

한국과 몽고 일부 재배마늘의 유전적 변이와 재배종 특이적 RAPD 마커의 탐색

배성국, 정은아, 권순태*

안동대학교 원예육종학과

Genetic Variation and Identification of RAPD Markers from Some Garlic Cultivars in Korea and Mongolia

Seong Kuk Bae, Eun-A Jung and Soon Tae Kwon*

Dept. of Horticulture and Breeding, Andong Nat'l University, Kyungpook 760-749, Korea

Abstract - Twelve garlic cultivars collected from Korea and Mongolia were evaluated genetic similarity and diversity by RAPD method using oligo-nucleotide random primers. Genomic DNA isolated from twelve garlic cultivars were amplified by polymerase chain reaction using 143 primers, and 55 primers showed polymorphic DNA bands. Among a total of 187 bands amplified by 55 primers, 128 polymorphic bands were subjected to analysis for genetic relationship of garlic cultivars. Garlic cultivars were classified into three groups, such as group-I corresponded to Euseong, Seosan, Samchuk and Yecheon-A, Yechun-B, Euseong-norang, Jeongsun, Namdo, Yookback and Danyang cultivars, and group-II to Mongolia and group-III to Daeseo cultivars. Thirty DNA bands showing unique specificity to the specific cultivars are likely to be useful for identification of garlic local cultivars as DNA markers.

Key words - PCR, RAPD, polymorphic bands, identification of cultivars

서 언

마늘(*Allium sativum* L.)은 중앙아시아 남부지역이 기원지로 알려져 있으며, 인류가 작물을 경작하기 시작한 초기부터 재배되어온 것으로 추정하고 있다(Hwang, 1993; Lee, 1974). 인류의 조상은 마늘을 음식의 맛에 자극을 주기 위한 양념으로 이용하였을 뿐만 아니라, 함유성분의 뛰어난 항균성으로 식품의 보존성을 높이는 데도 이용하였다고 한다(Harn *et al.*, 1966; Hwang, 1993). 우리나라에 마늘이 도입된 시기는 명확하지 않으나 단군신화에 언급되는 것으로 보아 수 천년 전부터 재배되어 왔을 것으로 추정된다.

마늘은 영양변식에 의해 재배되는 작물로서, 오랜 시간 동안 재배지역의 환경에 적응하면서 다양한 유전변이를 획득했을 것이며, 이들 변이체는 인류문명의 발달로 사람의

이동이 잦아지면서 세계 각 지역으로 빠르게 전파되었을 것으로 추정하고 있다(Cheshmedhiev, 1973; Hwang, 1993). 우리나라에 재배되고 있는 마늘은 휴면성이나 맹아습성에 따라 크게 한지형과 난지형으로 구분되고 있으나 이들 생태형 간의 전파경로의 차이나 유전적 변이에 관하여는 알려진 바 없다(Hwang, 1993).

지금까지 마늘의 종을 분류하기 위한 형태적, 생리·생태적(Hwang, 1993; Kollman and Shmida, 1977; Lee, 1974), 세포학적(Cheshmedhiev, 1973; Harn *et al.*, 1966) 및 생화학적(Etoh and Ogura, 1981) 방법이 시도되었으며, 전 세계적으로 재배되고 있는 마늘종간에는 다양한 변이가 존재한다는 사실은 이미 잘 알려져 있다. 우리나라의 마늘은 한지형과 난지형이 뚜렷이 구분되는 생태형이 존재하는 것으로 보아 재배종 마늘 간에는 어느 정도의 유전적 다양성 존재할 것으로 추정된다.

본 연구는 우리나라에 주로 재배되는 마늘 11종과 몽고 종 1종을 수집하여 RAPD(Randomly amplified polymorphic

*교신저자(E-mail) : skwon@andong.ac.kr

DNA) 방법으로 이들의 유전적 변이를 조사하고, 각 지역 종간에 뚜렷한 차이를 나타내는 유전자 마커를 탐색하여, 이들 유전자를 국내 재배마늘의 분류지표로 이용하기 위한 시도로 수행되었다.

재료 및 방법

본 연구에 사용된 마늘은 12개 재배종이었으며, 국내종으로는 의성, 삼척, 서산, 예천(2종), 의성노랑, 정신, 육백, 단양, 대서 및 남도종이며, 국외종으로는 울란바트 농업연구중심으로부터 현지 분양받은 몽골종을 사용하였다. 각 국내 지방종은 의성군농업기술센터, 단양마늘시험장 및 원예연구소 등에서 수집한 것을 분양받아 사용하였다.

RAPD 분석을 위한 생체시료는 $25 \pm 1^\circ\text{C}$ 광조건에서 10 일간 맹아된 싹의 잎을 사용하였다. 식물의 잎으로부터 DNA의 추출은 CTAB법(Kwon and Oh, 1999)에 준하여 추출하였고, GeneClean kit(Bio-101 Inc., USA)를 이용하여 DNA를 순수정제 하였다. PCR(polymerase chain reaction)을 위한 반응조건은 주형 DNA 1 ng, 10 mM dNTP 2 μl , primer 10 nM 및 Taq 효소 0.3 unit였으며, 총 반응액은 20 μl 로 하였다. Primer는 Operon 및 Bioneer사로부터 구입한 총 143 개를 사용하였으며, 마늘 지방종간에 다형성 DNA밴드를 보이는 primer를 분석대상으로 하였다. DNA 증폭은 Minicycler TM(MJ Research)을 사용하였다. PCR 조건은 94°C 에 4분간 전처리 후, 94°C 에 1분, 38°C 에 1분, 72°C 에 2분간의 반응을 45회 반복한 다음 72°C 에서 4분간 반응시켰다. 증폭된 DNA는 1.2% agarose겔로 전기영동하여 밴드를 확인하였다. 모든 PCR 분석은 각각의 시료로부터 분리된 genomic DNA를 이용하여 3반복으로 실험을 수행하였다.

유연관계 분석을 위해 PCR 반응으로 증폭된 다형성 밴드를 각각 동일한 자격의 한 개 형질로 보아 밴드의 유무를 각각 1과 0으로 입력하였으며, cluster분석은 비가중산술통계방식을 채택하였다(Nei and Li, 1979; Ludwig and Reynolds, 1998). 수집종간의 유사성계수는 Nei and Li(1979)의 계산법을 기초로 하였으며, 통계적 분석에는 NISYS 프로그램(Applied Biostatistics, 2000, v2.1) 프로그램을 사용하였다.

결과 및 고찰

마늘 수집종에서 추출한 genomic DNA를 주형으로 하여

총 143개의 각각 다른 primer로 PCR을 실시한 결과, 21개 (14.7%) primer에서는 12개 마늘종 어느 곳에서도 증폭된 DNA밴드가 나타나지 않았고, 67개(46.9%) primer에서는 12종에 대한 DNA밴드가 모두 동일하였으며, 55개(38.5%) primer에서는 종간에 다형성(polymorphism)을 나타내는 DNA밴드를 보였다. Table 1은 다형성을 보인 55개 primer로부터 증폭된 DNA의 밴드 수와 크기를 나타내었다.

수집된 12종간에 다형성을 보인 55개의 primer에서 확인된 총 DNA밴드 수는 187개였으며, 그중 128개(68.5%)의 DNA밴드가 12종의 마늘종간에 다형성을 나타내었다. PCR에 의해 증폭된 DNA밴드의 크기는 100 bp 정도의 작은 DNA로 증폭되는 primer(GGGGGTTAGG)에서부터 2,000 bp 가 넘는 DNA로 증폭되는 primer(TTCCAGCAGA) 까지 다양하였으며, 증폭된 DNA수가 1개인 primer(GGAACCCACA 또는 CCTGTACCGA)에서 8개인 primer(TCGGTCATAG) 까지 다양하였다 (Table 1).

PCR에 의해 증폭된 DNA밴드 중 다형성을 보이는 밴드의 비율이 68.5%를 보인 것은 Kwon과 Oh(1999)가 마늘 지방종 9종의 RAPD 보고에서 다형성 DNA밴드의 비율이 83.5%라고 보고한 것보다 낮게 나타났으며, 종자식물인 벼 13개종의 조사에서 80%(Yu and Nguyen, 1994), 밀 12개종의 조사에서 77%(Hong and Park, 1996)인 것보다 낮게 나타났다. 다형성 DNA밴드의 비율은 종간의 유전적 변이 정도를 나타내는 중요한 기준이 될 수 있으나, 연구자에 따라 분석에 사용한 primer의 종류가 각각 다르다는 전제하에서는 다형성 밴드의 비율로 유전적 변이의 정도를 비교하는 것은 어려울 것으로 판단된다. 그러나 본 실험에서 마늘 지방종간에 다형성을 나타내는 DNA밴드가 상당수 존재하는 것으로 보아 마늘은 영양번식에 의해 재배되는 식물임에도 불구하고 재배마늘 간에는 상당한 유전적 변이가 존재하고 있음을 추정할 수 있다.

Nei와 Li(1979)의 방법에 따라 각각의 primer를 이용하여 PCR에 의해 증폭된 다형성 DNA밴드의 존재 유무를 각각 1 또는 0으로 표시하여 12종의 마늘간에 유전적 유사도 (genetic similarity, GS)를 계산한 결과는 Table 2와 같다. 서산종과 삼척종은 0.936의 GS값을 보여 가장 가까운 종으로 나타났고, 대서종과 몽골종간에는 GS값이 0.424를 보여 조사한 12개 마늘종 중에서 가장 유사도가 낮은 것으로 나타났다.

12개의 지방종간에 나타난 유전적 유사도를 바탕으로 비

Table 1. Nucleotide sequences of primers, number and size of PCR products amplified from genomic DNA of twelve garlic cultivars

Primer sequence (5'→3')	No. of bands (P/T)*	Size of PCR products(bp)	Primer sequence (5'→3')	No. of bands (P/T)	Size of PCR products(bp)
TGGTCGGGTG	3/3	260-675	CTGAGACGGA	1/3	580-977
GGACCTCTTG	1/3	415-1587	GTGATCGCAG	1/4	500-1030
GGAACCCACA	1/1	983	TACAACGAGG	2/5	321-782
TGAGGCGTGT	2/3	300-918	GTTTCGCTCC	2/4	490-1567
TGGCGCACAC	1/1	590	TGGATTGGTC	2/3	272-933
GGGGGGGGTT	2/3	423-980	GGACTGGAGT	6/6	179-1327
TTCCCTCCCA	3/3	321-710	TCGGTCATAG	8/8	391-1780
GTGCGCAATG	3/3	515-1453	TGCTCTGCC	3/3	430-2173
CCTGTACCGA	1/1	387	TAGCTAAGCG	5/5	454-1398
CCTACCGTGG	1/3	515-1453	GTCCACACGG	3/4	312-784
TCGCATCCAG	1/1	820	GATCATAGCG	7/7	223-1570
CTGGCGTGTC	1/2	797-980	ACATCCTGCG	2/5	502-1627
ACACCGATGG	2/3	60-310	GCCGCTACTA	1/3	751-1532
TTCCAGCAGA	3/5	191-2236	ATCTGCGAGC	2/4	493-1273
GTCGTCTGCT	4/4	240-720	CAAACGTCGG	1/4	827-1197
CCAGAACGGA	1/2	1421-1970	CAGCACCCAC	1/2	913-1327
TGCCGTGAGA	2/3	561-1282	TTCCGAACCC	1/4	442-1207
CCTCCTACGG	2/4	237-1576	CAGTGAGCGT	1/1	397
AGTCCGCCTG	1/2	810-2032	GTCACGGACG	2/4	505-1572
CAGGCCCTTC	2/4	420-1672	GCCATGCACG	4/4	432-1130
CAATCGCCGT	4/4	418-796	GACCGCAAGT	5/7	490-1983
AGGGGTCTTG	3/4	512-1297	CTTAGGGCAC	2/4	621-995
TCGGCGATAG	3/3	487-1321	CAGCACCCAT	1/1	1523
GAAACGGGTG	3/3	240-1277	CCTCTGACTG	2/3	532-1090
AGCCAGCGAA	3/3	391-1330	GAGGTCCACA	1/4	430-1521
GTGACGTAGG	1/2	864-1191	GGGGGTTAGG	4/4	103-535
TCCGCTCTGG	1/2	790-833	TCCCCAGGAG	2/4	610-1355
GGGTAACGCC	1/2	156-864	Total	128/187	

*No. of bands(P/T) : no. of polymorphic bands(P)/total no. of bands(T).

가중산술통계방식(Unweighted pair-group method with arithmetic mean, UPGMA; Ludwig and Reynolds, 1998)에 의해 집단분석을 실시한 phenogram은 Fig. 1과 같다. 마늘 지방종은 GS값이 0.71이상을 기준으로 보면 공시한 재배종 마늘은 3개의 그룹으로 나누어 졌는데, 제1그룹은 의성, 서산, 삼척, 예천-A, 예천-B종, 의성노랑, 정선, 남도, 단양 및 육백종 등으로 대서종을 제외한 한국에서 수

집된 모든 재배종이 포함되었으며, 제2그룹과 제3그룹은 각각 몽골종과 대서종 단독으로 나누어 졌다. 제3그룹으로 분류된 대서종은 1983년도에 스페인 마늘을 경남 창녕지역의 농민이 재배하던 것을 1985~1986년에 경상남도농촌진흥원에서 품종비교시험 결과 그 성능이 우수하여 1986년에 대서마늘로 명명하고, 1987-1988년 시범사업을 거쳐 보급된 품종이다(ORD Korea, 2001). 따라서 본 실험의 결과로

Table 2. Genetic similarity matrix of twelve garlic cultivars in Korea and Mongolia using Nei and Li's coefficients

Cultivars	ES	SC	SS	YA	YB	EY	JS	YK	DY	DS	ND
Euiseong (ES)	-										
Samchuk (SC)	0.816	-									
Seosan (SS)	0.864	0.936	-								
Yechun-A (YA)	0.824	0.864	0.896	-							
Yechun-B (YB)	0.824	0.832	0.880	0.856	-						
Euiseong-norang (EN)	0.840	0.880	0.896	0.888	0.904	-					
Jeongsun (JS)	0.840	0.848	0.896	0.856	0.888	0.904	-				
Yookback (YK)	0.800	0.808	0.856	0.832	0.864	0.880	0.880	-			
Danyang (DY)	0.800	0.824	0.856	0.832	0.864	0.880	0.880	0.856	-		
Daeseo (DS)	0.496	0.472	0.488	0.512	0.480	0.496	0.528	0.456	0.488	-	
Namdo (ND)	0.840	0.848	0.880	0.824	0.856	0.888	0.904	0.848	0.848	0.528	-
Mongolia (MG)	0.752	0.712	0.728	0.672	0.688	0.720	0.720	0.680	0.696	0.424	0.800

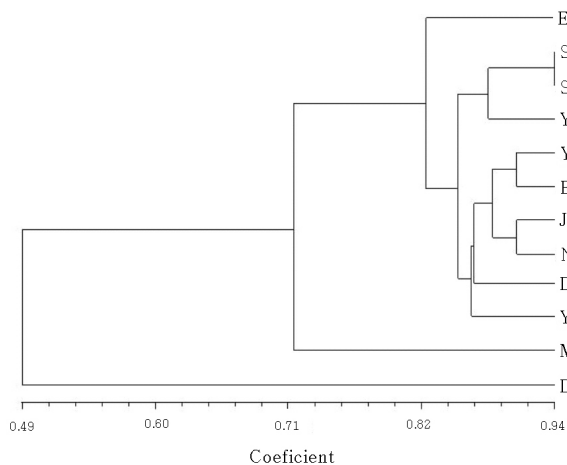


Fig. 1. UPGMA phenogram of 12 garlic cultivars based on RAPD analysis. Acronyms are the same as Table 2.

보면 제1그룹은 국내종 재배마늘이었고 제2그룹과 제3그룹은 각각 몽골종과 같이 외국종이거나 대서종과 같이 외국에서 도입된 종으로 분류되고 있다. 대서종이 우리나라에서 난지형 마늘로 재배되고 있으나, 또 다른 우리나라의 난지형 마늘인 남도종과는 유전적으로 차이가 있는 것으로 추정된다.

한편 GS값을 좀더 높여 0.86이상을 보면 우리나라에 재배되는 마늘도 3가지의 소그룹으로 나누어지는데, 제1소그룹은 의성종 단독으로 구분지어 졌고, 제2소그룹은 삼척, 서산 및 예천-A종이었으며, 소그룹3은 예천-B종, 의성노랑, 정선, 남도, 단양 및 육백종 등으로 구분되었다. 마늘의 재

배시기, 휴면성이나 맹아습성이 뚜렷이 구분되는 한지형과 난지형 마늘은 본 실험에서는 명확한 분류가 되지 않고, phenogram 상에서는 난지형 마늘인 남도종이 같은 난지형인 대서종과는 그룹되어 지지 않고 오히려 한지형에 그룹되어 지는 결과를 보였다(Fig. 1).

우리나라에 재배되고 있는 마늘의 지방수집종이나 생태형을 유전적으로 분류하기 위한 시도로 동위효소 전기영동법(Harn *et al.*, 1966)이나 핵형관찰법(Hong and Park, 1996) 등이 수행되었으나, 이들의 결과에서도 한지형과 난지형 종들이 동일한 그룹내에 서로 혼재하고 있어서 명확한 구분이 어려운 것으로 보고된바 있다. Hwang(1993)은 재배종 마늘의 생태형을 한지형, 난지형, 중간형으로 분류하였는데, 재배지의 겨울 온도조건에 따라 난지 또는 한지형의 특성을 나타내는 중간형이 존재함을 보고한 바 있다. 이는 마늘의 생태형이 한지형과 난지형의 극단적인 형태로 진화하여 온 것이 아니라 기후 특성상 중간형의 재배가 유리한 곳에는 양쪽의 형질을 공유하는 생태형이 존재하도록 적응해 온 것으로 추정된다.

본 실험에 사용된 RAPD 분석법은 마늘게놈을 구성하는 DNA의 염기서열을 바탕으로 임의의 primer를 이용하여 PCR을 실시하는 방법으로 단백질분석이나 동위효소 전기영동법 및 핵형관찰법에 비해 각 지방에서 수집된 재배종에 특이성을 가지고 있다고 할 수 있다. 본 실험의 결과로 마늘 지방종 중 난지형과 한지형 마늘간의 뚜렷한 구분기준을 찾을 수 는 없었으나, 우리나라에서 재배되고 있는 마

Table 3. Estimate size of specific bands identified by RAPD

Cultivars	Primer number	Primer sequence(5'→3')	No. of specific band	Estimate size of specific bands(bp)
Euiseong	1	CAGGCCCTTC	2	1,672, 981
	2	TCGGTCATAG	1	1,015
Samchuk	3	GGGGGTTAGG	1	535
Yechun A	4	CAATCGCCGT	2	697, 547
Yechun B	5	TTCCAGCAGA	3	2,236, 1,272, 191
	6	GCCGCTACTA	1	751
Euiseong-norang	7	GGAATGGAGT	2	92, 487
Jeongsun	8	GGGTAACGCC	1	861
Yookback	9	GATCATAGCG	1	233
Daeseo	10	GGAACCCACA	1	983
	11	TGAGGCGTGT	1	391
	12	GGGGGGGGTT	2	1,037, 586
	13	CAATCGCCGT	2	761, 196
	14	TACAACGAGG	2	782, 635
	15	CAAACGTCGG	1	1,080
	16	CCTCTGACTG	2	1,090, 832
Namdo	17	ATCTGCGAGC	1	860
Mongolia	18	GTGACGTAGG	1	864
	19	TCGGTCATAG	1	321
	20	TTCCGAACCC	1	1,207
	21	CAGTGAGCGT	1	397

늘 지방종의 다양한 유전적 변이는 관찰할 수 있었고, PCR에 의해 증폭된 DNA들의 밴드가 각 종에 특이성을 나타내는 것이 상당수 존재하고 있음을 알 수 있었다.

RAPD 분석에 의거 PCR로 증폭된 DNA 중 각 지방종에만 특이적으로 나타나는 밴드들을 조사하였다(Table 3). 분석에 사용된 총 143개의 primer 중 21개의 primer에서 어느 특성의 종에만 특이적으로 나타나는 DNA 밴드가 확인되었다. 그 중 대서종에 특이성을 보이는 primer가 7개로 가장 많았으며, 몽골종에서도 4종의 primer가 특이성을 보였고, 12개의 지방종 중 10개의 지방종에서 특이성을 보이는 DNA 밴드가 확인되었다. Table 3의 결과에 의하면 PCR에 의해서 나타난 DNA밴드 차이로 지방종 마늘의 구분이 가능할 수 있다는 것을 보여준다. 예를 들어 1번 primer(CAGGCCCTTC)로 증폭한 DNA중 1,672 및 981 bp인 밴드와 2번 primer(TCGGTCATAG)로 증폭된 1,015 bp인 밴드는 의성종에만 나타나고 다른 11개 종 어느 곳에서 나타나지 않았다. 따라서 이 두 종류의 primer는 다른 마늘종과 의성종을 구분하는 DNA 마커로의 사용이 가능할 것으로 판단된다. 한편 Table 3에서 보면 primer 2번과 19번은 동일

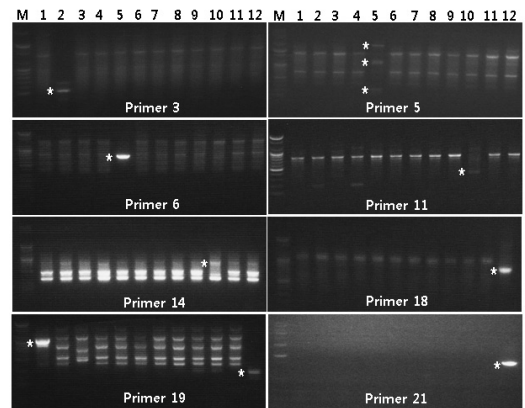


Fig. 2. RAPD profiles generated from twelve garlic cultivars using various primers. Specific bands to the cultivars marked with asterisk. M: marker, Lane 1; Euiseong, 2; Samchuk, 3; Seosan, 4; Yechun A, 5; Yechun-B, 6; Euiseong-norang, 7; Jeongsun, 8; Yookback, 9; Danyang, 10; Daeseo, 11; Namdo, 12; Mongolia. Primer number refers to Table 3.

한 primer(TCGGTCATAG)이나 1,015 bp 밴드는 의성종에, 321 bp 밴드는 몽골종에 특이성을 나타내는 것으로 나타났다(Table 3, Fig. 2).

Fig. 2는 마늘의 지방종에 뚜렷한 특이적 밴드를 보인 primer로부터 PCR 증폭된 DNA 밴드를 사진으로 나타낸 것이다. 각 종에 대하여 특이한 다형화 밴드를 보이는 밴드를 이용하여 종의 구분이 가능할 수 있다. 그 예를 보면, 3번 primer(GGGGGTTAGG)를 이용할 경우 535 bp DNA 밴드로 삼척종의 구분이 가능하며, 5번 primer(TTCCAGCAGA)를 이용할 경우 2,236 bp, 1,272 bp 및 191 bp 밴드를 이용하여 예천-B종의 구분이 확실하게 된다. 한편 6번 primer는 예천-B종, 11번 및 14번 primer는 대서종, 18번, 19번, 21번 primer는 몽골종의 구분이 가능하게 된다(Fig. 2).

마늘은 인류에게서 긴 재배역사를 가진 작물중의 하나로 알려져 있고, 유통과정에서 상당히 먼 거리까지 이동되며 전파의 속도가 매우 빨랐던 식물로 알려져 있다(Cheshmedhiev, 1973; Hwang, 1993). 따라서 같은 재배지역이라도 세계 각지의 다른 지역에서 유래된 마늘이 혼재되어 재배되고 있는 재배될 가능성이 높은 것으로 추정된다. 특히 마늘을 재배하는 농민들은 인근의 다른 지역에서 재배된 마늘 종구를 구입하여 재배하는 경향이 있고, 주아재배나 조직배양에 의해 우량 씨마늘이 전국적으로 보급되고 있으므로, 우리나라에 재배되는 마늘은 지역적으로 고립된 것이 아니라 상호 이동이 빈번하여 상당히 섞여있을 것으로 생각된다. 그러므로 동일한 지역에서 수집한 예천종 마늘의 경우도 수집당시 뚜렷한 형태적 차이를 발견할 수 없었음에도 불구하고 예천-A종과 예천-B종은 동일한 PCR 패턴을 보이지는 않았다.

최근 농산물의 수입자유화로 외국종 마늘의 수입이 확대되고 있어 우리나라 마늘과 외국마늘을 구분할 수 있는 방법이 강구되어야 한다. 본 연구에서 밝혀진 DNA 마커들이 수집된 지역의 종을 구분할 수 있는 결정적 단서를 제공하기에는 몇 가지의 해결과제가 남아있다. 특히 본 실험에 사용된 마늘 지방종이 그 지역을 대표할 수 있는 객관적인 종이라는 것이 명확해야한다. 그러나 동일한 지역에서도 많은 변이종이 섞여서 재배되는 현실에서 어느 지역을 대표하는 마늘이라고 단정 짓기는 어렵다. 따라서 지방종을 무시하고 DNA 마커를 중심으로 마늘을 재분류 하는 방법이 필요할 수도 있을 것으로 생각된다. 따라서 본 실험에서 밝혀진 DNA 마커를 이용하여 우리나라 지방종 마늘을 분류하는 방법의 개발을 시도하고 있다.

적 요

국내외에서 재배되는 12종의 마늘을 수집하여 총 143개의 임의의 primer를 이용하여 RAPD분석을 실시한 결과 55개의 primer로부터 종간에 다형성을 보이는 DNA 밴드가 나타났다. RAPD에 의해 다형성을 보인 55개의 primer에서 확인된 총 DNA 밴드 수는 187개였으며, 그 중 128개(68.5%)가 12종의 마늘 지방종간에 다형성을 나타내었다. PCR에서 다형성을 보인 DNA 밴드를 대상으로 집단분석을 실시한 결과 유전적 유사도가 0.71이상에서 3개의 그룹으로 나누어 졌는데, 제1그룹은 의성, 서산, 삼척, 예천-A, 예천-B종, 의성노랑, 정선, 남도, 단양 및 육백종 등으로 대서종을 제외한 한국의 재배종이 모두 포함되었으며, 제2그룹과 제3그룹은 각각 몽골종과 대서종 단독으로 나누어 졌다. 종 특이적으로 DNA 밴드를 나타내는 primer를 분석한 결과 21개 primer에서 30개의 DNA 밴드가 어느 특성의 지방종에만 나타나는 것으로 확인되어, 지방종 마늘 10종을 구분할 수 있는 30개의 RAPD 마커가 확인되었다.

사 사

이 논문은 2009년도 한국과학재단 지역대학우수과학자 지원사업(20090063946)에 의해 수행되었습니다.

인용문헌

- Cheshmedhiev, I. 1973. A cytotaxonomic investigation of the cultivated *Allium* species in Bulgaria. *Genetikai Seleksiya* 6:283-294.
- Etoh, T. and H. Ogura. 1981. Peroxidase isozymes in the leaves of various clones of garlic, *Allium sativum* L. *Mem. Fac. Agri. Kagoshima Univ.* 17:71-77.
- Harn, C., D. Chung and B. Kim. 1966. Studies on the karyotypes of *Allium sativum*. *J. Kor. Soc. Hort. Sci.* 2:58-67.
- Hong, B.H. and C.S. Park. 1996. Phylogenetic analysis of wheat near-isogenic lines for culm length with RAPD marker. *Kor. J. Breeding* 28:420-428.
- Hwang, J.M. 1993. Genetic divergence and classification of garlic cultivars by multivariate analysis. *J. Kor. Soc. Hort. Sci.* 33:257-264.
- Kollmann, F. and A. Shmida. 1977. *Allium* species of Mt. Hermon. I. *Taxonomy. Israel J. of Botany* 26:128-148.

- Kwon, S.T. and S.M. Oh. 1999. Genetic relationship among garlic cultivars based on RAPD analysis. *Kor. J. Life Sci.* 9:671-676.
- Lee, W.S. 1974. Studies on dormancy of Korean local garlics. *J. Kor. Soc. Hort. Sci.* 15:257-264.
- Ludwig, J.A. and J.F. Reynolds. 1998. *Statistical Ecology*. (eds) John Wiley and Sons. pp. 165-202.
- Nei, M. and W.H. Li. 1979. Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonuclease. *Proc. Natl. Acad. Soc. USA.* 76:5269-5273.
- Yu, L.W. and H.T. Nguyen. 1994. Genetic variation detected with RAPD markers among upland and lowland rice cultivars (*Oryza sativa* L.). *Theor. Appl. Genet.* 87:668-672.
- ORD Korea. 2001. *Standard Cultural Practices-Garlic*. Office of Rural Development pp.74-75p (in Korean).

(접수일 2010.6.7; 수락일 2010.10.17)