

# rDNA의 ITS 부위 염기서열 분석에 의한 잎새버섯(*Grifola*)속 균주의 유전적인 유연관계 분석

이찬중\*, 전창성, 정종천, 공원식, 서장선  
농촌진흥청 국립원예특작과학원 버섯과

## Phylogenetic relationships of genera *Grifola* on the basis of ITS region sequences

Chan-Jung Lee\*, Chang-Sung Jhune, Jong-Chun Cheong, Won-Sik Kong and Jang-Sun Suh

Mushroom Research Division, National Institute of Horticultural & Herbal Science,  
RDA, Suwon 441-707, Korea

(Received June 12, 2012, Revised June 19, 2012, Accepted June 21, 2012)

**ABSTRACT:** This study was carried to identify a correct species and assess genetic diversity within the same species of *Grifola* spp. preserved in Division of applied Microbiology. Contaminated isolates showed different growth rates, morphology and color of hyphae. We have reconstructed the phylogenetic tree of a select group of *Grifola* spp. using nucleotide sequences of the internal transcribed spacer region(ITS) region. The phylogenetic tree was constructed by using the neighbor-joining method. PELF primers of 20-mer were used to assess genetic diversity of preserved isolates. Sequence analysis showed that four strains were identified completely different nomenclature. According to the analysis of ITS sequences, the genus *Grifola* clustered into one group, most of which correlated with species-groups identified by RAPD method. Eight isolates included strain GM01 showed high similarity with *Grifola frondosa*. All isolates were collected in the Japan(GM01, GM02, GM03) was identified as *Grifola frondosa* and isolates of the China(GM05, GM06, GM08) was identified as *Bjerkandera fumosa*, *Grifola frondosa* and *Dichomitus squalens*, respectively. RAPD analysis of genetic polymorphisms of genus *Grifola* showed a very different band patterns on the isolat. As the result of RAPD and ITS region sequences analysis for preserved isolates, it seems likely that 4 isolates of *Grifola* spp. may be need to reclassify or eliminate from preserved catalogue.

**KEYWORDS :** Internal transcribed spacer region, Mushroom, Phylogenetic tree, RAPD analysis, *Grifola* spp.

## 서 론

국내 버섯은 현재 992종이 분류(정, 1993) 되어 있으며, 그 중 식용 가능한 버섯이 100여종, 독버섯은 50여종이며, 맹독성을 가진 버섯이 20여종으로 확인되었고(Lee, 1990; 박, 1991), 약용으로 사용하는(許, 1981; 水野 등, 1992) 버섯은 35과 82속 162종으로 보고(Ahn, 1992)되어 있으나, 그 나머지 버섯은 아직 확인된 바가 없다. *Grifola*속은 잎새버섯(*Grifola frondosa*)과 같이 몇몇의 식용가능한 버섯을 포함하고 있고, 작은 암탑과 닭았다고 하여 'hen of the woods' 로 알려져 있으며, *Laetiporus sulphureus* 와 유사하여 혼동하지 말아야 한다(Lincoff, 1981). 잎새버섯은 민주름버섯목 왕잎새버섯과(Meripilaceae)에 속하는 담자균으로 나뭇잎속에서 발견되거나 가을에 졸참나무, 물푸레나무의 뿌리에 사물기생하여 다발로 발생하는 백색 목재부후균으로 한국, 유럽, 북미 등에 널리 분포하고 있다. 이 버섯은 45kg의 큰 자실체를 형성하고 미국에서

는 가을에 가장 인기 있는 식용버섯 중의 하나로 알려져 있다. 잎새버섯은 식용이면서 약리작용이 뛰어난 기능성 버섯으로 면역력을 증가시키고(Wu 등, 2006), 암세포억제, 혈당강하작용, 콜레스테롤 억제작용, 항산화작용 등이 있는 것으로 알려져 있다(Kodama 등 2005; Talpur 등 2002; Fukushima 등 2001; Mau 등, 2002). 균류의 분류는 형태적 특징과 유성번식체의 발달양식을 기초로 하여 수행되어 오고 있으며, 국제식물명명규약(International Code of Botanica Nomenclature)에 따르고 있다. 그러나 1990년 초반에 탄생한 균류분자계통분류학(fungal molecular systematics)은 핵산염기서열인 ribosome DNA의 염기서열과 같은 분자 수준에서 균류의 유연관계나 계통진화(phylogeny)를 설명하고 있으며, 이들을 바탕으로 분류체계의 재편은 매우 유용적이라고 할 수 있다. 농업과학기술원 응용미생물과에 보존되어 있는 균주는 외국에서 도입되었거나 국내에서 수집된 버섯에서 분리한 균주들로 수집 당시 자실체의 형태적인 특징만으로 동정하여 보존하는 경우가 많았고, 외국에서 들어오는 균주, 또한 확인되거나 인증된 기관의 균주들이 아닌 출처가 명확하지 않은

\* Corresponding author (lchanj@korea.kr)

**Table 1.** Fungal isolates used in this study

Strain no.	Scientific name	Source
ASI9004	<i>Grifola frondosa</i>	Japan
ASI9006a	<i>Grifola frondosa</i>	Japan
ASI9015	<i>Grifola frondosa</i>	Japan
ASI9035b	<i>Grifola frondosa</i>	Korea
CFR01	<i>Grifola frondosa</i>	China
CFR02	<i>Grifola frondosa</i>	China
A11833	<i>Grifola frondosa</i>	Korea
ASI103003	<i>Grifola umbellata</i>	China
ASI16009	<i>Coriolus hirsutus</i>	Korea
ASI87002	<i>Bjerkandera adusta</i>	Jeannam

alpsae no.1, bKCTC 26148(CBS 317.29).

균주가 많았다. 따라서 본 연구는 보존되어 있는 잎새버섯 (*Grifola*)속의 rDNA ITS 영역의 염기서열을 분석하여 이들 균주들의 분류학적 위치와 계통분류학적인 유연관계를 분석하고 RAPD분석에 의한 유전적 다형성을 조사한 결과를 보고하고자 한다.

## 재료 및 방법

### 시험균주 및 배양조건

본 시험에 사용한 균주는 2006년 농업과학기술원 응용미생물과에 보존하고 있는 *Grifola*속 10균주를 사용하였다(Table 1). 균주의 배양은 PDA(Potato Dextrose Agar, Difco)을 사용하였고, 25°C의 항온기에서 약 15일간 배양하였다. 시험균주들은 멸균증류수 튜브에 옮겨 상온에 보관하면서 실험에 사용하였다.

### 염색체 DNA 추출

*Grifola*속 균주로부터 염색체 DNA 추출은 PDA배지(potato dextrose agar)에서 7일간 배양한 균사체를 수확하여 동결건조한 후 소량을 2ml 튜브에 넣고 마쇄한 뒤 1ml CTAB solution [2% CTAB(w/v), 100mM Tris-HCl(pH 8.0), 20mM EDTA(pH 8.0), 1.4M NaCl, 1% PVP(polyvinylpyrrolidone)]에 현탁한 후 60°C에서 40분 동안 반응시켰다. 반응 후 12,000 rpm에서 10분간 원심분리하여 상등액을 회수하여 Rnase와 Proteinase K 50을 첨가 후 37°C에서 40분간 반응시켰다. 여기에 같은 양의 Phenol/CHCl<sub>3</sub>/Isoamyl alcohol을 넣고 골고루 섞어주었다. 그리고 12,000 rpm에서 10분간 원심분리하여 상등액을 회수하고 같은 양의 CHCl<sub>3</sub>/Isoamyl alcohol을 첨가하여 골고루 섞어 준 후 다시 12,000 rpm에

서 10분간 원심분리하여 상등액을 회수하였다. 여기에 1/10량의 NaOAc(CH<sub>3</sub>COONa, 3M, pH 5.2)을 첨가하고 총량의 2.5배량의 100% 에탄올을 첨가한 후 -70°C에서 1시간 동안 두었다. 그리고 12,000rpm에서 10분간 원심분리하여 상등액을 조심스럽게 버리고 70% 에탄올을 첨가한 후 다시 12,000rpm에서 10분간 원심분리하여 상등액을 버리고 건조한 후 멸균한 3차 증류수에 DNA를 녹여 4°C에 보관하면서 실험에 사용하였다.

### rDNA의 ITS 영역 증폭과 유연관계 분석

각 균주로부터 추출한 염색체 DNA에서 rDNA의 ITS(internal transcribed spacers)영역을 증폭하기 위하여 ITS1(5' -TCCGTTAGGTGAACCTGCG-3')과 ITS4(5' -TCCTCCGCTTATTGATATGC-3')의 universal primers를 사용하였다(White 등, 1990). PCR 증폭은 15ng의 genomic DNA, 각 0.5 pmol의 primer, 200μM dNTP, 2.5 unit의 Taq DNA polymerase, 10mM Tris-HCl, 50mM KCl, 1.5mM MgCl<sub>2</sub>에 증류수를 첨가하여 최종 volume을 30μl로 하였다. DNA 증폭은 initial denaturation을 94°C에서 2분간 실시하고, denaturation 40초(94°C), annealing 1분(58°C), extension 1분(72°C)으로 30cycle을 반응시키고 마지막으로 72°C에서 5분간 incubation 하였다. 증폭된 DNA는 1.5% agarose gel에서 전기영동을 하여 확인 후 sequencing을 수행하였다. 균주간 유연관계 분석을 위한 염기서열의 분석은 ClustalW 분석프로그램(Thompson 등, 1994)을 사용하였다. Jukes와 Cantor(1969) 방법을 이용하여 evolutionary distance matrix를 작성하고, MEGA 4의 Neighbor-joining 방법을 이용하여 계통수를 작성하였으며, tree의 안정성은 1000 반복의 bootstrap 분석으로 조사하였다.

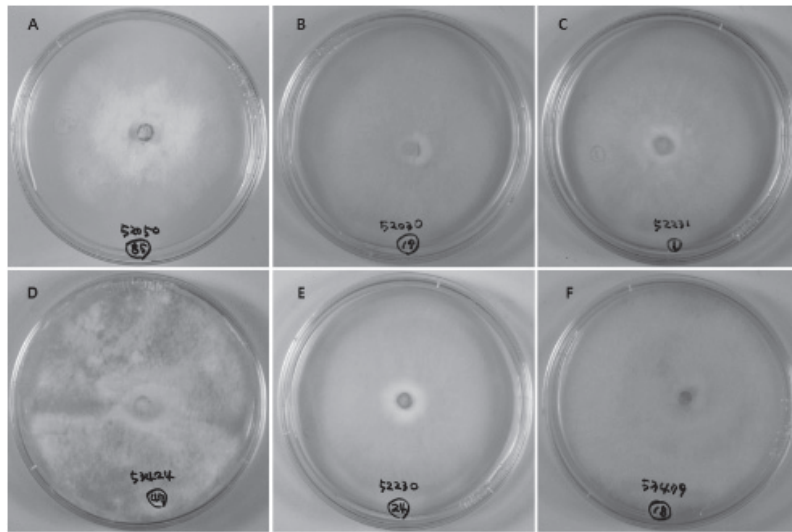


Fig. 1. Cultural and morphological characteristics of genus *Grifola*. Original identification (Molecular identification): A: *G. frondosa*(*G. frondosa*), B: *G. frondosa*(*G. frondosa*), C: *G. frondosa*(*G. frondosa*), D: *G. frondosa*(*G. frondosa*), E: *G. frondosa*(*Bjerkandera fumosa*), F: *G. umbelluta*(*Dichomitus wqualens*).

### RAPD에 의한 다형성 분석

다형성 분석을 위하여 각각의 균주에서 추출한 염색체 DNA를 RAPD-PCR 방법을 이용하여 증폭하였다(Williams 등, 1990). Primer(20 mer)는 시제품으로 PELF을 구입하여 사용하였다. PCR은 94°C에서 4분간 pre-heating시킨 다음, 94°C 1분간 denaturation, 55°C에서 40초간 annealing, 72°C에서 2분 동안 extension을 1cycle로 하여 총 40cycles를 반응시킨 후 4°C에서 유지하였다. PCR산물은 1.2% agarose gel에서 90 volt로 loading한 후 UV transilluminator lamp 상에서 밴드를 관찰하였다.

### 결과 및 고찰

보존중인 유관버섯속에 대한 온도, pH, 배지종류 등에 따른 배양적 특성과 균사의 생육모양, 균총의 색깔 등을 조사하여 2가지 이상 균주가 섞여 오염된 균주는 실험에서 제외시켰다(자료생략). 이들 실험 균주 중 *Grifola*속으로 동정된 균주를 선발하여 배양적 및 형태적 특성을 조사하여 비슷한 균주별로 그룹화한 다음 rDNA의 ITS 영역을 증폭하여 염기서열을 결정하였다. 국내수집 균주(A, D)와 외국수집균(B: 일본, C: 중국)의 균사 생육 및 밀도에 있어 약간의 차이가 있었지만 일본과 중국에서 수집한 균주간에는 뚜렷한 차이를 보이지 않았다. 또한 E와 F는 완전히 다른 속으로 동정되었지만 균사 색깔 및 형태로는 *Grifola*속과 구별하기 힘들

었다. 이와 같이 보존당시 균주의 학명과 염기서열분석에 따른 학명과는 많은 차이를 보였고, 수집 지역별 균사의 모양 및 색깔에도 약간의 차이를 보였다(Fig. 1). 따라서 수집 당시 정확한 동정을 통하여 균주를 분리하여 보존하지 않았을 경우 균주의 생육, 형태 및 색깔 등 통하여 같은 종으로 분류하는 것은 어렵다고 판단된다.

곰팡이류의 ITS 부위는 17S와 25S 사이에 존재하며, 중간 뿐만 아니라 종내에서도 많은 변이를 갖는 것으로 알려져 있다(Mitchel 등, 1995). 이 부위의 염기서열 분석 자료는 mt-DNA등과 함께 최근 균류의 계통분류에 널리 사용되고 있다(박 등, 1999; Kim 등, 2001). 실험에 사용한 균주들의 계통분석을 위하여 ITS 1과 ITS 4 프라이머를 이용하여 rDNA의 ITS 영역을 증폭한 결과 600~700 bp 정도의 증폭 산물을 얻었다. 이들 염기서열을 바탕으로 GenBank에 상동성을 조사하였다. 보존균주 목록과 염기서열 분석을 통한 동정결과에서 학명이 완전히 다른 균주가 4균주로 전체의 40%를 차지하였다. 국내에서 수집한 균주와 일본에서 수집한 균주는 모두 *G. frondosa*로 동정되었고, 일본에서 수집한 GM02 균주는 국내에서 앞세버섯1호로 알려져 있으며 *G. frondosa*로 동정되었다. 그리고 중국에서 수집한 3균주중 2균주(GM05, GM08)는 완전히 다른 속으로 동정되었고, 1균주(GM06)만 *G. frondosa*로 동정되었다. 이와 같이 균주를 수집하여 보존할 때 정확한 동정이 이루어지지 않았고, 수집자의 기록에만 의존하여 보존하였기 때문에 발생한 문제라 판단된다. 따라서 보존 목록과 완전히 다른 genus로 나타난 균주들에 대해서는 계통분류학적인 유연관계 분석

**Table 2.** Taxonomic affiliation based on ITS region sequence for preserved strains.

strain designation	isolates no.	Original Identification	Molecular Identification	Similarity
GM01	ASI9004	<i>G. frondosa</i>	<i>G. frondosa</i>	97
GM02	ASI9006a	<i>G. frondosa</i>	<i>G. frondosa</i>	99
GM03	ASI9015	<i>G. frondosa</i>	<i>G. frondosa</i>	99
GM04	ASI9035b	<i>G. frondosa</i>	<i>G. frondosa</i>	99
GM05	CFR01	<i>G. frondosa</i>	<i>Bjerkandera fumosa</i>	98
GM06	CFR02	<i>G. frondosa</i>	<i>G. frondosa</i>	99
GM07	A11833	<i>G. frondosa</i>	<i>G. frondosa</i>	99
GM08	ASI103003	<i>G. umbellata</i>	<i>Dichomitus squalens</i>	85
GM09	ASI16009	<i>Coriolus hirsutus</i>	<i>G. frondosa</i>	100
GM10	ASI87002	<i>Bjerkandera adusta</i>	<i>G. frondosa</i>	98

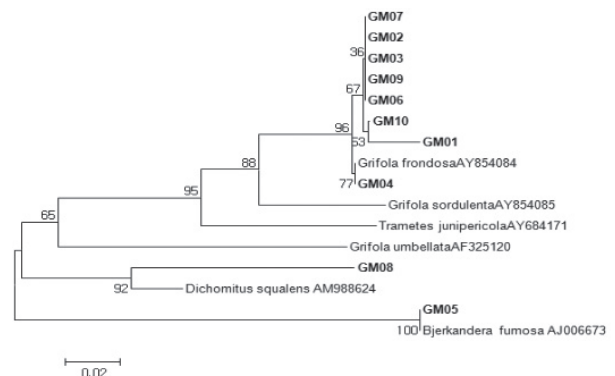
<sup>a</sup>psae no.1, <sup>b</sup>KCTC 26148(CBS 317.29)

과 보존중인 자실체 유전자와의 상동성을 비교하여 보존진균의 오염 여부를 판단하여 기존 목록의 학명을 재분류해야 할 것으로 판단된다.

*Grifola*속으로 동정된 균주들에 대한 분류학적 위치 및 유전학적인 유연관계 분석을 위하여 계통수를 그려 이들 사이의 유연관계를 확인해 보았다(Fig. 2). 분석결과 *Grifola*속은 *G. frondosa* 1개의 분리군으로 이루어졌으며, GM01 등 7균주는 모두 *G. frondosa*와 같은 그룹을 형성하였지만 그룹내에서 GM01과 GM04 균주는 다른 균주들과 약간의 차이를 보였다. 또한 생명공학연구원 생명자원센터에서 분양받은 GM04(KCTC 26148, CBS 317.29)와 농가에서 많이 재배되고 있고 잎새버섯1호로 알려진 GM02는 *G. frondosa*와 아주 가까운 유연관계를 보였지만, 두 균주간에는 약간 먼 유연관계를 보였다. 그러나 보존당시 *Grifola*속으로 분류되었던 균주 중 GM08은 *Dichomitus squalens*과 아주 가까운 유연관계를 보였고, GM05는 *Bjerkandera fumosa*과 같은 그룹에 속하며 유연관계도 가까운 것으로 분석되었다. 또한 여러 *Grifola* 종들 간의 유사도와 evolutionary distance는 Table 2에서 나타내었으며, 결과는 유전적인 유연관계분석과 유사한 경향을 보였다. Shen(2001)은 *G. frondosa*의 유전적인 유연관계를 분석한 결과 미국 분리군과 아시아 분리군은 서로 다른 분지군을 형성하였으며, 유럽 분리군은 미국의 분리군과 같은 그룹을 형성하였고, 중국과 일본의 분리군은 서로 같은 그룹을 형성하였다고 한다. 그러나 대만과 한국에서 분리한 균은 이들 분지군에 전체적으로 분산되어 분포하였으며, 대만의 일부 분리군들은 다른 아시아 분리군과 먼 유연관계를 형성하는 하위그룹을 형성한다고 하였지만 본 실험에 사용된 균주들의 유연관계분석에서는 수집 국가별 뚜렷한 차이를 보이지 않았고 같은 그룹을 형성하였다.

*Grifola* spp.의 RAPD 분석을 통한 유전적인 다형성을 조사한 결과는 Fig. 2와 같다. 분석결과 GM06, GM07, GM02 그리고 GM04 균주는 염기서열에 의한 상동성 분석에 의해 *G. frondosa*로 동정되었지만, 같은 종내에서도 분포지역에 따라 서로 상이한 밴드패턴을 보였다. 일본에서 수집된 GM01은 *Trichaptum bifforme*로 동정되었고, 중국에서 수집한 GM05는 *Bjerkandera fumosa*로 동정되었으며, RAPD 분석에서도 *G. frondosa*와 완전히 다른 밴드패턴을 보였다. 이러한 결과들이 반복된다면 보존되어 있는 균주들의 학명에 대한 신뢰성을 저하시키게 되므로 균주의 배양특성과 자실체의 미세구조 분석 등의 확인을 통하여 학명을 재분류해야 할 것으로 판단된다.

유전자 분석결과 *Grifola*속으로 동정된 균주들간의 ITS

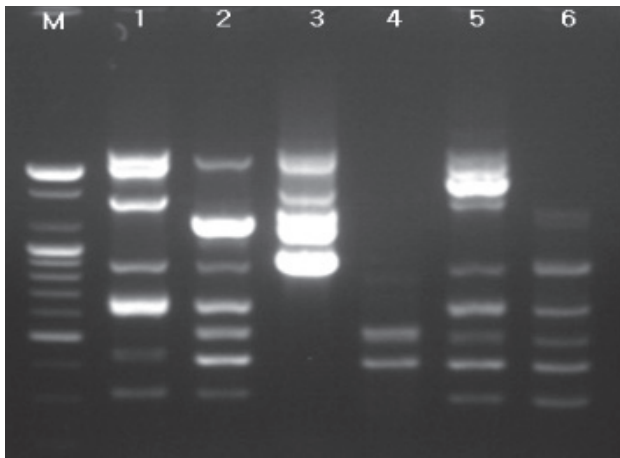


**Fig. 4.** Phylogenetic relationships of *Grifola* spp. based on internal transcribed spacer(ITS) sequences. Numerical values on branches are the bootstrap values as percentage of bootstrap replication from 1000 replicate analysis. Bar = 0.02 genetic distance between samples.

**Table 2.** Similarities%(upper right) and evolutionary distances(lower left) between rDNA ITS region sequences of species of the genus *Grifola*

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16
1	***	80.2	78.5	70.6	70.8	78.3	78.5	78.5	79.2	80.6	80.2	78.3	81.9	78.1	78	77.4
2	22	***	76.1	75	74.9	76.1	75.9	75.9	76.3	73.3	72.9	75.3	85.8	78.6	82.5	75.6
3	23	30.5	***	75	75	99.8	99.6	99.6	99.8	98.7	98.2	98.5	85	89.8	87.9	96.4
4	33	32.6	32.6	***	99.1	74.6	74.4	74.4	74.6	78.2	77.7	73.7	80.7	78.4	79.2	74.2
5	32.8	32.3	32.7	0.8	***	74.5	74.7	74.5	74.7	78.3	77.7	73.5	79.2	78.4	78.8	75.1
6	22.8	30.3	0	32.4	32.5	***	99.6	99.6	99.8	98.5	98	98.5	85.4	89.8	87.7	96.4
7	22.9	30.4	0	32.5	32.6	0	***	99.8	99.6	98.5	98	98.5	84.8	89.6	87.5	96.2
8	22.9	30.4	0	32.5	32.6	0	0	***	99.6	98.5	98	98.7	84.8	89.6	87.5	96.2
9	22.8	30.3	0.2	32.3	32.4	0	0	0	***	98.5	98	98.7	85.6	89.9	87.9	96.6
10	22.8	31.5	1.3	32.9	33	1.3	1.1	1.1	1.5	***	99.3	97.4	85.2	89.8	88.1	95.5
11	22.7	31.4	1.3	33.2	33.3	1.3	1.1	1.1	1.5	0.2	***	96.9	84.5	89.4	87.4	95
12	23	30.6	0.7	33	33.1	0.6	0.6	0.6	0.6	1.9	1.9	***	84.6	89	86.8	96.4
13	19.6	15.9	21.6	27.7	27.8	21.4	21.5	21.5	21.4	21.1	21.3	21.6	***	86.1	88.9	81
14	23.9	26.7	11.3	31.7	32.1	11.1	11.2	11.2	11.1	11.4	11.4	11.5	17.6	***	87.7	83.7
15	24.4	23.3	15.2	32.9	33.3	15.2	15.3	15.3	15.2	14.7	14.8	15.9	15.7	13.4	***	80.5
16	21	29.7	2.8	28	28.1	2.6	2.6	2.6	2.6	3.8	3.6	2.3	23.8	12.5	15.3	***

1. *G. umbellata* AF325120, 2. GM08, 3. GM07, 4. GM05, 5. *Bjerkandera fumosa* AJ006673, 6. GM02, 7. GM06, 8. GM03, 9. GM09, 10. *G. frondosa* AY854084, 11. GM04, 12. GM10, 13. *Dichomitus squalens* AM988624, 14. *G. sordulenta* AY854085, 15. *Trametes junipericola* AY684171, 16. GM01.



**Fig. 5.** Representative random amplified polymorphic DNA fingerprints using PELF primer of *Grifola* spp. 1: GM06, 2: GM01, 3: GM05, 4: GM07, 5: GM02, 6: GM04.

부위 유전자수준에서 상동성을 비교한 결과는 Fig. 4와 같다. 실험에 사용된 균주들을 유전자수준에서 동정한 결과 모두 *G. frondosa*로 동정되었고, 균주들간에 약간의 차이는 있었지만 96~99%의 비교적 높은 상동성을 보였다. 국내에서 수집된 균주들(GM07, GM09, GM10)간에는 98~99%의 높은 상동성을 보였고, 일본에서 수집된 균주들(GM01,

GM02, GM03)간에는 96~99%의 상동성을 보여 개체간에 약간의 차이를 보였다. 국내 수집균주들과 일본에서 수집된 균주들과는 95~99%의 상동성을 보였고, 특히 GM01과 GM04는 95%의 낮은 상동성을 보였다. 그러나 중국에서 수집된 GM06균주와는 98~99%의 높은 상동성을 보였다. 생명공학연구원 생명자원센터에서 분양받은 GM04(KCTC 26148, CBS 317.29)균주는 국내 수집균주들과 96~98%의 상동성을 보지만, 국내에서 잎새버섯 1호로 알려진 CM02 균주는 98~99%의 높은 상동성을 보였다. 이상의 결과에서 *G. frondosa*의 경우 서식지와 수집 지역간에는 뚜렷한 유전적인 다양성을 발견할 수는 없었지만, 보다 세밀한 연구를 위해서는 많은 개체를 분석해야만 될 것으로 판단된다. Shen(2001)은 실험에 사용된 *Grifola frondosa* 균주들의 유전적인 변이는 5.4%로 *G. frondosa*와 *G. sordulenta*의 유전적인 변이 14.3% 보다는 적었다고 한다.

## 적 요

보존종인 잎새버섯속 균주를 선발하여 배양 및 형태적 특성을 조사하여 비슷한 균주별로 그룹화하여 rDNA의 ITS 영역을 증폭하여 염기서열을 결정하고 결과 보존지 균주의 학명과 많은 차이를 보였으며, 균사의 모양 및 색깔에도 많은

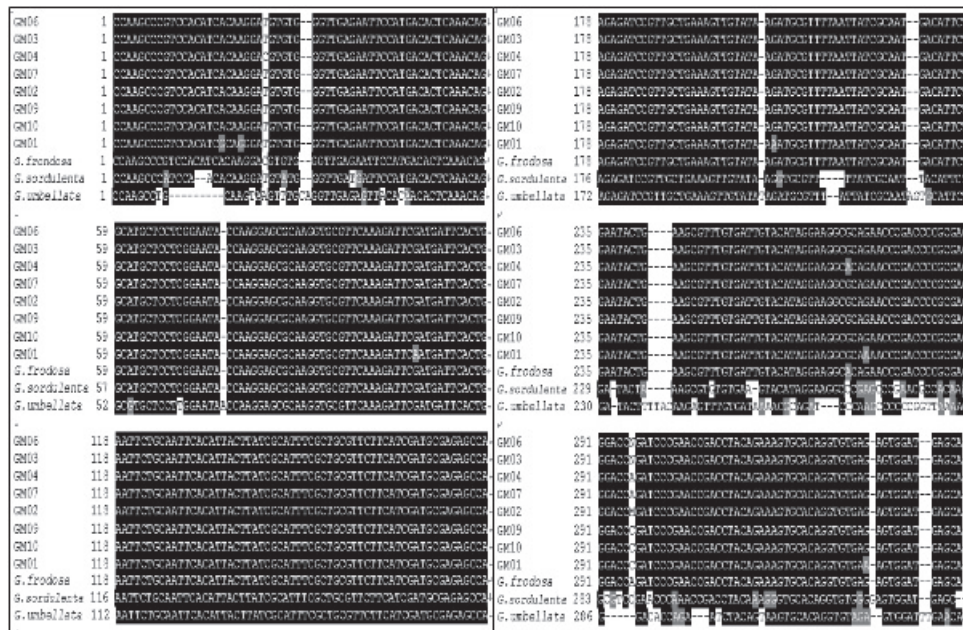


Fig. 4. Comparison of rDNA ITS region sequences from species of the genus *Grifora*.

차이를 보였다. 보존 당시 동정한 결과와 rDNA의 ITS 영역의 염기서열 분석을 통한 결과를 비교한 결과 학명이 다른 균주가 4균주로 전체의 40%를 차지하였다. 국내에서 수집한 잎새버섯속은 모두 *G. frondosa*로 동정되었고, 일본에서 수집한 3균주 중 1균주는 완전히 다른 속으로 동정되었으며 2균주는 *G. frondosa*로 동정되었다. 그리고 중국에서 수집한 3균주중 2균주는 완전히 다른 속으로 동정되었고, 1균주만 *G. frondosa*로 동정되었다. RAPD 분석을 통한 유전적인 다형성 조사에서 같은 종내에서도 분포지역에 따라 서로 상이한 밴드패턴을 보였다. 유전적인 유연관계 분석에서는 *G. frondosa* 1개의 분류군으로 이루어졌으며, ITS부위 유전자수준의 상동성 분석에서도 비슷한 경향을 보였다. 따라서 기존 목록과 완전히 다른 속으로 동정된 균주들에 대해서는 계통분류학적인 유연관계 분석과 보존중인 자실체 유전자와의 상동성을 비교하여 기존 목록의 학명을 재분류해야 할 것으로 판단된다.

참고문헌

박동석, 고승주, 김양섭, 석순자, 송재경, 여윤수, 류진창, 성재모. 1999. 먹물버섯속(*Coprinus* spp.)의 ITS부위 영역 염기서열에 의한 유연관계 분석. 한국균학회지 27 : 27-31.  
 박완희. 1991. 한국의 버섯. 교학사, 서울, 23pp.

水野 卓, 川合正允. 1992.キノコの 化學 生化學, 學科出版 センタ. pp. 13-91.  
 정학성. 1993. 한국산 고등균류 분류학 발표 목록. 균학회 소식. 5(1): 29-36.  
 許浚. 1981. 東醫寶鑑, 東醫寶鑑國譯委員會 編譯. 南山堂, 서울, 1178pp  
 Ahn, D. K. 1992. Medicinal Fungi in Korea. Kor. J. Mycol. 20: 154-166.  
 Lincoff, G. 1981. The Audubon Society Field Guide to North American Mushrooms. Alfred A. Knopf, New York.  
 Fukushima, M., Ohashi, T., Fujiwara, Y., Sonoyama, K. and Nakano, M. 2001. Cholesterol-lowering effects of maitake(*Grifola frondosa*) fiber, shitake(*Lentinus edodes*) fiber, and enokitake(*Flammulina velutipes*) fiber in rats. Soc. Ex p. Biol. Med. 226 : 758-765.  
 Jukes, T. H. and Cantor, C. R. 1969. Evolution of protein molecules, pp. 21-132. In: H. N. Munro (de.), Mammalian Protein Metabolism. Academic Press, N. Y.  
 Kim, S. Y., Park, S. Y. and Jung, H. S. 2000. Phylogenetic classification of Antrodia and related genera based on ribosomal RNA internal transcribed spacer sequences. J. Microbiol. Biotechnol. 11 : 475-481.  
 Kodama, N., Murata, Y., Asakawa, A., Inui, A., Hayashi, M., Sakai, N. and Nanba, H. 2005. Maitake D-fraction enhances antitumor effects and reduces immunosuppres-

- sion by mitomycin-C in tumor-bearing mice. *Nutrition* 21: 624-629.
- Mau, J. H., Lin, H. C. and Song, S. F. 2002. Antioxidant properties of several specialty mushrooms. *Food Res. Int.* 35 : 519-526.
- Talpur, N. A., Echard, B. W., Fan, A. Y. Jaffari, O., Bagchi, D. and Preuss, H. G. 2002. Antihypertensive and metabolic deffects of whole maitake mushroom powder and its fractions in two rat strains. *Mol. Cell. Biochem.* 237 : 129-136.
- Wu, M. J., Cheng, T. L., Cheng, S. Y., Lian, T. W., Wang, L. and Chiou, S. Y. 2006. Immunomodulatory properties of *Grifola frondosa* in submerged culture. *J. Agric. Food. Chem.* 54 : 2906-2914.
- Lee, J. S., Woo, E. J., Oh, K. H., Kim, J. J. and Lim, Y. W. 2010. The first report of two species of *Polyporus* (Polyporaceae, Basidiocota) from South Korea. *The Journal of Microbiology.* 48 : 748-753.
- Mitchel, J. I., Robert, P. J. and Moss, S. T. 1995. Sequence or structure/ A short review on the application of nucleic acid sequence information to fungal taxonomy. *Mycologist* 9 : 67-75.
- Krüger, D. and Gargas, A. 2004. The basidiomycete genus *Polyporus*-an emendation based on phylogeny and putative secondary structure of ribosomal RNA molecules. *Feddes Reperit* 115 : 530-546.
- Shen, Q. 2001. Molecular phylogenetic analysis of *Grifola frondosa* (Maitake) and related species and the influence of selected nutrient supplements on mushroom yield. The Pennsylvania State University. University Park, PA.
- Singer, R. 1986. *The Agaricales in modern taxonomy*, 4th ed. Germany: Koeltz Scientific Books. 981 p.
- Thompson, J. D., Higgins, D. G. and Gibson, T. J. 1994. Clustal W: improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighing position-specific gap penalties and weight matrix choice. *Nucleic.*
- White, T. J., Burns, T., Lee, S. and Taylor, J. 1990. Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics. In: Innis MA, Gelfand D. M, Sninsky J. J, White T. J, eds. *PCR protocols: a guide to methods and applications*. San Diego, California: Academic Press. P315-322.
- Williams, J. G., Kubelik, A. R., Livak, K. J., Rafalski, J. A. and Tingey, S. V. 1990. DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. *Nucleic Acids Res.* 18 : 6531-6535.
- Zhang, G. W., Zeng, X., Han, L., Wei, J. A. and Huang, H. D. 2010. Diuretic activity and kidney medulla AQP1, AQP2, AQP3, V2R expression of the aqueous extract of sclerotia of *Polyporus umbellatus* fries in normal rats. *J Ethnopharmacol* 128 : 433-437