

nrDNA의 ITS 지역 분석을 통한 국내 쑥속 식물의 계통학적 연구

농촌진흥청 국립원예특작과학원, 인삼특작부 :

이정훈, 이제완, 방경환, 장현도, 박춘근, 안영섭, 박충범, 박호기, 성낙술

농촌진흥청 국립농업과학원, 농업유전자원 센터 : 성정숙

경성대학교 생물학과 : 문성기

Phylogenetic analysis of Artemisia spp. based on ITS region of nrDNA

National Institute of Horticultural & Herbal Science, R.D.A. :

Jeong-Hoon Lee, Jei-Wan Lee, Kyong Hwan Bang, Hyun-Do Jang, Chun-Geon Park,

Young-Sup Ahn, Chung-Berm Park, Ho-Ki Park, Nak-Sul Seong

National Academy of Agricultural Science, R.D.A. : Jung Sook Sung*

Departement of Biology, Kuyungsung University : Sung-Gi Moon

실험목적

한국의 쑥속 식물들은 약 41종이 분포한다고 기록되어 있으며, 그 중 황화호(개똥쑥), 청호(개사철쑥), 애엽(쑥; 황해쑥), 인진(사철쑥; 더위지기), 모호(제비쑥), 암려(맑은대쑥), 유기노(물쑥), 백호(흰쑥) 등이 약용으로 이용되고 있다(정과 김, 1990). 이러한 약용 쑥속 식물은 방향유를 생산함으로써, 향수, 향신료 등의 생산원료로 이용되며, 개똥쑥, 큰비쑥, 참쑥 등의 추출물은 약용으로 개발하기 위한 연구가 활발히 이루어졌다. 또한, 강화약쑥은 최근 항비만, 항동맥경화, 혈당개선, 항암, 간장보호 등의 효능에 대하여 실험을 통해 입증 하였으며, 항염 및 항알레르기 효과가 있는 크림 (Cream)이 시판 중에 있는 등 (인천시, 2007), 식품, 화장품, 의약품으로서 광범위하고 다양한 산업분야에서 응용되고 있다 (Lee & Lin, 1988; Xu *et al.*, 1989). 그러나 이러한 광범위하고 다양한 산업분야에서 응용되고 있는 쑥속 분류군들은 타가생식을 유도함으로써 현재까지도 비교적 새롭게 진화하고 있는 종인만큼 형태적 변이가 심하여 동정, 분류하는데 다소 어려움을 가지고 있음으로써 약초개발에 대한 한계를 느끼고 있는 실정이다. 또한, 따라서, 본 연구는 신작물개발에 있어 쑥분류군의 식물종에 대한 기초자료를 확보하고자 nrDNA의 ITS 연구를 통해 계통학적 분석을 수행하였다.

재료 및 방법

○ 실험재료

2007년 3월부터 2007년 11월까지 한반도 남한을 중심으로 수집되었으며, 본 연구에 사용된 재료의 개체는 ITS 지역에 대하여 3개의 outgroup을 포함하여 총 24분류군을 이용하였다.

○실험방법

각 지역으로부터 채집한 식물체의 생엽을 이용하여 DNA 추출한 후, 핵 Ribosomal DNA 의 ITS1, ITS2 지역 및 5.8S 지역의 PCR 증폭 산물을 얻기 위하여 18S rDNA 지역에서 제작된 ITSF (Kim et al., 2007)와 ITS4 (White et al., 1990) 조합을 이용하였다. 또한, ITS 지역의 염기서열은 Bioedit 프로그램을 이용하여 편집하였고, no gap으로 저장한 후 ClustalX 프로그램으로 염기서열을 정렬하였다. . 계통학적 분석은 MEGA4 프로그램을 이용하여 Neighbor-joining (NJ), Maximum parsimony (MP), Minimum Evolution (ME) 기법으로 분계도를 작성하였다.

실험결과

핵의 ribosomal DNA는 일반적으로 게놈에서 다중 반복의 cistron (18S rRNA-ITS1-5.8S rRNA-ITS2-26S rRNA)으로 존재하였고 (Wen and Zimmer, 1996), 3 개의 rRNA를 coding 하는 지역은 매우 보존적으로 존재하는 반면, 식물계의 종 수준에서 ITS1과 ITS2지역의 염기서열의 상동성은 극히 적으며, 쑥속 식물에서도 각각의 분류군으로의 분화에 있어, ITS1과 ITS2지역의 변이 양상과 유사한 방향을 형성하고 있음을 알 수 있다. 또한, nrDNA의 ITS를 이용하여 분계도를 작성한 결과, Sect. *Dracunculus*가 하나의 분계조를 형성함으로써 Torrell et al., Watson et al., Vallès et al., Ling 등이 독립된 절 또는 아속으로 보는 견해와 일치 하는 결과를 보였다. 또한 ITS Phylogenetic analysis (MP, NJ)에서 Sect. *Dracunculus*의 분류군들이 가장 먼저 분기됨에 따라 쑥속 분류군들 내에 다소 원시적인 집단이거나 (Vallès et al., 2003), Genus *Artemisia* s. l. 내에 Sect. *Artemisia* s.str., Sect. *Abrotanum*, Sect. *Absinthium*의 그룹 (Group)과 Sect. *Dracunculus*의 그룹이 한 점에서 동시에 각기 다르게 파생된 것으로 사료된다.

ITS Phylogenetic analysis 통한 결과로 볼 때 강화약쑥은 분류 및 계통학적으로 Sect. *Artemisia* s.str.에 속하며, 기원은 쑥과 황해쑥이 혼입되어 혼동되는 것으로 사료된다. 따라서, 강화약쑥의 기원은 강화군 농업기술센터에서 선발되어 재배되는 개체와 강화도 내에 강화약쑥을 재배하는 농가들의 개체들을 수집하여 형태적, 분자적으로 정확한 분석이 필요할 것으로 사료된다.

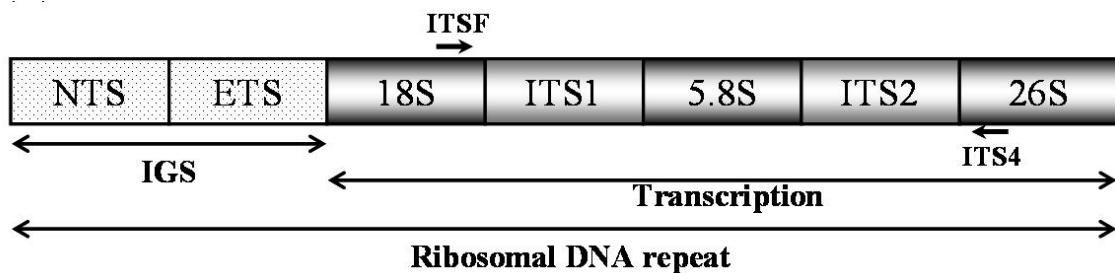


Fig. 1. A diagram of the nuclear Internal transcribed spacer, arrows indicate the positions and directions of the primers used for ITS.