

ITS, *trnL*-F 염기서열을 이용한 한약재 하고초 (*Prunella* Spike)의 기원 및 유연관계
경희대학교 : 배갈마, 김명겸, 노중훈, 양덕춘*

Phylogenetic Analysis of *Prunella* Spike (Ha-go-cho) on the
Basis of ITS and *trnL*-F Sequences

Korean Ginseng Center for Most Valuable Products & Ginseng Genetic Resource
Bank, Kyung Hee University

Baigalmaa Jigden, Myung Kyum Kim, Jong-Hun Noh, Deok-Chun Yang*

Objectives

하고초 (*Prunella* Spike)는 널리 사용되어지는 한약재로서 한국에서는 그 기원식물이 *Prunella vulgaris* L. var. *Lilacina* Nakai 또는 하고초 *Prunella vulgaris* Linne (꿀풀과 Labiatae)의 꽃대가 하고초로 승인되어 유통되어지고 있다. 하고초의 엽록체 DNA인 *trnL*-F 염기서열과 핵 DNA인 Internal Transcribed Sequence (ITS) 염기서열 분석을 통하여 하고초로 유통되고 있는 한약재의 기원 및 유연관계를 확인하였다.

Material and methods

○ 식물재료

작물과학원에서 채취한 하고초 식물체와 현재 시중에서 유통되고 있는 하고초 (한국산, 중국산) 한약재를 구입하여 액체질소로 얼린 후 유발에서 마쇄하고 Invisorb Spin Plant Mini DNA isolation kit (Invitek 社)를 이용하여 DNA를 추출하였다. agarose gel과 UV spectrophotometer를 이용하여 분석 및 정량하였다.

○ 실험 방법

trnL-F 염기서열을 분석하기 위해, *trnL*-F 영역의 universal primer인 c와 f 프라이머를 이용하여 PCR 증폭을 pre-denaturation 96°C, 2 min; denaturation 96°C, 30 sec; annealing 60°C, 30 sec; extension 72°C, 60 sec; 36 cycles 조건으로 수행하였고, ITS 염기서열을 분석하기 위해, ITS 영역의 universal primer인 p1과 4R 프라이머를 이용하여 PCR 증폭을 pre-denaturation 96°C, 2 min; denaturation 96°C, 30 sec; annealing 50°C, 30 sec; extension 72°C, 2 min; 36 cycles 조건으로 수행하였다.

얻어진 하고초의 염기서열을 NCBI에서 Blast를 수행하였다. 계통수를 그리기 위하여 BioEdit 프로그램으로 식물체의 염기서열들을 편집하였고, ClustalX 프로그램으로 염기서열을 정렬하였다. Phylogenetic tree는 MEGA4 프로그램을 사용하였다.

주저자 연락처 : 양덕춘 E-mail : dcyang@khu.ac.kr Tel: 010-2483-5434

Results

○ 수집된 생체 및 한약재의 ITS 염기서열을 비교분석 한 결과, 크게 3 group으로 나누었다. 시중에 유통되고 있는 대부분의 한약재는 *P. vulgaris*과, *P. asiatica* 종이라는 것을 확인할 수 있었다.

○ phylogenetic tree를 이용한 *Prunella* 속 식물을 분석한 결과, *P. asiatica*는 3 group하고 초하고 매우 가까운 근연관계를 보였으며 이는 동일한 한약재로서의 효능을 할 수 있다는 것을 뒷받침 해주고 있으며 식약청의 새로운 규격 개정의 가이드라인을 제시할 수 있을 것으로 사료된다.

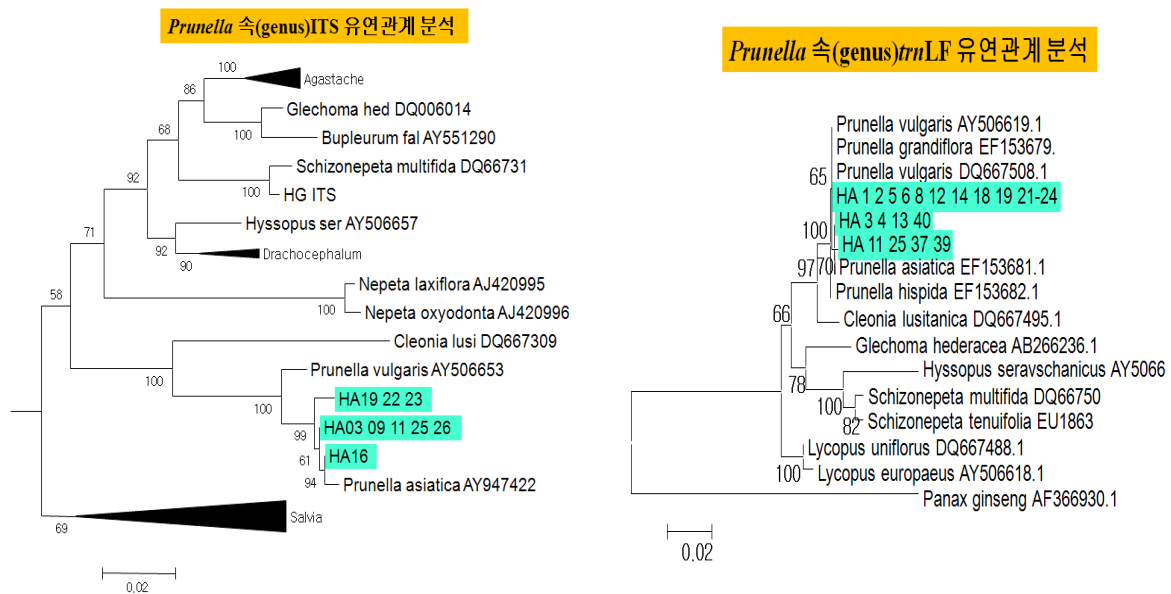


Fig. 1. The Neighbor-joining tree of ITS and *trnL*-F sequences of species belonging to various species in genus *Prunella*.