

## RAPD를 이용한 자생 민들레 종과 귀화 민들레 종간의 유연관계 분석<sup>1</sup>

안영희<sup>2</sup> · 박대식<sup>2</sup> · 정규환<sup>2</sup>

### Analysis of Genetic Relationship Among Native *Taraxacum* and Naturalized *Taraxacum* species using RAPD<sup>1</sup>

Young-Hee Ahn<sup>2</sup>, Dae-Sik Park<sup>2</sup>, Kyu Hwan Chung<sup>2</sup>

#### 요 약

RAPD를 이용하여 국내에 생육하는 4종의 자생 민들레와 2종의 귀화 민들레 종간의 유전적인 유연관계를 분석하였다. Primer Screening을 통해 선발된 30개의 Primer를 이용하여 RAPD를 행한 결과, Polymorphic band 수는 141개로 나타나 민들레 종간의 유전적인 차이 분석이 가능하였다. Primer OPC12, OPD16, OPK16, OPK17, OPK20, OPS1에서는 각 종마다 특정 밴드가 있는 것으로 조사되었다. 특히 OPS8에서는 564bp에서 귀화종인 서양민들레 종에서만 특이 밴드가 나타났다. RAPD 분석결과 자생종과 귀화종 민들레들은 명확히 2군으로 구분되었다. I군에는 서양민들레, 붉은씨서양민들레 등의 귀화종 그룹이었으며, II군은 민들레, 산민들레, 쯤민들레, 흰민들레 등의 자생종 민들레 그룹으로 나뉘어졌다. Bootstrap 방법으로 6종의 유연관계를 분석한 결과도 비유사계수를 통한 방법으로 분석한 결과와 매우 유사하였다. 우리나라에서 자생하는 민들레속 6종의 주요형질을 조사한 결과 I군에 속하는 민들레류는 II군에 속한 종들에 비해 개화일수가 길고, 외충포편의 방향이 다르며 털의 유무 또한 다른 특징이 있었다. II군에 속하는 흰민들레는 다른 민들레종과는 화색에서 확연한 차이를 보였으며 자생종들 속에서도 잎의 방향과 발아의 생리적 특성 등 유전적으로 여러 다른 점이 복합적으로 작용함으로써 II군내에서도 유전적 거리가 가장 먼 것으로 나타났다.

주요어 : 민들레속, 유전적 분석, 비유사도 계수

#### ABSTRACT

The genetic relationships between 4 Korean native *Taraxacum* and 2 naturalized *Taraxacum* species were analyzed using the random amplified polymorphic DNA (RAPD) method. Because 141 polymorphic bands were generated from 30 random primers selected through the primer screening, it was possible to analyze the genetic relationship among 6 *Taraxacum* species. In RAPD with the primer OPC12, OPD16, OPK16, OPK17, OPK20, OPS1,

1 접수 5월 30일 Received on May 30 2003

2 중앙대학교 산업과학대학 생물자원과학계열 Division of Biological Science and Resources, Chung-Ang Univ., Ansong (45-756), Korea(khchung@cau.ac.kr)

or OPS8, many specific polymorphic bands have been appeared in each species. Especially RAPD with the primer OPS8, a specific polymorphic band at 564bp was appeared only in the naturalized *Taraxacum officinale*. Based on RAPD analysis, Korean native *Taraxacum* and naturalized *Taraxacum* species are divided into two groups. *T. officinale* and *T. laevigatum* are classified into group I which is a naturalized *Taraxacum* species group, and *T. mongolicum*, *T. hallasanensis*, *T. ohwianum* and *T. coreanum* are classified into group II which is a Korean native *Taraxacum* species group. The result from the RAPD method was very similar to the result from the Bootstrap method. From the examination of the physical characteristics of 6 *Taraxacum* species populated in Korea, flowering period of *Taraxacum* species in group I are longer than *Taraxacum* species in group II, and the direction of involucre bract of *Taraxacum* species in the group I was also different comparing to the group II. Because the flowering color, leaf direction, and the specificity of seed germination of *T. coreanum* were different compared to the other species in the group II, *T. coreanum* would be genetically divergent and showed the highest dissimilarity index score.

**KEY WORDS : GENETIC RELATIONSHIP, TARAXACUM SPECIES, BOOTSTRAP**

## 서론

민들레속 식물은 국화과(Compositae)의 민들레아과(Liguliflorae)에 속하는 쌍자엽성 다년생 초본 식물로 전 세계적으로 약 200여종이 알려져 있으며 주로 북반구를 중심으로 온대지역에서 한대지역에 걸쳐 광범위하게 분포한다(堀田, 1989). 우리나라에는 민들레(*Taraxacum mongolicum*), 쯤민들레(*T. hallasanensis*), 산민들레(*T. ohwianum*), 흰민들레(*T. coreanum*) 등 4종의 자생 민들레류와(이영노와 오용자, 1969; 이창복, 1980) 서양민들레(*T. officinale*) 및 붉은씨서양민들레(*T. laevigatum*)(박수현, 1995) 등 2종의 귀화종이 생육하는 것으로 밝혀져 있으나, 한국산 민들레의 분류학적인 위치의 재검토가 제시되고 있는 실정이다(이영노와 오용자, 1969). 대부분의 민들레속 식물은 햇볕이 잘 드는 길 가장자리나 초지대 및 인위적인 간섭이 심한 개활지 등에 흔히 자라는 식물로 예로부터 어린잎을 식용하거나 약용, 관상용 등으로 이용되던 친숙한 식물이다. 그러나 최근 지구 사회의 국제화와 더불어 유럽으로부터 민들레가 유입되어 전국적으로 귀화종 민들레로서 번성하고 있다. 일반적으로 귀화식물은 생태 전략적으로 성질이 강건하고 번식 효율이 상대적으로 높아 자생종과의 경쟁에 있어 고유 생태계의 교란을 일으키는 경우가 많다. 민

들레속 식물에 있어서는 자생종과 귀화종 사이에 형태적으로는 물론(Table 1), 유전적으로 차이를 나타내는 것으로 알려져 있다(內藤, 1975). 형태적으로 자생종 민들레는 외총포편이 곧추 서있고 귀화종 민들레는 뒤로 젖혀져 있다고 알려져 있으나 분류학적 구분에 논란이 많은 식물이다(이창복 등, 1986). 또한 민들레, 산민들레, 붉은씨서양민들레, 서양민들레 등의 염색체수는  $2n=24$ 이며 쯤민들레는  $2n=16$ , 흰민들레는  $2n=32$ 로 보고된 바 있다(森田, 1976). 그러나 자연 상태에서는 각종의 염색체수가 2~10배체로 다양하게 존재하기 때문에 염색체수에 있어서도 개체간의 상당한 차이를 나타내는 것으로 알려져 있다(堀田, 1989; 森田, 1976).

대부분의 민들레속 식물은 유성생식과 단위생식을 겸비하는 식물로 보고되어 있다(강혜순과 최유미, 1998). 특히 서양민들레 및 붉은씨서양민들레 등의 귀화종은 단위생식에 의해 화분 분산자가 없는 불리한 환경 하에서도 전략적 번식적응도가 매우 높아 오늘날 전 세계적으로 널리 분포되어 있는 식물종이 되었다. 특히 비휴면성인 서양민들레는 자생종 민들레에 비해 종 번식이 상대적으로 유리한 것으로 보고 되어있다(안영희와 최광울, 2000). 현재 우리나라 대부분의 지역에서는 귀화식물인 서양민들레 및 붉은씨서양민들레가 차지하고 있으며, 자생종 민들레류는 급격히 사라져가고 있다(박헌우와 박인근,

Table 1. Morphological studies on six native and naturalized *Taraxacum* species

Scientific name	Blooming period	Flower color	Leaf length and Leaf width	Projection of involucre scale	Leaf hair	Direction of involucre bract	Color of involucre bract
<i>T. mongolicum</i>	April~May	Pale yellow	20~30cm& 2.5~5cm	○	○	Horizontal	Green
<i>T. hallasanensis</i>	May~June	Moderate yellow	10~35cm& 2~5cm	×	○	Horizontal	Dark green
<i>T. ohwianum</i>	May~June	Moderate yellow	9~20cm& 2~5cm	×	○	Horizontal	Green
<i>T. coreanum</i>	April~June	White	7~25cm& 1.4~6cm	○	○	Horizontal	Green
<i>T. officinale</i>	March~October	Moderate yellow	5~30cm& 2~5cm	×	×	Downward	Green~Dark green
<i>T. laevigatum</i>	March~October	Moderate yellow	5~30cm& 2~5cm	×	×	Downward	Green~Dark green

1997). 이와 같은 결과는 단순히 귀화종 민들레류와의 생태적인 경쟁에서 자생종들이 도태되었거나 유전적으로 종간의 교잡에 의한 열성인자로 작용하는 자생종 민들레류의 형질적인 도태 가능성이 제시되고 있다(양효식, 1995). 그러나 민들레속 식물의 형태학적인 분류가 까다롭기 때문에 외관상의 관찰만으로는 그 구체적인 내용을 밝히기 매우 어렵다(Suehiro *et al.*, 1986). 그러므로 본 연구에서는 특정 DNA를 단시간에 증폭시켜 생물 종간 또는 개체간의 유전적 변이를 규명할 수 있는 RAPD(Random Amplified Polymorphic DNA) 분석법을 이용하여 전국적으로 분포하고 있는 우리나라 민들레류 종간의 계통적 유연관계를 밝히고자 시도하였다. 식물종의 형태적인 분석은 대단히 까다롭고 연구결과에 대한 신뢰도도 낮을 수 있으며 특정 효소의 변이가 유전자 변이로부터 기인된다는 이론적 배경을 지니는 동위효소 분석법도 이용 가능한 동위효소의 종류가 한정되어 있다는 점과 Band pattern이 동일개체에서도 변이가 발생할 수 있다는 단점이 지적되고 있다(Rani *et al.*, 1995). 그러나 RAPD 방법은 *in vitro*에서 임의의 primer를 제조하여 사용할 수 있으며 다양한 DNA의 다형성을 빠르고 간편하게 볼 수 있다는 장점 때문에 급속도로 전파되어 현재까지 다양한 생물종의 종내 또는 종간의 유전적 다양성 또는 계통의 유연관계 해석에 널리 적용되고 있다(Benner *et al.*, 1995;

Chalmer *et al.*, 1992; Dweikat *et al.*, 1993; Halward *et al.*, 1992). 그러므로 본 실험은 국내에 생육하는 4종의 자생 민들레와 2종의 귀화 민들레 종과의 유전적인 유연관계를 RAPD 분석법을 통해 명확히 밝혀 전국적인 민들레류의 분포 실태를 파악하고 금후 민들레를 비롯한 귀화식물 관리체계를 세우는데 기초 자료를 제공하고자 수행하였다.

## 재료 및 방법

### 1. 공시재료

본 실험에 이용한 민들레속 식물은 다음과 같다. 전국에서 채종한 자생종 민들레(평택), 산민들레(광능), 좁민들레(제주도), 흰민들레(안성)와 귀화종인 서양민들레, 붉은씨서양민들레 등 분석하고자하는 시료 6종을 비롯하여 대조구 시료로 몽고에서 채집해온 민들레(*Taraxacum mongolicum*)와 영국의 Kew Garden과 미국 아놀드 식물원에서 각각 분양 받은 서양민들레(*T. officinale*) 종자를 시료로 사용하였다. 민들레 종자는 자생지에서 무작위로 성숙한 3개체 이상에서 채종하여, 각 개체간의 구분 없이 파종하여 시험하였다. 채종한 민들레류 종자들은 관행(안영희와 최광윤, 2000)에 따라 2000년 8월에 파종하여 2001년 2월까지 관수와 제초만으로 재배

관리하며 주요형질을 조사하였다(Table 1). 2001년 2월에 이들 중의 신선한 잎을 채취한 후 4℃의 냉암실에 72시간 동안 보존하여 다당류를 제거한 다음 -74℃의 deep freezer에 저장한 것을 RAPD 분석시료로 사용하였다(Williams *et al.*, 1993).

## 2. DNA 추출

Deep freezer에 저장된 민들레 잎 조직 0.5g를 액체질소와 함께 충분히 마쇄한 후, DNA 추출용액(0.1M Tris-HCl, 0.05M EDTA, pH 8.0, 0.5M NaCl, 0.5% SDS)을 첨가하여 혼합하고 65℃에서 1시간 배양한 다음 4℃에서 12,000rpm으로 10분간 원심 분리하여 상층액을 분리하였다. 상층액과 동량의 Chloroform : Phenol(1 : 1) 혼합액을 넣어 20분간 실온에서 혼합시킨 후 4℃에서 12,000 rpm으로 10분간 원심 분리하여 상층액을 취했다. 상층액의 2배에 해당하는 ethanol을 첨가하여 잘 섞은 다음 -20℃에서 1시간 동안 두었다가 4℃에서 12,000rpm으로 10분간 원심분리 하였다. 상층액을 제거하고 pellet을 건조시킨 후 1X TE buffer를 넣어 용해한 다음 RNase (10 $\mu$ g/mL)를 첨가하여 37℃에서 20분간 처리하였다. 반응량의 1/10에 해당하는 3M sodium acetate를 첨가한 후, 최종량의 2배에 해당하는 ethanol을 넣고 섞은 후 -20℃에서 1시간 동안 두었다가 4℃에서 12,000rpm으로 10분간 원심분리한 후 상층액을 제거한 다음 70% ethanol을 넣어 혼합한 후 4℃에서 12,000rpm으로 다시 10분간 원심분리 하였다. 상층액을 제거한 다음 pellet은 실온에서 건조시킨 후 TE buffer에 녹여 4℃에 보관하여 사용하였다(Tinker *et al.*, 1993; Williams *et al.*, 1993).

## 3. DNA 증폭

PCR에 사용된 primer는 Operon사의 10-mer primer kit(Operon Technologies Co., USA)를 사용하였다. 본 연구에 사용된 일부 random primer의 염기 서열과 GC content(%)는 Table 2와 같다. 10개의 염기 서열로 구성된 random primers를 이용한 각 민들레 종들의 PCR 반응은 다음과 같다(Welsh *et al.*, 1991). 각 종들의 genomic DNA 50ng, 10X buffer 2.5 $\mu$ l, 2mM MgCl<sub>2</sub> 2 $\mu$ l, 2mM dNTP 2 $\mu$ l, random primer 20ng, Taq

Table 2. List of arbitrary 10-mer primers used in the RAPD study

Operon primer No.	Primer sequences	GC content(%)
	1 5'-CAGGCCCTTC-3'	70
OPA	2 5'-TGCCGAGCTG-3'	70
	14 5'-TCTGTGCTGG-3'	60
OPB	1 5'-GTTTCGCTCC-3'	60
	1 5'-TTCGAGCCAG-3'	60
OPC	12 5'-TGTCATCCCC-3'	60
	15 5'-GACGGATCAG-3'	60
	1 5'-ACCGCGAAGG-3'	70
	2 5'-GGACCCAACC-3'	70
OPD	16 5'-AGGGCGTAAG-3'	60
	17 5'-TTTCCCACGG-3'	60
OPE	1 5'-CCCAAGGTCC-3'	70
OPF	1 5'-ACGGATCCTG-3'	60
	11 5'-AATGCCCCAG-3'	70
	15 5'-CTCCTGCCAA-3'	60
OPK	16 5'-GAGCGTCGAA-3'	60
	17 5'-CCCAGCTGTG-3'	70
	20 5'-GTGTCGCGAG-3'	70
	3 5'-CTGTTGCTAC-3'	50
	16 5'-TCGGCGGTTTC-3'	70
OPO	17 5'-GGCTTATGCC-3'	60
	18 5'-CTCGCTATCC-3'	60
	20 5'-ACACACGCTG-3'	60
	1 5'-CTACTGCGCT-3'	60
OPS	8 5'-TTCAGGGTGG-3'	60
	19 5'-GAGTCAGCAG-3'	60
OPW	1 5'-CTCAGTGTCC-3'	60
OPAA	1 5'-AGACGGCTCC-3'	70
	1 5'-ACCTAGGGGA-3'	60
OPAW	2 5'-TCGCAGGTTTC-3'	60

polymerase lunit를 각각 혼합한 후 최종량을 25 $\mu$ l로 하여 반응하였다. DNA 증폭 조건은 95℃에서 5분간 predenaturation한 후, 95℃에 1분, 35℃에 2분, 72℃에 2분간 반응시켜 총 55 cycles를 반복한 다음 72℃로 10분간 extension하여 특정 DNA band들을 증폭하였다. 사용한 PCR 장치는 MWG-Biotech사의 Primus 96Plus(Germany)를 사용하였으며,

mineral oil은 사용하지 않았다.

#### 4. 종간의 유연관계 분석

증폭된 DNA는 EtBr(ethidium bromide)을 포함한 1.5% agarose gel에서 전기영동하여 UV transilluminator로 출현한 밴드를 확인한 후, polaroid 카메라로 촬영하였다. 증폭되어 분리된 밴드의 분자량은  $\lambda$ /HindIII DNA stand marker로 추정하였다. 분자량에 따른 밴드의 유무를 확인하고 기초자료 행렬을 작성한 후 이를 근거로 Treecon (Van de Peer and De Wachter, 1993)을 이용하여 Nei 와 Li(1979)의 방법에 준하여 계산하여 유사도 값을 구하고, UPGMA (Unweighted pair-group method with arithmetic average) 방법으로 phenogram을 작성하여 비교 검토하였으며 결과를 임의로 100 반복하는 Bootstrap 방법(Felsenstein, 1985; Sneath and Sokal, 1973)으로 분석하였다.

### 결과 및 고찰

자생 민들레속 식물로, 민들레를 비롯하여 산민들레, 쯤민들레, 흰민들레 등의 4종과 귀화종인 서양민들레 및 붉은씨서양민들레 2종의 종자를 2000년 8월에 파종하고 2001년 2월까지 관수와 제초만으로 재배 관리하면서 주요형질 및 RAPD에 의한 유전적 유연관계를 조사하였다(Table 1). 또한 자생 민들레의 대조구로 몽고에서 채집한 민들레 (*Taraxacum mongolicum*)와 서양민들레의 대조구로 영국의 Kew Garden과 미국 아놀드 식물원에서 각각 분양받은 서양민들레의 종자를 파종하여 동일한 방법으로 형태적인 특성 및 유전적인 유연관계를 조사하였다. 민들레속 식물의 개화기는 봄철 (4~6월)에만 개화하는 그룹과 봄에서 가을철(3~9월)에 걸쳐 장기간 개화하는 그룹으로 구분되며, 화색은 흰색, 황색 등 2가지로 구분되었다. 잎의 길이와 너비는 5~36cm 및 0.9~7cm, 총포외편의 돌기는 민들레와 흰민들레 2종에서만 나타나며 나머지 4종에서는 존재하지 않았다. 4종의 자생종 민들레의 잎에는 털이 나타났으나 귀화종에는 존재하지 않았다. 총포의 방향은 자생종 민들레는 수평인 반면, 귀화종은 하향 방향이었으며, 총포의 색깔은 연한 녹색,

녹색, 짙은 녹색 또는 검푸른색으로 조사되었다. 특히 미국 및 영국의 서양민들레를 비롯하여 몽고의 민들레는 국내에서 생육하는 개체들과 큰 차이가 나타나지 않았다.

민들레속 식물 9종(대조구 3종 포함)의 유전적 유연관계를 분석하기 위하여 RAPD를 통한 polymorphism을 나타내는 primer들을 찾기 위하여 대략 100여 개의 Operon사의 10-mer random primers를 사용하여 primer screening을 실시하였다. Primer screening통해 선발된 30개의 primer(Table 2)를 이용하여 RAPD를 행한 결과, 9종의 민들레로부터 총141개 다양한 polymorphic band가 나타나 민들레 종간의 유전적인 차이 분석이 가능하였다. 증폭된 DNA 단편들의 크기는 대략 125~2300bp 사이의 범위에서 다양하게 나타났으며 125bp 보다 낮은 DNA 절편의 크기는 재현성에 문제가 있을 수 있으므로 최종 결과에서 제외시켰다(Figure 1). Primer OPC12, OPD16, OPK16, OPK17, OPK20, OPS1과 OPS8에서는 각 종마다 특정밴드가 있는 것으로 조사되었다. 특히 OPS8은 대략 560bp에서 귀화종인 서양민들레 종에서만 나타나는 특이 밴드가 나타났다. 각 민들레 종들 간 Band의 유무를 분석하여 작성한 dendrogram에 의한 민들레속 식물들의 거리지수의 결과를 이용해서 Phenogram을 작성하였다(Figure 2).

RAPD분석 방법에 의한 결과는 크게 2군으로 분류되었다(Figure 2). I군에는 영국과 미국에서 가져온 서양민들레와 우리나라에 자생하는 서양민들레, 붉은씨서양민들레의 귀화종이었으며, II군은 민들레(몽고 원산), 민들레, 산민들레, 쯤민들레, 흰민들레로 분류되었다. 특히 Table 3은 각 종들 간의 비유사 값을 나타낸 표이다. 비유사 값은 100에 가까울수록 종간의 유전적 거리는 멀어지며 0에 가까울수록 유전적으로 차이가 없음을 나타내는 계수이다(Nei and Li, 1979). 민들레속 식물 9종의 유전적 유연관계를 알아보기 비유사 값을 분석한 결과 자생종 중에는 민들레의 원종이라 사료되는 몽고 민들레(T1)와 한국 민들레인 T2의 비유사 값이 11.111로 나타나서 유전적 거리가 매우 가깝다는 것을 알 수 있었으며, 국내에서 채집한 자생종 민들레 중에서는 산민들레(T3)와 쯤민들레(T4)간의 비유사 값이 12.195로 나타나서 유전적 거리가 가장 가깝게 나타났고, 민들레(T2)와 흰민들레(T5)간의 비유사 값이 26.316으로 나타나 유전적 거리가 가

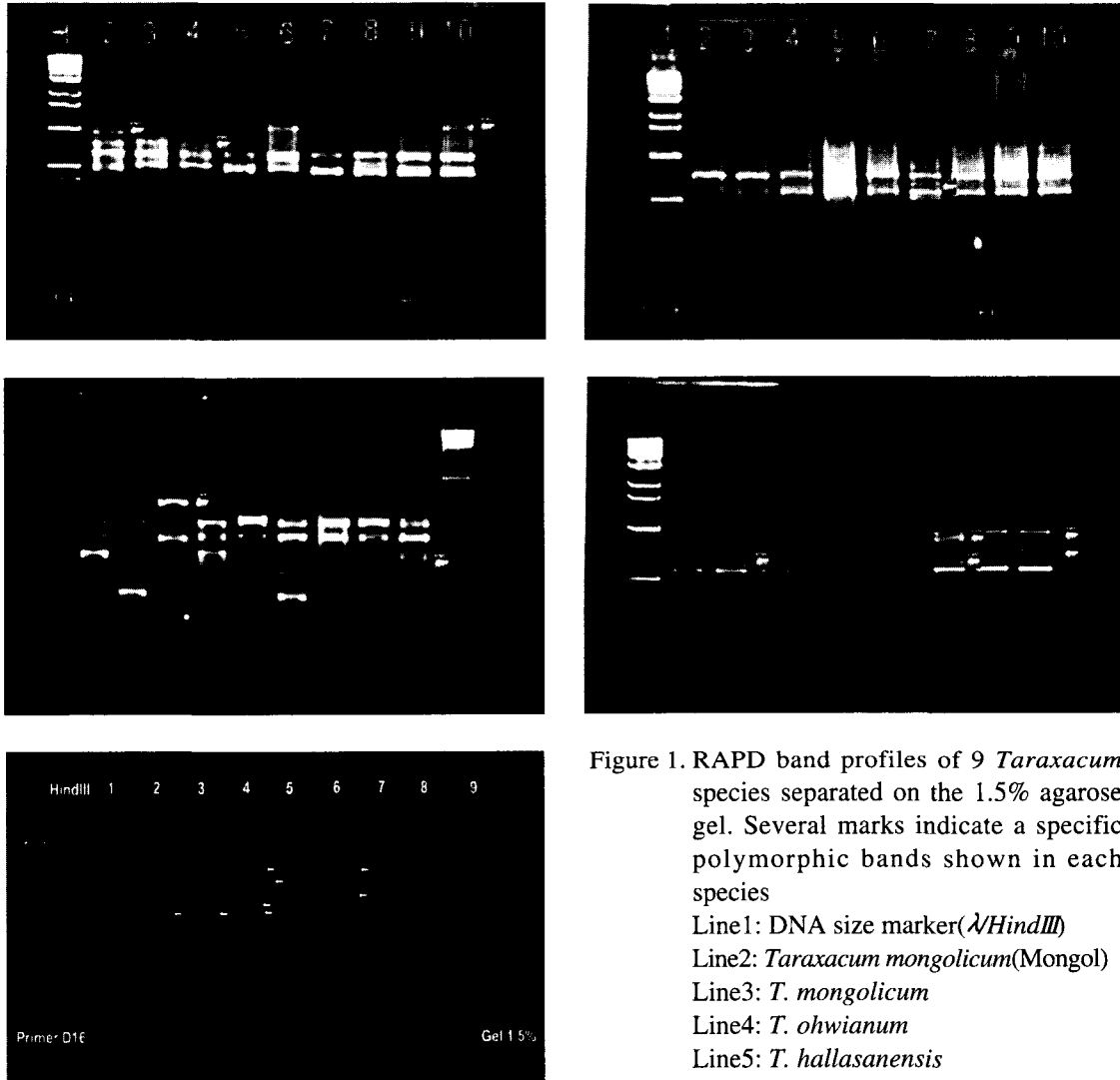


Figure 1. RAPD band profiles of 9 *Taraxacum* species separated on the 1.5% agarose gel. Several marks indicate a specific polymorphic bands shown in each species

- Line1: DNA size marker( $\lambda$ HindIII)
- Line2: *Taraxacum mongolicum*(Mongol)
- Line3: *T. mongolicum*
- Line4: *T. ohwianum*
- Line5: *T. hallasanensis*
- Line6: *T. coreanum*
- Line7: *T. laevigatum*
- Line8: *T. officinale*
- Line9: *T. officinale*(U.K.)
- Line10: *T. officinale*(U.S.A.)

장 멀다는 것을 알 수 있었다.

귀화종의 경우 서양민들레의 원종이라 사료되어 지는 영국 서양민들레(T8)와 미국 서양민들레(T9) 간의 비유사 값이 3.448로 나타나 유전적으로 구분하기가 매우 어려워 동일한 식물이라 할 수 있었으며 국내에 자생하는 귀화종 서양민들레(T7)와 이들 두 서양민들레간의 비유사 값이 8.889-9.890으로 나타나 유전적으로 매우 가깝게 나타나 유전적 변이가 많이 일어나지 않았음을 알 수 있었다. 우리나라에 자생하는 6종의 민들레속 식물(T2~T7)중에서는 붉은씨서양민들레(T6)와 산민들레(T3)간의 유

전적 거리가 가장 먼 31.579로 나타났다. 붉은씨서양민들레는 귀화종이면서도 서양민들레와는 비유사 값이 대략 19-25의 차이를 나타내며 유전적으로도 멀게 나타났으며, 또한 국내 자생 민들레류와도 유전적으로 멀게 나타났다.

Bootstrap 방법에서 6종의 유연관계를 살펴본 결과(Figure 2), 비유사계수를 통한 방법으로 분석한

Table 3. Dissimilarity index(matrix) among 6 native and naturalized *Taraxacum* species

T1	T2	T3	T4	T5	T6	T7	T8	T9
11.111	0.000	16.049	18.072	26.316	29.870	27.273	28.571	27.059
20.000	16.049	0.000	12.195	22.667	31.579	31.034	27.711	28.571
21.951	18.072	12.195	0.000	24.675	25.641	30.337	27.059	27.907
25.333	26.316	22.667	24.675	0.000	23.944	29.268	25.641	26.582
31.579	29.870	31.579	25.641	23.944	0.000	25.301	18.987	20.000
31.034	27.273	31.034	30.337	29.268	25.301	0.000	8.889	9.890
30.120	28.571	27.711	27.059	25.641	18.987	8.889	0.000	3.448
28.571	27.059	28.571	27.907	26.582	20.000	9.890	3.448	0.000

T1 : *Taraxacum mongolicum*(Mongol)      T2 : *T. mongolicum*      T3 : *T. ohwianum*  
 T4 : *T. hallaisanensis*      T5 : *T. coreanum*      T6 : *T. laevigatum*  
 T7 : *T. officinale*      T8 : *T. officinale*(U.K.)      T9 : *T. officinale*(U.S.A.)

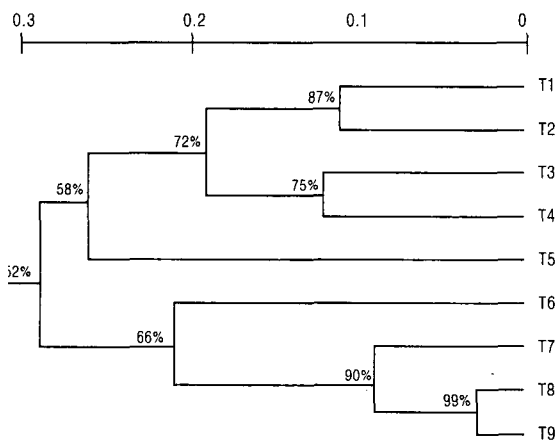


Figure 2. Phenogram generated from Nie and Li's coefficient demonstrating the relationship among 6 *Taraxacum* species based on RAPD. Dissimilarity index indicates the genetic distance. The percentile figures are obtained from the Bootstrap method and indicate phylogenetic similarities among 6 *Taraxacum* species  
 T1 : *Taraxacum mongolicum*(Mongol)  
 T2 : *T. mongolicum*  
 T3 : *T. ohwianum*  
 T4 : *T. hallaisanensis*  
 T5 : *T. coreanum*  
 T6 : *T. laevigatum*  
 T7 : *T. officinale*  
 T8 : *T. officinale*(U.K.)  
 T9 : *T. officinale*(U.S.A.)

결과와 유사하였다. Figure 2에서 나타난 것처럼 Bootstrap방법으로 분석한 결과 국내에 자생하는 민들레 6종이 모두 독립적으로 분리되어 있음을 알 수 있었다(Data not shown). Bootstrap분석 결과 자생 민들레 4종간의 유전적 유사성이 T1과 T2는 87%로 나타났으며, T3과 T4는 76%, T1, T2와 T3, T4 두 집단간에는 72%로 나타났다. 서양민들레의 경우 T8과 T9의 두 종간에는 99%로 나타났으며, T9, T8과 T7은 90%, T6과 T7, 8, 9간에는 66%로 나타났다. 흰민들레(T5)는 다른 자생종 민들레(T3, T4)와 비교하여볼 때 비록 자생종이지만 유전적 유사성이 매우 떨어졌으며(58%), 자생종 및 귀화종 두 그룹(I군과 II군)간의 유사성은 52%를 나타냈다(Felsenstein, 1985).

우리나라에서 자생하는 민들레속 6종의 주요형질을 조사한 결과 I군에 속하는 것은 II군에 비해 개화일수가 길고, 총포의 방향이 다르며, 털의 유무 또한 달랐다. II군에 속하는 흰민들레(T5)는 다른 민들레 종과는 화색에서 확연한 차이를 보였으며 자생종들 속에서도 잎의 방향 및 색, 발아의 생리적 특성 등 여러 다른 점이 복합되어서 II군내에서도 유전적 거리가 가장 먼 것으로 분류되어졌다. 그러나 그밖에 조사되지 않은 외부형태와 대사 작용 등에 특이적으로 작용하는 형질의 발현에 직·간접적으로 관여하는 단편일 가능성이 있으므로 생물체의 형태적 차이는 유전자를 구성하고 있는 DNA의 염기서열의 차이와 밀접한 관련이 있으므로 보다 정확한 유연관계를 밝히기 위해서는 RFLP방법이나 Fragment sequence를 통해 분자유전학적 계통분류에 의한 분석이 요구된다고 사료되는 바이다.

## 인용문헌

- 강혜순, 최유미(1998) 두 외래종 민들레 번식특성의 계절적 변이. 한국생태학회지 21: 475-486.
- 박수현(1995) 한국 귀화식물 원색도감. 일조각, 346~349쪽.
- 박헌우, 박인근(1997) 경기도 서부일원의 민들레속 식물의 분포. 한국생태학회지 20: 1-8.
- 안영희, 최광울(2000) 자생 민들레류와 서양민들레 종자의 발아특성 차이. 한국환경생태학회지 14(3): 199-204.
- 양효식(1995) 서양민들레 생태형의 중간 경쟁에 있어 환경적인 변이 반응에 관한 연구. 한국환경생물학회지 13(2):107-120.
- 이창복(1980) 대한식물도감. 향문사, 783~784쪽.
- 이창복, 김윤식, 김장석, 이정석(1986) 신고 식물분류학. 향문사, 53~100쪽.
- 이영노, 오용자(1969) 한국산 민들레속의 분류학적 연구. 한국생활과학연구원보고서 4: 63-68.
- 堀田滿(1989) 世界有用植物事典. 平丹社(東京), 1026~1027쪽.
- 森田龍義(1976) 日本産タンポポ属の2倍體と倍數體の分布. 國立科學博物館報告 2(1): 23-28.
- 內藤俊彦(1975) タンポポ属の侵入と定着について. 生物科學 27: 195-202.
- Benner, M. S., M. D. Braunstein and M. U. Weisberg(1995) Detection of DNA polymorphisms within the genus *Cattleya*(Orchidaceae). Plant Mol. Biol. Rep. 13: 147-155.
- Chalmer, K. J., Wauugh, R., Sprent, J. K., Simons, A. J. and Powell, W.(1992) Detection of genetic variation between and within populations of *Gliricidia sepium* and *G. maculata* using RAPD markers. Heredity. 69: 465-72.
- Dweikat, I., Mackenzie, S., Levy, M., and Ohm, H.(1993) Pedigree assessment using RAPD-DGGE in cereal crop species. Theor. Appl. Genet. 85: 496-505.
- Felsenstein, J.(1985) Confidence limits on phylogenies: an approach using the bootstrap. Evolution, 39: 738-791.
- Halward, T., Stalker T., LaRue E., and Kochert G.(1992) Use of single-primer DNA amplification in genetic studies of peanut(*Arachis hypogaea* L.) Plant Mol. Biol. 18: 315-325
- Nei, M. and Li, W. H.(1979) Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases. Proc. Natl. Acad. Sci. 76: 5269-5273.
- Rani, V. A., Parida and S. N. Raina(1995) Randomly amplified polymorphic DNA(RAPD) markers for genetic analysis in micropropagated plants *Populus deltoides* Marsh. Plant Cell Reports 14: 459-462.
- Sneath, P. H. A. and Sokal, R. R.(1973) Numerical Taxonomy. W.H. Freeman(San Francisco). pp. 341-347.
- Suehiro, K., H. Ogawa and K. Hozumi(1986) Competition between two naturalized dandelions, *Taraxacum officinale* Weber and *Taraxacum laevigatum* Dc., in mixed cultures with different levels of soil moisture. Bot. Mag. Tokyo 99: 1-14.
- Tinker, N. A., Fortin, M. G., and Mather, D. E.(1993) Random amplified polymorphic DNA pedigree relationships in spring barley. Theor. Appl. Genet. 85: 976-984.
- Van De Peer, Y. and De Watcher, R.(1993) Treecon: A software package for the construction and drawing of evolutionary trees. Comput. Applic. Biosci. 9: 177-182.
- Welsh, J., Honeycutt, R. J., McClelland, M., Sobral, B. W. S.(1991) Parentage determination in maize hybrids using the arbitrarily primed polymerase chain reaction(AP-PCR). Theor. Appl. Genet. 82: 473-476.
- Williams, J. G. K., Hanafey, M. K., Rafalski, J. and Tingey, S.(1993) Genetic analysis using random amplified polymorphic DNA markers. Meth Enzymol. 218: 704-40