 1 :1-156.
- _____. 1915. Chiisan Shokubutsu Chosa Hokoku-sho 1-98.
- _____. 1918. Notulae Plants Japonae et Korea XVIII. *Bot. Mag. (Tokyo)*. 32: 227-228.
- Nei, M. 1972. Genetic distance between populations. *Amer. Nat.* 106: 283-292
- _____ and W. H. Li. 1979. Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 76: 5269-5273.

- Nooteboom, H.P. 1975. Revision of the Symplocaceae of the Old World, New Caledonia excepted Leid. Bot. ser. vol. 1, Universitaire Pers Leiden
- Ohwi, J. 1965. Flora of Japan. Smith. Inst. Washington, D. C. Pp.: 725-727.
- Palibin, J. 1898. *Symplocos crataegoides*. Consp. Fl. Kor. Vol. 2.
- Park, S. H. 2002. A Taxonomic Study of Symplocaceae in Korea. MS Thesis. Daejeon. Univ.
- Rehder, A. 1916. Symplocaceae. Pl. Wils. 2: 593-599.
- Schneider, C. K. 1911. Illustriertes Handbuch der Laubholzkunde Jena. 2: 576-577.
- Swofford, D. L. 2001. PAUP*. Phylogenetic Analysis Using Parsimony(*and other methods). version 4.0b8. Sinauer, Sunderland.
- 안학수, 이춘녕, 박수현. 1982. 한국농식물자원명감. 일조각, 서울.

A Systematic Relationship of the Korean Symplocaceae Based on RAPD analysis

Sang-Hong Park^{1,2}, Joongku Lee² and Joo-Hwan Kim^{1,*}

¹Department of Biology, Daejeon University, Daejeon 300-716; ²Korea Research
Institute of Bioscience and Biotechnology, Daejeon 305-335, Korea

In order to estimate the genetic relationships among four taxa of Korean Symplocaceae and their regional populations, RAPDs analysis was performed. The length of the amplified DNA fragments ranged from 150 to 1,900 bp. Ninety-two RAPD bands were scored for 11 primers and the genetic distance was calculated with by Nei-Li's genetic dissimilarity. Deciduous and evergreen groups were clearly separated in the UPGMA analysis. *Symplocos coreana* was clustered as a distinct group, and *S. sawafutagi* and *S. tanakana* were also clustered at specific level, respectively. The RAPD data was useful to recognize the genetic variation and to discuss the relationships among Korean Symplocaceae

Key words: RAPD, relationship, Symplocaceae, UPGMA

*Corresponding author: Phone +82 42 280 2434, Fax +82 42 285 2434, sysbot@dju.ac.kr

Received: 7 May 2007/Accepted: 31 August 2007