

## 다래나무속 식물의 분류 및 계통 특이밴드 탐색을 위한 범용 프라이머 개발

김성철\*, 장기창, 송은영, 김공호, 정용환, 김미선, 오순자<sup>1)</sup>, 고석찬<sup>1)</sup>  
농촌진흥청 난지농업연구소, <sup>1)</sup>제주대학교 자연과학대학 생명과학과

### Development of Universal Primers for Phylogenetic Analysis and Species-specific Band Identification in the Genus *Actinidia*

Seong-Cheol Kim\*, Ki-Chang Jang, Eung-Young Song, Kong-Ho Kim,  
Yong-Hwan Jung, Misun Kim, SoonJa Oh and Seok-Chan Koh<sup>1)</sup>  
National Institute of Subtropical Agriculture, R.D.A., Jeju 690-150, Korea  
<sup>1)</sup>Department of Life Science, Cheju National University, Jeju 690-756, Korea

#### ABSTRACT

To develop universal primers for phylogenetic analysis and species-specific marker for breeding program of kiwifruit, eighteens primers were designed from kiwifruit genome-specific repeat sequences. Seven species including twenty two varieties collected from native eastern Asia were examined using 18 to 22 mer kiwifruit target(KT) primers. among eighteen primers, we selected seven primers for phylogenetic relationship. The genus *Actinidia* was divided into two large groups; group I, *A. arguta*, *A. melanandra*, *A. kolomikta*, and *A. marcosperma*, characterized by the non-hair in fruits and leaves or a few pubescences only in young stage, which belongs to the section *Leiocarpae*, and group II, *A. chinensis*, *A. deliciosa*, and *A. eriantha*, characterized by a lot of hairs only in young fruit stage and with a lot of hairs or fuzzes in leaves and branches, which belongs to the section *Stellatae*. Group II especially belongs to the series *Perfectae* of the section *Stellatae* and was divided into two subgroups; subgroup I containing *A. chinensis* and *A. deliciosa*, and subgroup II containing *A. eriantha*. In contrast, the two species, *A. chinensis* and *A. deliciosa*, which are known to have common parents, were divided into two independent subgroups with 80% of a similarity value. On the other hand, we selected KT6F for variety specific bands, KT12F primers for 'Hayward' and 'Tomuri'. KT7F or KT12F primers were useful for analysis of inheritance pattern in kiwifruit cross-breeding. We suggest that these primers will be a powerful tool for elucidating phylogenetic relationship and selection of novelty kiwifruit in a breeding program.

**Key words** : *Actinidia*, species identification, KT primer

---

\* 교신저자 : E-mail : kimsec@rda.go.kr

## 서언

다래나무속(*Actinidia*) 식물은 현재까지 60여종 이상이 알려지고 있으며 동아시아의 온대에서 한대지방에 걸쳐 널리 분포하고 있으나 대부분의 종들은 중국에 자생하며 우리나라에는 다래(*A. arguta*) 등 4종이 보고되고 있다(Lee, 1982; Liang, 1984; Cui, 1993).

다래나무속에서 경제적으로 가장 가치가 있는 것으로 알려진 kiwifruit는 두 그루의 암나무와 한 그루의 수나무에서 유래된 종자가 1904년 중국으로부터 뉴질랜드로 도입되어 1920년대에 선발된 계통으로 Liang(1984)에 의하여 *A. deliciosa*(*A. chev.*)C. F. Liang et A. R. Ferguson으로 명명되었다. 따라서 현재 전 세계적으로 재배되고 있는 kiwifruit는 유전적 바탕이 아주 단순하다고 할 수 있다(Ferguson and Bollard, 1990). 그러나 중국에는 다양한 *A. deliciosa*의 야생집단을 보유하고 있으며, 지리학적으로도 분포가 다양하여 새로운 다래품종의 육종 가능성이 높음을 시사해 주고 있다. 경제적으로 아주 중요한 다른 종인 *A. chinensis*는 과실의 향이 좋아 새로운 kiwifruit로서 높은 평가를 받고 있다. 또한 아직 재배되지 않고 야생에서 단순히 채집되는 종들로서 *A. arguta*, *A. chrysantha*, *A. eriantha*, *A. kolomikta*, 그리고 *A. polygama* 등이 있으며 과실 크기, 품질, 그리고 영양성분을 근거로 생과나 가공용 같은 과실의 이용성에 대한 검토가 많이 이루어지고 있다. 한편 국내에는 1977년에 뉴질랜드로부터 도입되어 전라남도, 경상남도 및 제주도 등의 남해안 지역에서 재배되고 있다. 국내에서 재배되고 있는 계통은 거의 대부분 *A. deliciosa* var. 'Hayward'로 숙기 소요일수가 약 180일로서 겨울철 서리를 피하기 위해 11월 10일~11월 15일에 수확하는데, 이때까지도 덜 성숙되어 있기 때문에 아린 맛이 강한 것으로 알려지고 있다. 현재까지 우리나라에서의 주된 육종목표는 조생종으로서, 당도가 높고 비타민 C 함량이 높으며 과실이 큰 계통선발에 중점을 두고, 1994년부터 중국에서 *A. chinensis* 및 *A. eriantha* 등 우수한 야생종의 수집과 함께 특성검정 및 교배육종이 이루어지고 있으나

아직도 초기단계에 있다(농림부, 1997; Shim *et al.*, 1998a, b; 김, 2003). 한편 polymerase chain reaction(PCR) 기술은 유전적 변이 분석, 유전자지도 작성, 종간 유전자 흐름의 수준 판정, 모본의 확인 등에 다양하게 이용되며 많은 식물에서 종내 또는 종간 분류에서 유용성이 증명된 바 있다(Roy *et al.*, 1992; Kim *et al.*, 1995; Yoo *et al.*, 1996; Jung *et al.*, 2003). 다래나무속에서도 Kim 등(2003)과 Shim 등(1998a, b)이 RAPD에 의한 유연관계 분석을 실시한 바 있으나 국내의 야생계통과의 비교연구 등에 대한 연구는 아직 미흡한 실정이며, 다래나무의 육종과 관련한 유용 프라이머의 개발은 전혀 이루어지지 않았다.

본 연구는 kiwifruit의 육종 효율을 향상시키기 위하여 kiwifruit의 계통 판별 및 계통 표지 탐색에 유용하게 이용될 수 있는 범용 프라이머를 개발하기 위하여 실시하였다.

## 재료 및 방법

### 식물재료 및 Total DNA분리·정제

중국과 제주지역에서 수집하여 제주농업시험장의 육종시험포장에 재식하여 생육중인 다래나무속 식물 7종 22계통을 사용하였다(Table 1). 식물 DNA 분리 및 정제는 Dellaporta 등(1983)의 방법으로 실시하였다.

### Primer 제작 및 PCR

Kiwifruit genome-specific repeat sequences (Crowhurst and Gardner, 1991)를 이용하여 18~20bp 크기로 primer를 제작하였으며, kiwifruit target(KT) primer로 명명하였다.

PCR반응은 template DNA 10~20ng, primer 4pM, dNTP 200mM, *Taq* DNA polymerase(Promega, USA) 2.0unit, MgCl<sub>2</sub> 2.0mM, 10x reaction buffer 2.5μL을 첨가한 후 3차 증류수를 첨가하여 용액의 최종 volume을 25μL로 하였으며, PCR 반응은 94℃ 4분 동안 DNA를 변성시킨 후 94℃ 45초, 48℃ 45초, 72℃ 1.5

Table 1. Accessions of 22 *Actinidia* spp. used in this study

Science name	Lane No.	F(♀) M(♂)	Origin		Characteristics		
			Nation	Region	Flower color	Fresh color	Hair (leaf, pericarp)
<i>Actinidia arguta</i> I	1	(♀)	Korea	Jeju	White, black pollen	Green	None
<i>A. arguta</i> II	2	(♂)	Korea	Jeju	White, black pollen	-	None
<i>A. arguta</i> III	3	(♂)	Korea	Jeju	White, black pollen	-	None
<i>A. arguta</i> IV	4	(♂)	China	Gwangdong	White, black pollen	-	None
<i>A. arguta</i> V	5	(♀)	China	Gwangdong	White, black pollen	Green	None
<i>A. kolomikta</i>	6	(♀)	China	Gwangdong	White-pink	Yellow-green	None
<i>A. melanandra</i>	7	(♀)	China	Gwangdong	White, black pollen	Green	None
<i>A. macrosperma</i>	8	(♀)	China	Gwangdong	White, yellow pollen	Purple	None
<i>A. eriantha</i>	9	(♀)	China	Gwangdong	White-yellow, yellow pollen	Dark green	White-hairs (much)
<i>A. chinensis</i> I	10	(♂)	China	Gwangdong	White-yellow, yellow pollen	Yellow	Soft-haired (some)
<i>A. chinensis</i> II	11	(♀)	China	Gwangdong	White-yellow, yellow pollen	Yellow	Soft-haired (some)
<i>A. chinensis</i> var. 'Haenam'	12	(♀)	China	Gwangdong, Jiangxi	White-yellow, yellow pollen	Green-yellow	Soft-haired (some)
<i>A. chinensis</i> III	13	(♀)	China	Gwangdong, Jiangxi	White-yellow, yellow pollen	Yellow	Soft-haired (some)
<i>A. chinensis</i> IV	14	(♀)	China	Gwangdong, Jiangxi	White-yellow, yellow pollen	Yellow	Soft-haired (some)
<i>A. chinensis</i> var. 'Apple'	15	(♀)	Korea	Jeju	White-yellow, yellow pollen	Yellow	Soft-haired (some)
<i>A. chinensis</i> var. 'Okcheon'	16	(♀)	China	Gwangdong, Jiangxi	White-yellow, yellow pollen	-	Soft-haired (some)
<i>A. chinensis</i> V	17	(♂)	China	Gwangdong, Jiangxi	White-yellow, yellow pollen	-	Soft-haired (some)
<i>A. deliciosa</i> var. 'Hwabuk94'	18	(♂)	Korea	Jeju	White-yellow, yellow pollen	Green	Soft-haired (some)
<i>A. deliciosa</i> var. 'Gracie'	19	(♀)	China	Gwangdong	White-yellow, yellow pollen	Green	Stiff-haired (much)
<i>A. deliciosa</i> var. 'Hayward'	20	(♀)	Korea	Jeju	White-yellow, yellow pollen	Green	Stiff-haired (much)
<i>A. deliciosa</i> I	21	(♂)	China	Gwangdong	White-yellow, yellow pollen	-	Stiff-haired (much)
<i>A. deliciosa</i> var. 'Tomuri'	22	(♂)	Korea	Jeju	White-yellow, yellow pollen	-	Stiff-haired (much)

분으로 35회 PCR 증폭을 실시하였다. PCR 산물은 1x TBE 완충액(100mM Tris-borate; 2mM EDTA, pH 8.0)을 사용하여 1.2% agarose gel 상에서 100V로 40 분간 전기영동을 실시한 후 ethidium bromide(1µg · mL<sup>-1</sup>)로 염색하였고 UV transilluminator를 이용하여 각 계통간 밴드양상을 비교하였다.

#### 유연관계 분석 및 특이밴드 탐색

예비 검정에서 중간에 다형성을 나타내는 primer를 이용하여 PCR을 실시하여 전기영동한 후 다형성을 보이는 밴드의 유무에 따라 "0"과 "1"로 표시하는 two-digit numbering system으로 기초자료 행렬을

작성한 다음 binomical matrix를 작성하였다. 각 계통간 유사도는 RAPDistance Ver. 1.04(Saitou and Nei, 1987)의 NJTREE program을 이용하여 분석하였고, Neighbor-Joining 방법에 따라 dendrogram을 작성하였다(Nei and Li, 1979; Nei and Hughes, 1992; 김 등, 2003).

계통 특이밴드 탐색은 KT primer을 이용하여 22 계통의 다래나무속 식물을 PCR한 다음 1.2% agarose gel 상에서 전기영동을 실시하여 확인하였다

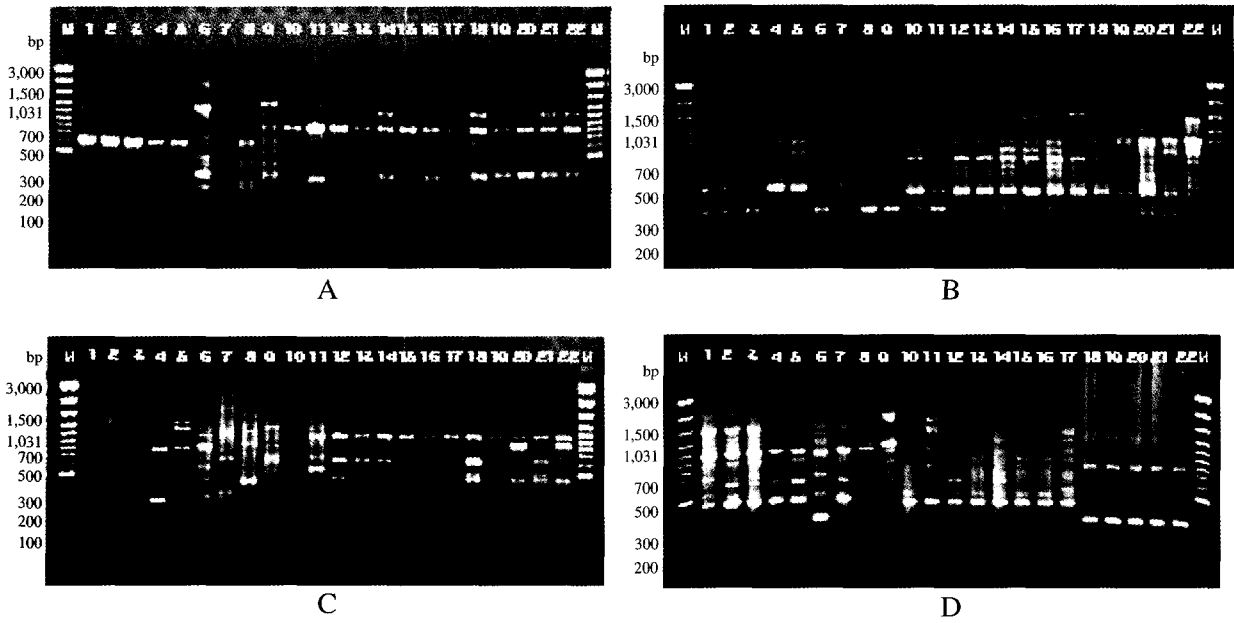


Fig. 1. DNA profiles obtained from 22 *Actinidia* spp. using KT primers. Each number on the top represents the same one assigned for 22 taxa in Table 1. A: KT 4F, B: KT 4R, C: KT 6F, D: KT 12F. M : DNA size marker(GeneRuler™ 100bp DNA Ladder Plus).

### 결과 및 고찰

다래나무속 식물의 계통간 유연관계 분석과 계통 특이밴드 탐색을 위한 primer 개발을 위하여 참다래 genome-specific repeat sequence(*A. deliciosa* var. *deliciosa*)를 이용하여 19~20 base length로 primer를 제작한 후 Kiwifruit 육종에서의 이용 가능성을 검토하였다. 7종 22계통에 대한 PCR 결과 계통간 다형성을 나타내는 primer로서 KT4F 등 7개의 primer에서

다형성이 확인되었으며, 이들의 G+C 함량은 50~60%를 나타내었다(Fig. 1, Table 2). 이들 7개의 primer에 의해 증폭된 각각의 밴드를 하나의 형질로 보아 기초자료 행렬을 작성한 후 Distance matrix를 작성하였다(Table 3). 그 결과, 중간 비교에서 *A. arguta*와 *A. eriantha*가 가장 거리가 먼 것으로 나타났고, *A. chinensis*와 *A. deliciosa*가 가장 유연 관계가 가깝게 나타났으며, *A. arguta*와 *A. melanandra* 또한 유연 관계가 매우 가깝게 나타났다.

Table 2. List of arbitrary primers selected for RAPD analysis of *Actinidia* spp.

Primer	Sequence(5' →3' )	GC contents (%)
KT 4F	TGA-TAG-CCC-TTT-CAT-CCG-AG	50
KT 4R	CTC-GGA-TGA-AAG-GGC-TAT-CA	50
KT 6F	GTC-TCC-TCC-GAT-CGA-GTA-CG	60
KT 7F	TAC-TGA-CGG-TTC-CGA-AAC-GG	55
KT 7R	CCG-ATT-CGG-AAC-CGT-CAG-TA	55
KT 10F	GTT-CTG-ATC-CTG-TAC-GGC-AG	55
KT 12F	CAC-GAC-AAA-GTT-ACT-CGG	50

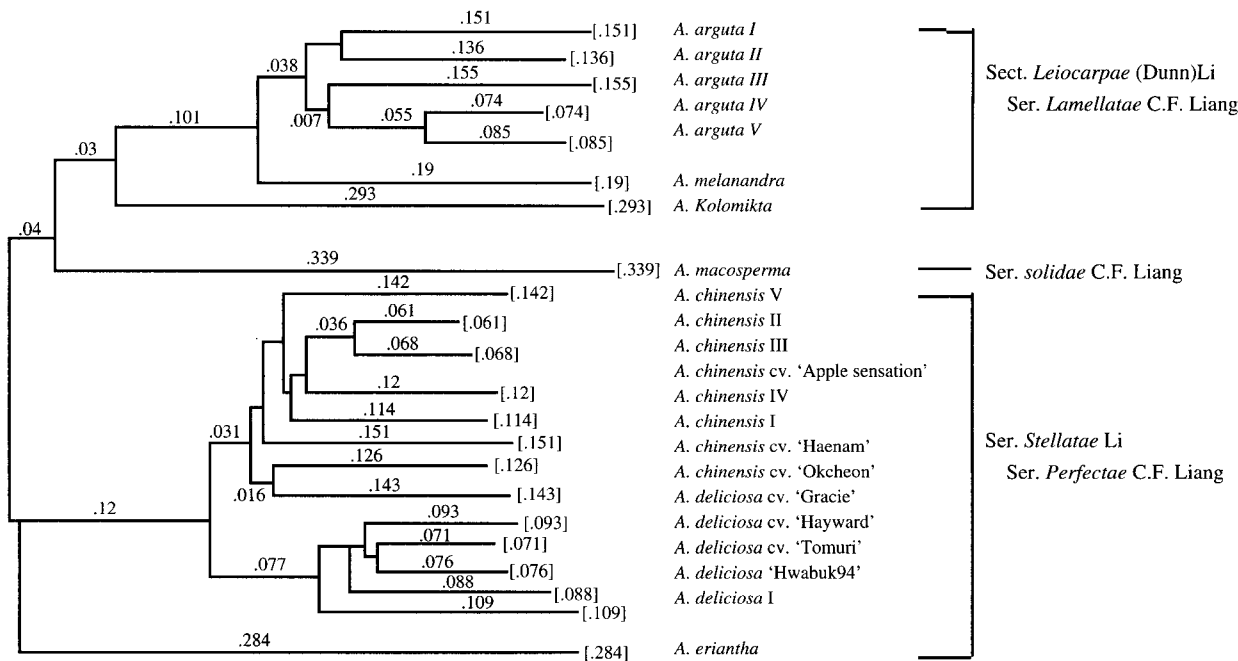


Fig. 2. Phenogram of 22 *Actinidia* spp. generated by UPGMA cluster analysis of distance matrix values given in Table 3.

Table 3. Distance matrix of *Actinidia* spp. by RAPD analysis using universal primers

NO	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	
1	0.000																						
2	0.260																						
3	0.287	0.287																					
4	0.282	0.282	0.206																				
5	0.206	0.206	0.226	0.150																			
6	0.562	0.562	0.583	0.525	0.515																		
7	0.414	0.358	0.378	0.371	0.381	0.607																	
8	0.650	0.650	0.648	0.650	0.630	0.673	0.624																
9	0.740	0.727	0.717	0.691	0.694	0.657	0.710	0.615															
10	0.685	0.650	0.640	0.628	0.655	0.670	0.642	0.650	0.593														
11	0.712	0.701	0.692	0.680	0.695	0.685	0.685	0.685	0.583	0.242													
12	0.695	0.672	0.650	0.653	0.690	0.671	0.671	0.697	0.682	0.285	0.271												
13	0.712	0.701	0.692	0.680	0.695	0.685	0.685	0.700	0.698	0.275	0.120	0.271											
14	0.704	0.692	0.695	0.672	0.675	0.678	0.678	0.690	0.692	0.284	0.227	0.280	0.227										
15	0.690	0.701	0.692	0.655	0.672	0.674	0.685	0.685	0.657	0.200	0.220	0.204	0.220	0.223									
16	0.707	0.707	0.698	0.674	0.690	0.655	0.716	0.678	0.652	0.228	0.285	0.258	0.214	0.255	0.200								
17	0.695	0.671	0.674	0.653	0.667	0.681	0.655	0.650	0.611	0.207	0.252	0.202	0.252	0.252	0.204	0.221							
18	0.690	0.690	0.682	0.655	0.674	0.688	0.675	0.688	0.695	0.400	0.290	0.294	0.269	0.252	0.254	0.267	0.241						
19	0.695	0.695	0.687	0.655	0.670	0.693	0.682	0.694	0.687	0.284	0.251	0.278	0.251	0.255	0.267	0.260	0.243	0.168					
20	0.693	0.693	0.684	0.651	0.675	0.702	0.670	0.690	0.682	0.295	0.263	0.260	0.241	0.267	0.258	0.400	0.255	0.188	0.147				
21	0.690	0.690	0.681	0.658	0.673	0.687	0.687	0.700	0.695	0.407	0.254	0.281	0.221	0.258	0.248	0.272	0.267	0.230	0.170	0.191			
22	0.680	0.680	0.680	0.655	0.672	0.698	0.685	0.700	0.687	0.293	0.250	0.265	0.225	0.254	0.254	0.278	0.272	0.271	0.212	0.194	0.174	0.000	

이들 계통 간 거리 지수를 바탕으로 dendrogram을 작성한 결과(Fig. 2) 유사도 60% 수준에서 크게 2개의 군으로 나뉘어졌으며 제 1 군은 *A. arguta*, *A. melanandra*, *A. kolomikta*와 *A. macrosperma*를 포함

하는 계통들로 *Leiocarpae* 절에 속하고, 제 2 군은 *A. chinensis*, *A. deliciosa* 및 *A. eriantha*를 포함하는 계통들로서 *Stellatae* 절에 속하였다. Kim 등(2003)은 UBC primer를 이용한 PCR-RAPD에서 *A. arguta*, *A.*

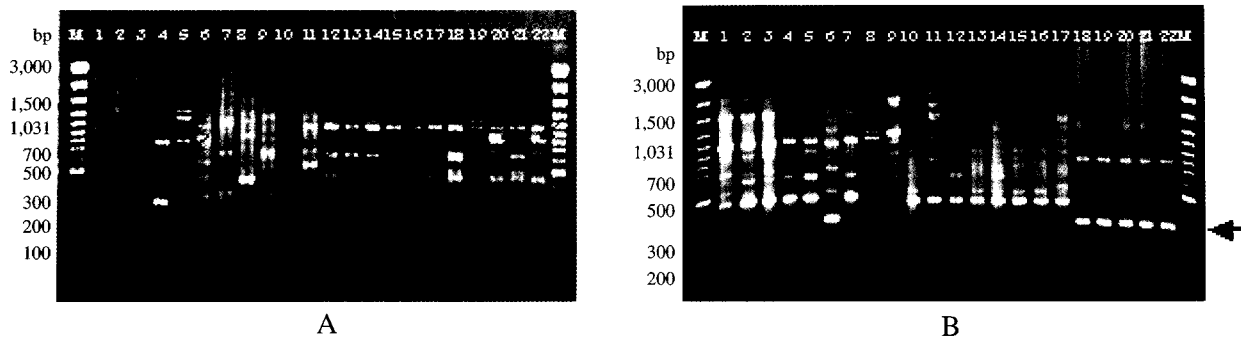


Fig. 3. Detection of species-specific marker using universal primers in the genus *Actinidia*. A: KT 6F, B: KT 12F. Arrows indicate species-specific bands produced by universal primers.

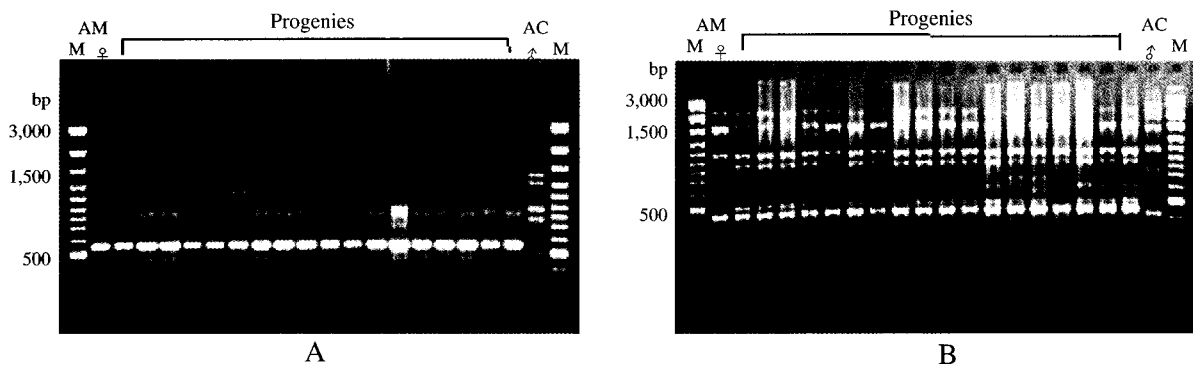


Fig. 4. Inheritance analysis using universal primers in parents and F1 hybrids. AM : *A. melanandra* (Female plant); AC: *A. chinensis* (Male plant). M : DNA size marker(GeneRuler™ 100bp DNA Ladder Plus).

*melanandra* 그리고 *A. kolomikta*를 *Leiocarpae* 절의 *Lamelatae* 아절에 포함시키고, *A. macrosperma*는 *Leiocarpae* 절의 *Solidae* 아절에 포함시켰으며, *A. chinensis*, *A. deliciosa* 및 *A. eriantha*는 *Stellatae* 절의 *Perfectae* 아절에 포함시켰는데 본 연구에서도 같은 결과를 나타내었다. 또한 Li(1952)와 Liang 등(1983)이 *Actinidia*속의 식물분류에서 털의 유무 및 형태와 정도가 중요한 기준이 될 수 있다는 보고와 유사하였다. 한편 참다래 육종에 있어서 종들간의 유연관계 이외에 종내에서의 각 계통들간의 유연관계를 밝히는 것은 필수적이다(김, 2003).

본 연구결과에서도 *A. chinensis* 및 *A. deliciosa* 사이에서 독립된 분류군을 나타내었으며 특히 종내에서 각 계통들간의 뚜렷한 차이를 나타내었다. 황색

과육을 갖는 계통들인 *A. chinensis* Ⅱ, Ⅲ, ‘Apple’ 및 Ⅳ가 한 분류군을 형성하였고, 이들의 수분수인 *A. chinensis* Ⅴ가 한 그룹에 속하였다. 중국 광둥과 강서지방에서 수집된 후 특성 검정을 통하여 2001년 신품종으로 등록된 것으로 알려진 *A. chinensis* cv. ‘Haenam’는 이 계통의 수분수인 *A. chinensis* cv. ‘Okcheon’과 작은 그룹을 형성하였다. 또한 *A. deliciosa* 계통에서는 ‘Hayward’ 품종과 이 품종과 같은 유래를 갖는 계통들이 한 그룹을 형성한 후 중국 광둥지방의 야산에서 수집된 *A. deliciosa* Ⅰ과 89%의 유사도를 나타내었다. 한편 *A. eriantha*는 과실과 잎 등에 털이 있는 *Stellatae* 절의 *Perfectae* 아절에 함께 포함되었으나, *A. chinensis* 및 *A. deliciosa*와는 유사도가 71.6% 정도밖에 되지 않았다.

계통 특이 밴드 탐색을 위한 도구로서의 이용 가능성을 검토한 결과 KT6F에서 *A. arguta* 특이밴드가 326 bp에서 확인되었고, 850 bp 부위에서 *A. deliciosa* cv. 'Hayward' 와 *A. deliciosa* cv. 'Tomuri' 특이 밴드가 확인되었다. KT12F에서는 *A. chinensis* 계통들과 *A. deliciosa* 계통들 사이의 뚜렷한 차이를 나타내는 특이 밴드가 확인되어 앞으로 이들에 대한 더 많은 연구가 이루어져야 한다고 생각되었다. 과수류의 신품종 육성에서 우량계통의 조기 선발은 육종연한 단축 등 경제적으로 아주 유용하다. 따라서 교배 실생묘에서 유묘단계에 우량계통을 선발할 수 있는 마커 개발이 다양한 방법으로 시도되고 있는데 KT primer 또한 유용하게 이용될 수 있다고 여겨진다(Paran and Michelmore, 1993; Gill et al., 1998; Brahm et al., 2000; Vidal et al., 2000).

*A. chinensis*와 *A. melanandra* 및 이들의 교배실생묘를 이용하여 유전양상을 검토한 결과(그림 4) KT7F와 KT12F에서 유전양상 분석에 유용하게 이용될 수 있는 결과들이 나타났으며, 이러한 결과는 KT primer가 참다래의 유전양상 분석과 특이한 유전양상을 나타내는 개체선발 및 도태에 유용하게 이용될 수 있고, 또한 참다래 육종 효율 향상에 많은 도움을 줄 수 있다고 판단된다.

## 적요

참다래 육종을 위한 종 분류와 분자 표지인자로서 유용하게 이용될 수 있는 primer를 개발하기 위하여 참다래 genome 특이 반복 염기서열로부터 19~20base 크기로 18개의 primer를 제작하여 kiwifruit target primer(KT primer)라 명명하였으며, 동아시아 지역에서 수집된 7종 22계통의 다래나무속 식물을 이용하여 활용 가능성을 조사하였다.

유연관계 분석을 위하여 7개의 primer가 선발되었으며, 이를 이용한 RAPD 결과 크게 2개의 군으로 나뉘어졌다. 제 1 군(*A. arguta*, *A. melanandra*, *A. kolomikta*와 *A. marcrosperma*)은 주로 과실에 전혀 털이 없으며 잎에는 털이 전혀 없거나 어렸을 때 극소

량의 연모가 있다가 없어지는 그룹으로서 *Leiocarpae* 절에 속하였다. 제 2 군(*A. chinensis*, *A. deliciosa* 및 *A. eriantha*)은 어린 과실에서는 털이 많았다가 성숙하면서 털이 없어지는 계통 및 잎과 줄기에 털이 아주 많거나 조밀한 솜털이 있는 그룹으로서 *Stellatae* 절에 속하였다. 제 2 군은 *Stellatae* 절에서도 *Perfectae* 아절에 속하는 것으로 *A. chinensis*, *A. deliciosa* 및 *A. eriantha*가 포함되었으며, 다시 *A. chinensis*와 *A. deliciosa*를 포함하는 그룹과 *A. eriantha* 등 2 개의 그룹으로 나뉘어졌다. 같은 부모로부터 유래된 것으로 알려진 *A. chinensis*와 *A. deliciosa*는 80%의 유사도에서 두 개의 그룹으로 나뉘어졌다. 또한 PCR 결과 *A. deliciosa* 종 및 헤이워드와 토무리 계통 특이 밴드가 KT12F와 KT6F에서 나타났으며, 유전양상 분석에서 KT7F와 KT12F가 유용하였다.

본 연구 결과 KT primer는 참다래의 유전양상 분석과 특이한 유전양상을 나타내는 개체선발 및 도태에 유용하게 이용될 수 있고, 또한 참다래 육종 효율 향상에 많은 도움을 줄 수 있다고 판단되었다.

## 인용문헌

- Brahm, L., T. Rocher and W. Friedt. 2000. PCR-based markers facilitating marker assisted selection in sunflower for resistance to downy mildew. *Crop Sci.* 40:676-682.
- Crowhurst, R.N. and R.C. Gardner. 1991. A. genome-specific repeat sequence from kiwifruit(*Actinidia deliciosa* var. *deliciosa*). *Theor. Appl. Genet.* 81: 71-78.
- Cui, Z.X. 1993. *Actinidia* in China. Shandong Scientific Press, Jinan, Shandong.
- Dellaporta, S.L., J. Wood and J.B. Hick. 1983. A plant DNA miniprep: version II. *Plant Mol. Rep.* 1: 19-21.
- Ferguson, A.R. and E.G. Bollard. 1990. Domestication of the kiwifruit, p. 165~246. In: I.J. Warrington and

- G.C. Weston (eds.). Kiwifruit: Science and management. Ray Richards Publisher in association with the New Zealand Soc. Hort. Sci., Auckland, New Zealand.
- Gill, G.P., C.F. Harvey, R.C. Gardner and L.G. Fraser. 1998. Development of sex-linked PCR markers for gender identification in *Actinidia*. Theor. Appl. Genet. 97: 439-445.
- Jung, Y.H., S.C. Kim, M. Kim, K.H. Kim, H.M. Kwon and M.Y. Oh. 2003. Chloroplast inheritance patterns in *Actinidia* Hybrids determined by single stranded conformation polymorphism analysis. Mol. Cells 15:277-282.
- Kim, C.H., S.C. Kim, D.Y. Moon, K.C. Seong, J.W. Lee, H.M. Kwon, D. G. Moon and K. K. Shim. 2002. Characteristics of *Actinidia* spp. for Kiwifruit breeding. Korean J. Plant. Res. 15(1): 36.
- Kim, S.C. 2002. Inheritance analysis and SCAR marker development for molecular breeding of Kiwifruit in the Genus *Actinidia*. Ph.D. thesis. Cheju national University, Korea.(in Korean)
- Kim, S.C., Y.H. Jung, M. Kim, C.H. Kim, S.C. Koh and S.H. Kang. 2003. Genetic Relationships of the Genus *Actinidia* based on Random Amplified Polymorphic DNA analysis. J. Kor. Soc. Hort. Sci. 44(3):340-344.(in Korean)
- Kim, Y.Y., J.O. Hyun, K.N. Hong, T.B. Choi, and K.S. Kim. 1995. Genetic variation of natural populations of *Pinus densiflora* in Korea based on RAPD marker analysis. Kor. J. Breed. 27:23-48.
- Lee, T.B. 1982. Illustrated flora of Korea. Hyangmoonsa, Seoul, Korea. pp 541-542.(in Korean)
- Li, H.L. 1952. A taxonomic review of the genus *Actinidia*. J. Arnold Arbor. 33:1-6.
- Liang, C. F. 1983. On the distribution of Actinidias. Guihaia 2: 1-6.
- Liang, C.F. 1984. *Actinidia*, p. 196-268. In: K.M. Feng (ed). Flora reipublicae popularis sinicae. Vol. 49(2). Beijing Science press, Beijing.
- Nei, M. and A.L. Hughes. 1992. Balanced polymorphism and evolution by the birth and death process in the MHC loci. Proc. 11th Histocopatibility Workshop Conf. 2: 27-38.
- Nei, M. and W.L. Li. 1979. Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 76: 5269-5273.
- Paran, I. and R.W. Michelmore. 1993. Development of reliable PCR-based markers linked to downy mildew resistance in lettuce. Theor. Appl. Genet. 85:985-993.
- Roy A., N. Frascaria, J. Mackay, and J. Bousquet. 1992. Segregating random amplified polymorphic DNAs (RAPDs) in *Betula alleghaneensis*. Theor. Appl. Genet. 85:173-180.
- Saitou, N. and M. Nei. 1987. The neighbor-joining method: A new method for reconstructing phylogenetics trees. Mol. Biol. Evol. 4:406-425.
- Shim, K.K., Y.M. Ha, D.H. Son and K.H. Chung. 1998a. RAPD variation in *Actinidia chinensis* clones collected from mountainous regions of China. J. Kor. Soc. Hort. Sci. 39(4):460-463.
- Shim, K.K., Y.M. Ha, D.H. Son and K.H. Chung. 1998b. Comparison of morphological characteristics of leaf, stem, flower, and fruit between *Actinidia chinensis* and *A. deliciosa*. J. Kor. Soc. Hort. Sci. 39(5):537-541.
- Vidal, J.R., P. Delavault, M. Coarer and A. Defontaine. 2000. Design of Grapevine(*Vitis vinifera* L.) cultivar-specific SCAR primers for PCR fingerprinting. Theor. Appl. Genet. 101:1194-1201.
- Yoo, K.O., W.T. Lee, N.S. Kim, J.H. Kim, and H.T. Lim. 1996. Comparative studies in the *Hanabusaya asiatica* and its allied groups based on RAPD analysis. J. Kor. Soc. Hort. Sci. 37:324-328.
- 김성철. 2003. 참다래 재배현황과 품종육성. p. 27~46. In: 고소득 작물 개발을 위한 열대과수의



다래나무속 식물의 분류 및 계통 특이밴드  
탐색을 위한 범용 프라이머 개발

전망, 한·일 농업과학 심포지엄, 제주, Korea.  
농림부. 1997. 참다래 조생종 신품종 육성 기술 개발.  
농림수산 특정연구사업 보고서.

(접수일 2004. 2. 05)

(수락일 2004. 5. 15)