

RAPD를 이용한 들깨 유전자원의 유전적 변이 분석

김도훈, 양보경, 김현경, 김나영, 정순재, 김익수¹, 남재성, 이재현, 정대수*
동아대학교 생명자원과학대학, ¹농촌진흥청 농업과학기술원 잠사곤충부

Analysis of Genetic Variation of *Perilla* Germplasm Using RAPD

Doh-Hoon Kim, Bo-Kyung Yang, Hyeon-Kyoung Kim, Na-Young Kim, Soon-Jae Jeong, Iksoo Kim¹,
Jaesung Nam, Jai-Heon Lee, Dae-Soo Chung*

College of Natural Resources and Life Science, Dong-A University, Busan 604-714, Korea
¹Department of Sericulture and Entomology, NIAST, RDA, Suwon 441-100, Korea

ABSTRACT Genetic variation of *Perilla* germplasms was investigated using RAPD markers. Forty-two *Perilla frutescens* lines and cultivars collected from locals were subjected to RAPD analysis using 220 primers. Among them only 13 primers showed polymorphic bands and these 13 primers provided a total of 144 bands, consist of 115 polymorphic and 29 monomorphic ones. The polymorphic bands were subjected to phylogenetic analysis using UPGMA and maximum parsimony (MP) methods. In the UPGMA method, similarity coefficient of 42 *Perilla frutescens* lines and cultivars ranged from 0 to 0.7842. The dendrogram of 42 lines and cultivars obtained through UPGMA method resulted in two major groups, and the similar clustering pattern was found by MP method, suggesting *Perilla* germplasms utilized in this study truly can be divided into two major groups. Although the two major groups were consistent roughly with their phenotypes (number of node, weight of 1,000 grains, and oil content), in detail, much inconsistency also was present.

Key words: *Perilla frutescens*, genetic relationships, genetic diversity, NTSYS, PAUP, PCR

서 론

들깨 (*Perilla frutescens*)는 순형과에 속하는 일년생 초본류로서 그 원산지는 아시아지역으로 알려져 있고, 단위 면적당 수량이 낮은 관계로 다른 작물에 비하여 환금작물로서의 개발이 뒤떨어져 있어 아직 농가에서는 자급용으로만 주로 재배되고 있는 실정이다. 들깨유는 다중 불포화지방산 (C_{18:3})이 다량함유된 건성류로서 페인트, 인쇄용 잉크, 도료 등의 공업용 원료나 식용 및 튀김용으로 이용되며, 비료로서의 가치도 높다 (Jeong and Kim 1988). 또한 들깨의 종실유는 조리기름으로 사용되고 있고, 잎은 익혀 먹거나 약용 또는 음식의 색감으로 사용되는 등 들깨는 다양한 용도로 사용되어 왔다 (Han et al. 2000).

들깨 재배국은 주로 한국을 비롯한 동남아 몇 개 국가에 한정되어 있고, 들깨를 식용으로 가장 많이 소비하는 한국의 경우에도 재배면적이 많지 않아 타 작물에 비하여 연구가 매우 부진한 실정에 있다. 그러나 최근 용도의 다양화 및 재배면적의 증가에 의해 들깨에 관한 여러 측면의 연구가 진행되고 있는 실정이다 (Kwak 2000).

들깨의 품종개량은 주로 종실수량성에 관여하는 형질개량에 육종목표를 두어 교배육종을 시도해 왔으며 엽실들깨를 비롯하여 몇 개의 품종이 육성 보급되고 있는 실정이다 (Lee et al. 1996).

이 같은 연구의 대부분은 지금까지는 주로 지방 재래종을 수집하여 주요 농업적 형질과 지방산 조성을 분석 평가하는데 그치고 있다. 작물 육종에 있어 유전자원의 다양성에 대한 정보는 매우 중요하며, 종이나 집단간의 유전적 연관성에 대한 평가는 새로운 유전적 조합을 위한 유전자 도입의 선택에 큰 역할을 제공하는데 (Sneath and Sokal 1973), 지방 재래종

*Corresponding author Tel 051-2100-7507 Fax 051-200-6536
E-mail dhkim@mail.donga.ac.kr

의 경우 한정된 조건에서 다년간 재배 적용되어 왔으므로 육종재료로 활용하는 데 변이가 적은 것이 가장 큰 결점이다.

작물의 유전적 유연관계를 평가하는 방법으로 과거에는 주로 작물의 육종기록과 식물의 형태적 특징 및 생화학적 인자인 동위효소 다형화 분석에 근거를 두어 왔으나 분자 생물학의 발달로 작물내의 유전적 다양성을 분자 수준에서 분석하는 것이 가능하게 되었다.

최근 다양한 분자 생물학적 방법이 다양한 작물의 품종육성 과정에 활용되고 있는데, 그 중 RAPD는 Saiki 등 (1985)이 PCR에 의한 β -globin 유전자의 증폭에 관해 보고한 이래 다양한 작물에서 활용되어지고 있다 (Bloch 1991; Heo et al. 1995; Baek et al. 1997; Yang and Park, 1998; Jeong et al. 2000; Yang et al. 2001). RAPD법은 재현성 부족 등의 한계점을 가지고 있으나 여러 개의 primer를 사용함으로써 DNA 다형현상을 발견하기가 용이하고 실험조작이 간편하여 소량의 DNA 만으로도 실험이 가능한 장점을 가지며 빠른 시간 내에 대규모 집단의 screening에 효과적인 방법으로써, 유전적 변이의 감별, 유전자 지도의 작성, 모본의 확인 (Roy et al. 1992; Mukai et al. 1998; Yang et al. 2001) 등 그 이용성이 다양하다. 최근 RAPD를 이용한 들깨 속의 계통 및 분화에 대한 연구결과 들깨속 (*Perilla*)에 속하는 품종 및 종은 색깔이 자색인 종 (차조기)과 흰색인 종 (들깨) 등 크게 두 그룹으로 구분할 수 있었으며, 들깨 그룹은 다시 있들깨 품종 (종)과 종실용 들깨 품종 (종)으로 나눌 수 있었으며, 차조기 그룹은 녹색잎을 가진 차조기와 자색의 잎을 가진 차조기 그룹으로 다시 나눌 수 있었다고 보고하였다 (Han et al. 2000). 그러나 들깨 품종 또는 계통에 대한 유전적 다양성, 변이정도, 계통에 관한 종합적인 결론을 얻기 위해서는 아직도 많은 연구가 진척되어야 하는 실정이다.

따라서 본 연구는 들깨 품종 (종) 중 재래종 들깨를 대상으로 RAPD법에 의한 유전적 변이를 비교하고, 이들 품종간의 계통분석을 실시함으로써 RAPD 결과가 재래종 들깨에 있어 각 품종의 마디수, 화방수, 천립중 그리고 유지 함량 등의 형질특성 및 재배지역 정보를 반영하는지를 분석하여 들깨 유전자원의 평가와 선발을 위한 기초자료를 얻고자 실시하였다.

재료 및 방법

식물재료

본 연구에 사용된 들깨 (*Perilla frutescens*) 종자는 각 지방에서 수집된 42계통 및 품종으로 이들 들깨의 대표적인 생육 및 수량형질 특성을 Table 1에 나타내었다. RAPD 분석을 위하여 어린 잎을 채취하였으며 이들은 DNA 추출시까지 -70°C 에 보관하였다.

총지질의 추출

총지질의 추출은 Bligh와 Dyer법 (Bligh and Dyer 1959)에 따라 시료 10 g을 냉동유발에 넣은 후 적당량의 액체질소를 붓고 마쇄한 다음 여기에 chloroform:methanol (2:1, v/v)의 혼합 용액을 넣는다. 이상의 혼합액은 24시간 동안 냉장고에 방

Table 1. Agronomic characters in collected perilla germplasm.

Code no.	Name of lines and cultivars	No. of node	No. of ovary	Wt. of 1000	grain (g)
1	Tongyeong	10	30.8	4.77	44
2	Suwon 8	11	37.6	4.39	40
3	Kimhae 1	14	29.2	2.83	41
4	Ok-dong	13	36.4	3.08	55
5	Yanggu	11	44.8	3.13	44
6	Changnyeong	15	37.8	3.10	48
7	Kimhae 2	14	37.7	3.18	57
8	Daegu	13	33.8	4.17	53
9	Geumneung	11	32.2	5.16	39
10	Suwon 42	13	28.7	2.24	40
11	Uljin	13	33.2	3.18	40
12	Okcheon	12	37.0	5.51	41
13	Pohang	14	35.8	2.22	41
14	Sacheon	13	35.2	4.47	47
15	Sokcho	13	33.4	3.96	39
16	Anyang	12	39.8	3.45	41
17	Jeju	12	34.6	2.73	50
18	Changwon	11	32.2	3.78	46
19	Gangneung	10	43.0	3.02	44
20	Geoje	11	25.6	3.1	42
21	Gwangyang	11	34.2	2.41	36
22	Goseong	11	36.0	3.41	39
23	Cheongju	11	39.7	2.31	38
24	Chilgok	9	37.2	2.13	39
25	Iksan	12	29.6	2.11	36
26	Gupo	14	30.4	4.23	36
27	Namwon	10	42.8	2.65	37
28	Geochang	12	28.0	2.79	36
29	Chungju	11	36.0	2.63	37
30	Pocheon	13	39.7	2.44	35
31	Yeongil	11	32.4	3.72	35
32	Andong	12	31.0	2.51	52
33	Bukjeju	11	23.8	4.27	38
34	Yeongwol	11	30.4	2.22	37
35	Namhae	11	41.0	2.81	40
36	Jecheon	11	36.2	2.68	40
37	Yeongcheon	8	35.0	1.40	41
38	Pyeongtaek	9	33.7	4.89	40
39	Cheongyang	12	39.4	1.75	43
40	Wolseong	9	36.2	1.29	40
41	Danjang	9	39.8	2.01	44
42	Gurye	9	35.2	2.34	42

치한 후 여과지로 여과한 후, 1% NaCl 용액을 가하여 수용성 물질을 제거한 뒤 분리된 chloroform층만을 회수하여 rotary vacuum evaporator에서 용매를 제거하여 총지질을 얻었다.

DNA추출 및 정제

DNA의 추출을 위해 들깨의 어린 잎 0.2 g을 액체질소로 급냉시킨 후 유발에 넣어 마쇄하였고, DNA extraction buffer (100 mM Tris pH 8.0, 50 mM EDTA pH 8.0, 500 mM NaCl, 10 mM mercaptoethanol) 10 mL과 20% SDS 700 μ L를 넣어 혼합한 다음, 65°C에서 10분간 방치하였다. 여기에 5 M potassium acetate 4 mL를 넣고, 0°C에 20분간 둔 다음 원심분리 (10,000 rpm, 20분, 4°C)한 후 상등액을 취하였다. 이 상등액에 isopropanol 10 mL를 넣고 -20°C에 30분간 방치한 후 원심분리 (10,000 rpm, 10분, 4°C)하여 상등액을 취하고, 50 mM Tris와 10 mM EDTA를 0.7 mL 넣고 10분간 원심분리하였다. 상등액에 3 M sodium acetate 75 μ L와 isopropanol 500 μ L를 넣고, 다시 원심분리 (13,000 rpm, 10분, 4°C)하여 DNA를 회수하고 80% ethanol로 세척하여 건조시킨 후 멸균수 (30~50 μ L)에 용해시켰다. 추출된 DNA는 0.7% agarose gel에서 약 25분간 전기영동하여, genomic DNA를 관찰하였으며, 아올러 260 nm와 280 nm에서 흡광도를 측정하여 농도를 확인하였다.

Random primers

Operon사로부터 각 20개의 random primer로 구성된 OPA, OPB, OPC, OPD, OPF, OPI, OPN, OPO, OPP, OPV, OPX 등의 kit를 구입하여 총 220개의 primer를 사용하여 polymorphism을 나타내는 12개의 primer를 최종 선발하여 사용하였다 (Table 2).

Table 2. Selected random primers, which produced polymorphic DNA bands from perilla lines and cultivars.

Primer	Nucleotide sequences
OPA - 11	5'-CAATCGCCGT -3'
OPB - 18	5'-CCACAGCAGT -3'
OPC - 13	5'-AAGCCTGGTC -3'
OPD - 13	5'-GGGGTGACGA -3'
OPF - 06	5'-GGGAATTCGG -3'
OPI - 18	5'-TGGTCGCAGA -3'
OPN - 11	5'-TCGCCGAAA -3'
OPO - 07	5'-CAGCACTGAC -3'
OPP - 14	5'-CCAGCCGAAC -3'
OPP - 17	5'-TGACCCGCCT -3'
OPV - 08	5'-GGACGGCGTT -3'
OPX - 02	5'-TTCCGCCACC -3'
OPX - 06	5'-ACGCCAGAGG -3'

PCR

선발된 12개의 Operon primer를 이용하여 들깨 42개 계통 및 품종에 대한 RAPD 분석을 실시하였고, 이때 적용된 PCR 조건은 Jeong 등 (2000)이 보고한 바와 같다. 즉, 50 ng의 template DNA, 2.5 mM의 dNTP, 0.6 unit의 *Taq* polymerase, 5 μ M의 primer에 2.5 μ L의 10X buffer를 넣어 전체 반응 용량이 25 μ L가 되도록 멸균수로 조정하였다. 이때 사용된 dNTP, *Taq* polymerase 및 10X buffer는 Takara (Japan) 제품을 사용하였다.

PCR 반응은 GeneAmp PCR system 2400 (Perkin-Elmer, USA)을 사용하여 pre-heating time이 없이 denaturation은 94°C에서 30초, annealing은 45°C에서 30초, extension은 72°C에서 2분간 실시하여 45회 반복하였으며, 마지막 cycle에서의 extension은 72°C에서 7분간 실시하였다. PCR 반응 후 ethidium bromide가 첨가된 1.4% agarose gel 상에서 50V로 130분간 전기영동 한 후 UV 램프 위에서 DNA 증폭양상을 관찰하였다.

품종간 유연관계 분석

증폭된 DNA band의 존재 유무 (유는 1, 무는 0)에 따라 data matrix를 작성한 후 (자료생략), 품종간의 유전적 유사성 (상이성) 및 유연관계를 파악하였다. 유연관계의 분석은 unweighted pair group method using arithmetic average (UPGMA) 및 maximum parsimony (MP) 등 두 가지 방법에 의하여 수행되었다. UPGMA법은 단순히 유전적 거리 (genetic distance=d)에 의한 유전적 유사성을 계산하는 반면, MP법은 변이요인간의 진화적 고려를 하는 바, 두 가지 방법을 사용함으로 유연관계의 신뢰성을 높이하고자 하였다. UPGMA는 numerical taxonomy and multivariate analysis system (NTSYS, ver. 2.02i) computer program을 이용하였으며, 이때 품종간의 유전적 유사도 계수 (similarity coefficient)는 Sokal와 Sneath (1963)의 방법에 따라 구하였다. 이와 달리 parsimony법에 의한 품종간의 유전적 분화정도와 유연관계를 파악하기 위하여 Swofford (1990)의 phylogenetic analysis using parsimony (PAUP, ver. 3.1)을 사용하였다. 품종간의 유전적 거리는 mean pairwise distance를 사용하였으며 유연관계분석은 heuristic법을 사용하였고 계통수의 신뢰도는 bootstrap법으로 100반복 실시하였다 (Felsenstein 1985).

결 과

전기영동 분석

Operon사의 random primer 220개 중 재현성이 우수하고 다

형화현상을 나타내는 13개의 primer를 선발하였고 (Table 2), 그 결과 중 일부 profile을 Figure 1에 나타내었다. RAPD-PCR 결과, 약 400~10,000 bp 범위에서 다양한 크기의 밴드가 확인되었다. 각 primer당 평균 12개의 band를 얻었으며 이들은 총 144개의 밴드로 115개 (79.9%)가 품종간 polymorphism을 보였으며 29개 (20.1%)는 monomorphism을 보였다. 주요 밴드를 대상으로 한 품종간의 차이를 비교한 결과 OPN11 primer로부터 얻은 밴드 (Figure 1)의 경우 Tongyeong (1) 등 24개의 품종에서는 DNA 증폭이 확실한 반면, Kimhae 2 (7)를 포함한 7개 품종에서는 그 밝기가 비교적 약하였고 Suwon 8 (2)을 포함한 9개의 품종은 전혀 증폭되지 않았다 (Figure 1).

유사도 분석

선발된 12개의 primer로부터 얻은 115개의 polymorphic band를 이용하여 NTSYS에 의한 품종간유전적 유사도를 파악하였다 (자료생략). 들깨 42계통 및 품종의 유사도계수는 0~0.7842에 이르렀으며, 가장 낮은 유사도계수는 Gangneung (19)와 Yeongcheon (37)과의 비교에서, 그리고 가장 높은 유사도 계수는 Pyeongtaek (38)과 Cheongyang (39)의 비교에서 나타났다.

아울러 PAUP에 의한 유전적 분화율에 대한 분석결과 42계통 및 품종을 기준으로 했을 경우, 가장 낮은 분화율은 Pyeongtaek (38)과 Cheongyang (39) 사이에서 관찰되는 등 PAUP에 의한 분석결과는 전반적으로 NTSYS에 의한 분석결과와 일치하는 경향이였다.

유연관계 분석

이상의 유사도계수 matrix를 이용하여 UPGMA법에 의한 들깨 42계통 및 품종의 계통수를 구한 결과, 42계통 및 품종은 2개의 큰 그룹으로 나뉘어졌다 (Figure 2; group A 및 group B로 명명). 그룹 A는 약 0.19의 유사도 지수에서 그룹을 형성하였고 그룹 B는 이보다 다소 높은 유사도 지수 0.24에서 그룹을 형성하였다 (Figure 2B). MP법에 의한 분석결과, 본 연구에 사용된 들깨는 크게 두 가지 그룹을 형성하였다. 계통도의 각 분지에서의 bootstrap 수치를 살펴보면, 그룹 A의 경우 60%의 bootstrap 수치에 의해 지지를 받았으며 그룹 B의 경우 단지 39%의 지지를 받아 들깨 계통 및 품종이 완벽한 두 가지의 계통을 형성하고 있다고 보기에는 어려운 면이 있지만 UPGMA에 의한 분석결과를 함께 고려할 때 본 연구에 사용된 들깨 계통 및 품종은 대략적으로 큰 두 개의 그룹을 형성하였다.

표현형질과의 비교

상기 계통분석으로 얻어진 그룹이 마디수, 천립중과 관련이 있는 지를 확인하기 위하여 두 계통그룹 (그룹 A 및 그룹 B)에 속한 품종을 기준으로 이들 수치를 비교하였다. 우선 마디수와 비교한 결과, 그룹 A의 평균 마디수는 12.35로 10.76인 그룹 B에 비해 상당히 높은 수치를 보였으며 전반적으로 마디수가 14~15개 사이로 상대적으로 높은 수치를 나타내는 품종 및 계통들은 그룹 A에 많이 속하는 경향이 있는 반면 마디수가 10~13개로 낮은 품종은 그룹 B에 속하는 경우가 있었다. 그러나 많은 품종들이 이러한 원칙에 따라 확연히 구

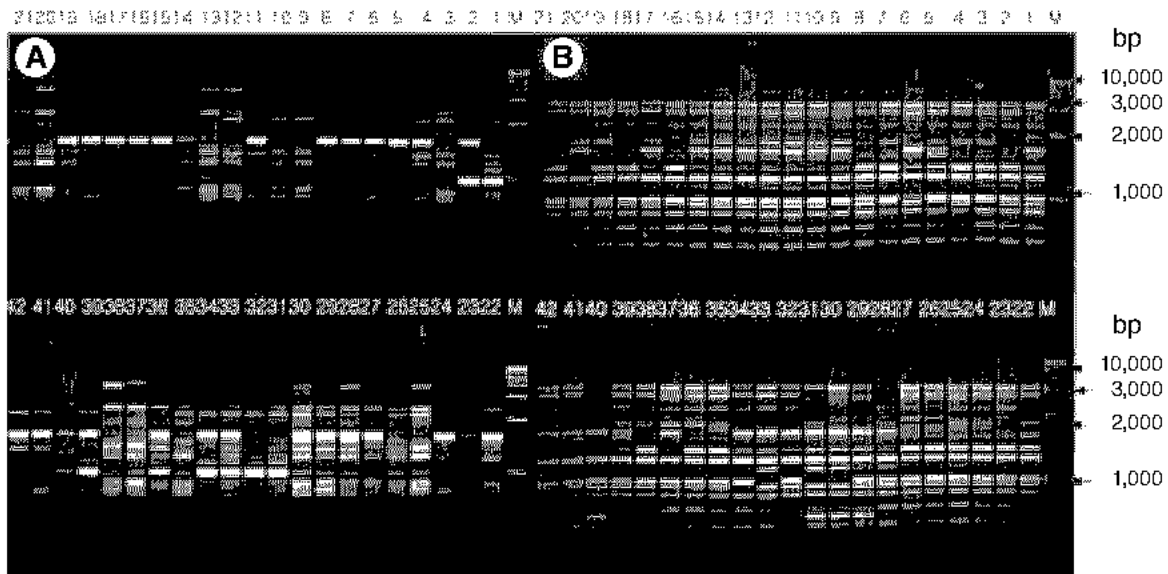


Figure 1. RAPD profiles obtained from 42 *Perilla frutescens* lines and cultivars using (A) OPN11 primer and (B) OPJ18 primer. One-kb ladder is presented in the lane M with the molecular size indicated. The arrows indicate polymorphic bands utilized for UPGMA and MP analyses.

분이 되는 것은 아니었다. 예를 들면 Kimhae 1 (3), Changnyeong (6), Kimhae 2 (7), Pohang (13) 등은 14~15개의 마디를 갖고 그룹 A에 속하고 있으며, Chilgok (24), Yeongcheon (37), Pyeongtaek (38), Wolseong (40), Danjang (41), Gurye (42) 등의 품종은 8~9의 마디를 갖고 그룹 B에 속해 있으나, Gupo (26)는 14개의 마디를 갖고 있으나 그룹 B에 속해 있다.

천립중과 비교한 결과, 그룹 A의 평균 천립중은 3.456 g으로 2.69 g인 그룹 B에 비해 상당히 낮은 수치를 보였다. 구체적으로 그룹 A에는 Tongyeong (1), Geumneung (9), Okcheon (12) 등 천립중이 4.77~5.51 g 사이의 상대적으로 높은 수치를 나타내는 품종이 속하였고, 그룹 B에는 Yeongcheon (37), Cheongyang (39), Wolseong (40) 등 천립중이 1.29~1.40 g 사이의 상대적으로 낮은 수치를 나타내는 품종이 속하였다. 그러나 천립중의 결과 역시 RAPD에 의한 유연관계 분석 결과와 명확히 일치하지는 않았다.

유지함량과 비교한 결과, 그룹 A의 평균 유지함량은 44.2%로 39.29%인 그룹 B와 상당한 함량차이를 보였다. 그룹 A에 속하는 품종 중 Ok-dong (4), Kimhae2 (7), Daegu (8), Jeju (17)은 50~53%의 유지함량을 나타내며 그룹 A에 속한 반면 Andong (32)은 유지함량이 52%로 매우 높은 편이었지만 그룹 A에 속하지는 않았다. 그룹 B에 속하는 품종 중 Iksan (25), Geochang (28), Pocheon (30), Yeongil (31)은 유지함량이 35~36%로 매우 낮은 수치를 보였으며 Gwangyang (21)은 유지함량이 36%로 매우 낮은 수치를 보였지만 그룹 B에 속하지 않았다. 유지함량에 대한 분석결과 역시 RAPD에 의한 유연관계 분석 결과와 확연히 일치하는 결과를 보이지는 않

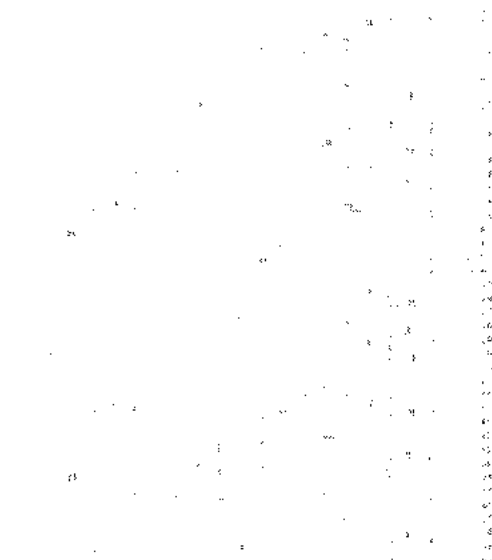
았다.

고 찰

국내에서 수집한 들깨 42품종을 이용하여 220개의 primer 중 polymorphic band를 보이는 primer 13개를 선발하였다. 각 primer당 평균 12개의 밴드를 얻었으며, 총 144개의 밴드로 약 115개 (79.9%)의 polymorphic band와 29개 (20.1%)의 monomorphic band가 나타났다. 원추리속 (Genus *Hemerocallis*)의 RAPD primer 선발 (Han et al. 1998)시에는 32개의 primer에서 11개의 primer가 선발되었고, 참외와 멜론 (*Cucumis melo* L.)의 RAPD 분석 (Mo et al. 1998)에서 12개의 primer중 12개가 선발되는 등 다수의 결과들과 비교해 볼 때, 들깨는 사용 primer 수에 비하여 비교적 적은 수의 primer가 다형성을 제공하였다.

그러나 궁극적으로 다형성을 보이는 밴드를 고려할 때 들깨의 경우 총 144개의 polymorphic 밴드를 얻어 참외와 멜론의 연구 (Mo et al. 1998)에서 123개의 밴드를 그리고 고추 (*Capsicum annuum*)의 RAPD 분석 (Nam et al. 1998) 결과 93개의 밴드가 나타난 것과 비교해 본다면 비슷한 수의 밴드를 얻었다. 그러나 원추리속의 RAPD 연구 (Han et al. 1998)에서 70개의 밴드가 나타났고 구기자 (*Lycium chinense* Mill.)의 RAPD 분석 (Park et al. 1996)시 76개의 밴드가 나타난 것과 비교해 볼 때 다소 높은 수의 polymorphic 밴드를 나타내었다. 이러한 결과는 추후 들깨의 RAPD 분석을 통한 다형성 연구 및 유연관계, 형질과 관련된 유용 마커의 선발시 많은 다

A Bootstrap



B

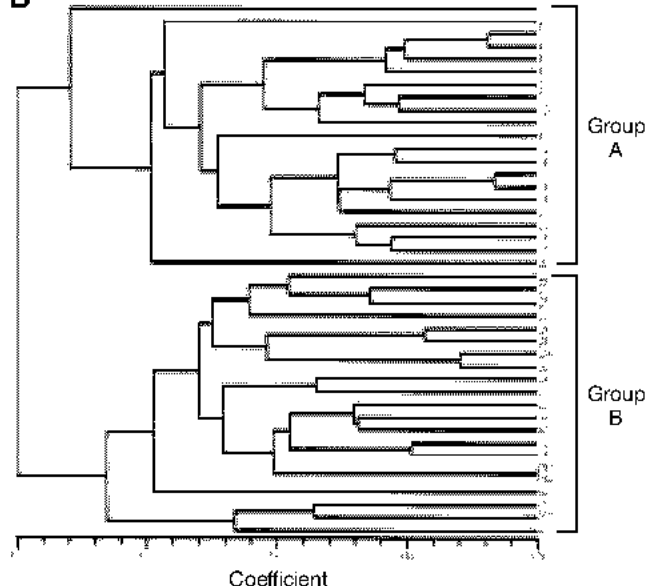


Figure 2. Analysis of the genetic relationships among 42 *Perilla frutescens* by (B) UPGMA method incorporated in NTSYS and (A) MP in PAUP.

양한 primer의 screening이 필요함을 의미한다.

총 144개의 밴드 중 polymorphism을 보이는 115개를 이용하여 UPGMA와 MP 분석을 실시한 결과, 사용된 들깨는 전반적으로 두 개의 그룹을 형성하였지만 각 품종의 마디수, 천립중, 유지함량 등의 농업형질과 관련하여서는 뚜렷한 구분이 되지 않았다. 그러나 전반적으로는 그룹 A에는 마디수가 많은 품종이, 천립중이 높은 품종이 그리고 유지함량이 높은 품종이 다수 포함되어 향후 추가적인 연구가 진척된다면 유전 및 육종연구에 유용한 기초자료가 될 수 있음을 확인할 수 있었다.

적 요

본 연구는 들깨 유전자원의 유전적 특성 분석을 위해 들깨 계통 및 품종의 유전적 변이를 DNA 수준에서 비교하고, 이들의 유전적 근연성 및 변이정도를 규명하여 육종의 기초자료로 제공하기 위하여 수행한 연구로 그 주요 결과는 다음과 같다. RAPD를 이용하여 국내에서 수집한 들깨 계통 및 품종의 DNA polymorphism을 관찰한 결과, 220개의 primer 중 13개의 변별력 있는 primer가 선발되었고, 이들 primer는 144개의 밴드를 나타냈으며 이 중 polymorphic 밴드는 115개였고, 29개는 monomorphic 밴드였다. UPGMA법에 의한 유사도 계수는 0~0.7842였고 유사도 계수 matrix를 이용한 유연관계의 분석결과 42 들깨 계통 및 품종은 크게 두 가지 그룹을 형성하였으며 이 결과는 전반적으로 MP법에 의해 얻어진 결과와 일치하였다. 농업형질인 마디수, 천립중, 유지함량과 이들 두 그룹과의 관련을 비교한 결과 전반적으로 그룹 A에는 마디수가 많은 품종이, 천립중이 높은 품종이 그리고 유지함량이 높은 품종이 다수 포함되어 있었으나 구체적으로는 이들 농업형질과의 밀접한 관련성을 확인하지 못하였다.

사사 - 본 연구는 2000년 동아대학교 학술연구 조성비의 지원에 의하여 이루어졌으며 이에 감사드립니다.

인용문헌

Baek IY, Yoon YH, Shin DC, Park GH, Hwang YH, Kim DU (1997) Analysis of genetic relationships among glycine species using RAPDs. Korean J Breed 29: 308-317
 Bligh EG, Dyer WJ (1959) A rapid method of total lipid extraction and purification. Can J Biochem Physiol 37: 911
 Bloch W (1991) A biochemical perspective of the polymerase chain reaction. Biochem 30: 2735-2747
 Felsenstein J (1985) Confidence limits on phylogenetics: an approach using the bootstrap. Evolution. 29: 783-791

Han HN, Cho JH, Kim HY (1998) Genetic variability in four daylily genus (*Heremercallis*) taxa using RAPD. J Kor Soc Hort Sci 39: 218-221
 Han WY, Jung CS, Kwon YC, Kim BJ, Kim HK, Kim HS, Kwack YH, Ko MS (2000) Genetic diversity among *Perilla* species using RAPD analysis. Korean J Breed 32: 6-11
 Heo NK, Park DH, Shim KM, Lee SY, Kim KS, Kim NS (1995) Protein and lipid contents of Kangwon local soybean and their RAPDs. Korean J Breed 27: 215-220
 Jeong DS, Kim DH (1988) 들깨 種子의 發芽生理에 관한 研究. 東亞 大學校 大學院 論文集. 第13:1-2
 Jeong SJ, Yang BK, Kim I, Park SH, Suh JK, Nam JS, Kim HK, Kim DH (2000) Optimization of RAPD-PCR conditions for onion (*Allium cepa* L.). Kor J Life Sci 10: 182-187
 Kwak TS (2000) Growth characteristics and cross affinity among collected *Perilla*-related genus and species. Korean J Breed 27: 35-139
 Lee YI, Kim JS, Shin IC, Kang KK (1996) Selection from γ -ray-induced Leaf Mutants in *Perilla frutescens*. Korean J Breed 28: 75-79
 Mo SY, Im SH, Go GD, Ann CM, Kim DH (1998) RAPD analysis for genetic diversity of melon species. Kor J Hort Sci & Tech 16: 21-24
 Mukai Y, Suyama Y, Tsumura Y, Kawahara T, Yoshimaru H, Kondo T, Tomaru N, Nam SH, Choi GW, Yoo IY (1998) Classification of *Capsicum annum* germplasm using random amplified polymorphic DNA. Kor J Hort Sci & Tech 16: 503-507
 Park SY, Kim H, Lee BC, Sung CK, Lim YP (1996) Identification and classification of *Lycium chinense* Mill. cultivars by RAPD analysis. Korean J Breed 28: 221-226
 Roy A, Frascaria, Mackay J, Bousquet J (1992) Segregation random amplified polymorphics (RAPDs) in *Betula alleghaniensis*, Theor Appl Genet 85: 173-180
 Saiki RK, Scharf S, Faloona F, Mullis KB, Horn GT, Erlich HA, Arnheim N (1985) Enzymatic amplification of β -globin genomic sequences and restriction analysis for diagnosis of sickle cell anemia. Science 230: 1350-1354
 Sneath PHT, Sokal PR (1973) Numerical taxonomy. p 216. WH. Freeman & Co., San Francisco, USA
 Sokal RR, Sneath PHA. (1963) Principles of numerical taxonomy, freeman, San Francisco (on disk). 359
 Swofford DL (1990) PAUP (phylogenetic analysis using parsimony) ver. 3.0. Illinois Natural History Survey. Champaign (on disk)
 Yang BK, Kim DH, Kim I, Yi YB, Suh JK, Nam J, Jeong SJ (2001) Analysis of genetic diversity of onion germplasm using RAPD. J Kor Soc Hort Sci 42: 5333-539
 Yang TJ, Park HG (1998) Optimization of the random amplified polymorphic DNA analysis procedure in *Capsicum annum* L. Korean J Breed 30: 204-211

(접수일자 2003년 5월 12일, 수리일자 2003년 8월 18일)