

18S 리보솜 RNA 부분 염기서열 분석에 의한 효모성 균류의 분자계통학적 연구

정수진 · 신용국¹ · 주우홍² · 이재동*

부산대학교 미생물학과

¹한국과학기술연구원 생명공학연구소

²창원대학교 생물학과

Phylogenetic Relationships of Yeast-like Fungi Deduced from Partial Sequences of 18S Ribosomal RNA

Soo-Jin Jung, Yong Kook Shin¹, Woo Hong Joo² and Jae-Dong Lee*

Department of Microbiology, Pusan National University, Pusan 609-735

¹Korea Research Institute of Bioscience and Biotechnology,

Korea Institute of Science and Technology, Taejon 305-600

²Department of Biology, Changwon National University, Changwon 641-773, Korea

ABSTRACTS; The evolutionary relationships for 43 species in the taxa of the basidiomycetous yeast and related yeast-like fungi have been studied from the 43 18S rRNA partial sequences. *Fibulobasidium inconspicuum* showed a relatively close relationship to *Filobasidiella neoformans*. It is obvious that *Tremella foliacea* and *Ustilago rabenhorstiana* form an independently different cluster from basidiomycetous yeast and seem to be phylogenetically distant from basidiomycetous yeast and each other. The basidiomycetous yeasts are believed more closely associated with *Tremella foliacea* than with *Ustilago rabenhorstiana*. The phenotypic criteria such as carotenoid pigments, teliospores, ballistospores seems not to be phylogenetically useful indicators.

KEYWORDS; Phylogeny, 18S rRNA sequence, *Fibulobasidium inconspicuum*, *Tremella foliacea*, *Ustilago rabenhorstiana*

분류군의 정의는 다양한 형질에 대한 충분한 이해와 상호비교에서 성립된다. 분류군을 구분하는데 사용되는 표현형질의 전체적인 기준을 분류학적 구조라 하며 이에겐 진화 및 중분화 등 순수하고 전통적인 분류학적 결론 이외에 다양한 방면의 연구가 요망되고 있다. 고차분류군의 상호 유연관계에 대한 보다 객관적인 기초가 필요하며 가능한 한 진화적 계통발달을 반영한 계통발생학적 유연관계의 규명이 시급히 요구되고 있다. 1970년대에 들어와서 급속한 분자생물학적인 지견과 기법의 진보로 생물학에는 새로운 관점에서의 연구방법이 다수 도입되

었다. 생물진화적인 측면에서도 생물의 계통에 대한 분자진화학적 연구가 시작되어 hemoglobin, cytochrome C 등의 아미노산 배열의 비교에서 생물의 진화가 연구되어 왔다(Zukerkandl and Pauling, 1967). 그러나 이들 분자는 미생물을 포함한 광범위한 생물전체에 존재하는 것이 아니고 또 분자마다 각각 그 진화속도가 다르다는 단점이 있다. 전 생물계를 망라한 계통관계의 해명을 위하여는 전체 생물에 공통으로 존재하는 단백질이나 핵산을 이용하여야 한다. RNA와 DNA는 전체 생물에 존재할 뿐만 아니라 유전정보를 포함하고 있으므로 분자진화학적 분류체계의 규명에 좋은 자료가 된다. 그 중에서도 리보솜 RNA는 구조 및 기능 상에 있어서도 세균에서 인간까지 기본적으로 동일

*Corresponding author

하고, 구성성분의 염기치환율이 낮고 보존성이 높으므로 분자 진화학적으로 계통을 논하는데 분자시계로서 최적의 조건을 갖추고 있다. 리보솜 RNA에는 3종류의 리보솜 RNA가 있다. 리보솜 RNA 한 분자종의 전 일차 염기배열을 결정하는데에는 RNA 추출과정에서 여러가지 실험상의 문제가 있으며, 또한 많은 시간과 노력을 필요로 하기 때문에 이에 대한 연구가 그다지 진척되지 않고 있는 실정이다.

1985년 Lane 등에 의해 전 염기배열 결정없이도 부분 염기배열의 비교로 생물의 계통을 논할 수 있는 가능성이 시사된 이후에 많은 군학자에 의해 RNA에 대한 계통학적 연구가 활발하게 진행되고 있다. 이 방법은 cloning하는 노력과 시간이 단축되고 염기배열은 dideoxy법(Sanger *et al.*, 1977)에 의해 결정하므로 신속하고 경제적이다.

본 연구에서는 18S 리보솜 RNA의 부분 염기배열을 결정하고 이들 결과를 토대로 cluster 분석을 통하여 계통학적으로 불분명한 담자성 효모와 관련 분류군에 대해 분자 진화학적인 측면에서의 계통과 유연관계를 규명하는 것을 그 목적으로 하고 있다.

재료 및 방법

공시균주

본 분자진화학적 연구에는 *Fibulobasidium inconspicuum* IFO 31001, *Tremella foliacea* IFO 9315, *Ustilago rabenhorstiana* IFO 8995 3균주를 사용하였다. 공시균주에 대한 결과를 다른 분류군과 비교하기 위하여 담자성 효모에 있어서 대표적인 *Rhodospidium toruloides* IFO 0559를 위시한 40균주의 염기배열 data(Joo, 1989; Yamada and kawasaki, 1989; Yamada and Nakagawa, 1990; Yamada *et al.*, 1989a, 1989b; Takematsu and Nakase, pers.comm.)를 사용하였다.

DNA primer 및 시약

DNA primer는 *Saccharomyces cerevisiae*의 18S 리보솜 RNA 염기배열 1627에서 1641까지에 상보적인 5'-ACGGGCGGTGTGTAC-3'(Hogan *et al.*, 1984)를 사용하였다.

2-deoxyadenosine 5'- α -[³⁵S]thiotriphosphate (dATP[α -35S]; 0.37 MB q/ μ l)와 reverse transcriptase(4000 units/ml)는 Amersham의 제품을, deoxyadenosine 5'-(α -thio) triphosphate, deoxythymidine triphosphate, deoxycytidine triphosphate, deoxyguanosine triphosphate, dideoxyadenosine triphosphate, dideoxythymidine triphosphate, dideoxycytidine triphosphate, dideoxyguanosine triphosphate는 BRL(Bethesda Research Laboratories Life Technologies)의 제품을 사용하였다.

리보솜 RNA의 분리, 염기배열 결정 및 cluster 분석

Czapek yeast broth, malt extract broth, Czapek yeast extract broth 그리고 YM broth에 배양한 균체에서 RNA를 acid guanidinium thiocyanate-phenol-chloroform 방법에 의해 추출하였다(Chomczynski and Sacchi, 1987). 시료 RNA에 DNA primer를 hybridization 시킨 후 dideoxy 법(Sanger *et al.*, 1977)으로 염기배열을 결정하였다. Cluster 분석은 전보(Lee *et al.*, 1995)와 동일하게 행하였다.

결과 및 고찰

Hogan 등(1984)에 의한 *Saccharomyces cerevisiae*의 18S 리보솜 RNA 전 염기배열과 비교하여 염기배열 부위를 결정하였다(Fig. 1). 염기배열결정 부위의 길이에 있어서의 변이는(deletion 또는 insertion) 167 염기중 1개에 국한되어 있었다. 리보솜 RNA의 강한 2차 구조 형성에 의하여 결정할 수 없었던 일부의 염기 서열은 "N"으로, deletion 또는 alignment gap은 "."으로 표시하였다.

*Ustilago rabenhorstiana*는 1587에서 1602 부위 사이에서 다른 균종과는 다소 상이한 서열을 나타내었으며, *Cytophobasidium*과는 이 부위에서는 유사하였으나 1488 이후 짧은 부위에서는 다소 차이를 보였다. 그외의 점에서는 *Fibulobasidium inconspicuum*, *Tremella foliacea*, *U. rabenhorstiana*는 상호간에 유사점이 많았다.

	• 1451	• 1461	• 1481	• 1501	• 1511	• 1521	• 1531		
<i>Rhodosporidium toruloides</i> IF0 0559	GRGCCG	CAGCGCGCCU	ACACUGACAG	AGCCAGCGAG	UCUACCA . . CCUUU	GCCTGGAAGGC	AUGGATTAUUC	UUUGUGAAACU	CUUUGCG
<i>Rhodosporidium toruloides</i> IF0 0880	---	---	---	---	---	---	---	---	---
<i>Rhodosporidium toruloides</i> YK 207	---	---	---	---	---	---	---	---	---
<i>Rhodosporidium toruloides</i> YK 250	---	---	---	---	---	---	---	---	---
<i>Rhodosporidium kratochvilpvae</i> YK 218	---	---	---	---	---	---	---	---	---
<i>Rhodosporidium dactyloides</i> YK 231	---	---	---	---	---	---	---	---	---
<i>Rhodosporidium dibovatum</i> YK 225	---	---	---	---	---	---	---	---	---
<i>Rhodosporidium pauligenum</i> YK 1002	---	---	---	---	---	---	---	---	---
<i>Rhodosporidium sphaerocarpum</i> YK 220	---	---	---	---	---	---	---	---	---
<i>Kondoa malvinella</i> IF0 1936	---	---	---	---	---	---	---	---	---
<i>Rhodotorula lactosa</i> IF0 1423	---	---	---	---	---	---	---	---	---
<i>Rhodotorula graminis</i> IF0 0190	---	---	---	---	---	---	---	---	---
<i>Leucosporidium scottii</i> IF0 1923	---	---	---	---	---	---	---	---	---
<i>Leucosporidium scottii</i> IF0 1924	---	---	---	---	---	---	---	---	---
<i>Leucosporidium scottii</i> IF0 1212	---	---	---	---	---	---	---	---	---
<i>Leucosporidium scottii</i> IF0 9474	---	---	---	---	---	---	---	---	---
<i>Mrakia frigida</i> IF0 1920	---	---	---	---	---	---	---	---	---
<i>Mrakia gelida</i> IF0 1921	---	---	---	---	---	---	---	---	---
<i>Mrakia nitavalis</i> IF0 1922	---	---	---	---	---	---	---	---	---
<i>Mrakia stokesii</i> IF0 1926	---	---	---	---	---	---	---	---	---
<i>Cystofilobasidium bisporidii</i> IF0 1927	---	---	---	---	---	---	---	---	---
<i>Cystofilobasidium capitatum</i> IF0 1929	---	---	---	---	---	---	---	---	---
<i>Cystofilobasidium inframiniatum</i> IF0 1057	---	---	---	---	---	---	---	---	---
<i>Sporidobolus salmonicolor</i> JCM 1841	---	---	---	---	---	---	---	---	---
<i>Sporobolomyces albo-rubescens</i> JCM 5352	---	---	---	---	---	---	---	---	---
<i>Sporobolomyces roseus</i> JCM 5353	---	---	---	---	---	---	---	---	---
<i>Sporobolomyces singularis</i> JCM 5356	---	---	---	---	---	---	---	---	---
<i>Sporobolomyces subunneus</i> JCM 5278	---	---	---	---	---	---	---	---	---
<i>Sporobolomyces elongatus</i> JCM 5354	---	---	---	---	---	---	---	---	---
<i>Erythrobasidium hasegawae</i> YK 124	---	---	---	---	---	---	---	---	---
<i>Sporobolomyces foliicola</i> JCM 5355	---	---	---	---	---	---	---	---	---
<i>Sporobolomyces gracilis</i> JCM 2963	---	---	---	---	---	---	---	---	---
<i>Sporobolomyces kluyveri-nielii</i> JCM 6356	---	---	---	---	---	---	---	---	---
<i>Sporobolomyces phylomatidis</i> JCM 7549	---	---	---	---	---	---	---	---	---
<i>Filobasidiella neoformans</i> YK 353	---	---	---	---	---	---	---	---	---
<i>Filobasidium capsuligenum</i> YK 356	---	---	---	---	---	---	---	---	---
<i>Filobasidium floriforme</i> YK 357	---	---	---	---	---	---	---	---	---
<i>Filobasidium unguiculatum</i> CBS 1730	---	---	---	---	---	---	---	---	---
<i>Sterigmatomyces halophilus</i> IF0 1488	---	---	---	---	---	---	---	---	---
<i>Fellomyces polyborus</i> IF0 10120	---	---	---	---	---	---	---	---	---
<i>Tremella foliacea</i> IF0 9315	---	---	---	---	---	---	---	---	---
<i>Ustilago reberhorstiana</i> IF0 9071	---	---	---	---	---	---	---	---	---
<i>Filobasidium inconspicuum</i> IF0 31001	---	---	---	---	---	---	---	---	---

Fig. 1. Alignment and comparison of 18S rRNA partial sequences (the position 1451 through 1618) in 43 fungal species. Dashes, nucleotides identical to those of *S. cerevisiae*; N, not determined base; dots, alignment gap or deletion.

References: 1, Joo (1989); 2, Yamada and Kawasaki (1989); 3, Yamada and Nakagawa (1990); 4, Yamada *et al.*, (1989a); 5, Takematsu and Nakase (pers. comm.); 6, Yamada *et al.*, (1989b); 7, The present study.

	° 1541	° 1551	° 1561	° 1571	° 1581	° 1591	° 1601	° 1611
<i>Rhodosporiidium toruloides</i> IFO 0559	UGAU	CAUUGGCAAUU	AUUUGGUCUUC	AACGAGGAAU	ACGUAGUAAG	CGUUGAUUCAU	CAGAUUGCGGU	UGAUUAGGUC
<i>Rhodosporiidium toruloides</i> IFO 0880	---	---	---	---	---	---	---	---
<i>Rhodosporiidium toruloides</i> YK 207	---	---	---	---	---	---	---	---
<i>Rhodosporiidium toruloides</i> YK 250	---	N	---	---	N	---	N	---
<i>Rhodosporiidium kratochvilipvae</i> YK 218	---	N	---	---	---	---	---	---
<i>Rhodosporiidium decryoidium</i> YK 231	A	---	---	N	---	---	C	N
<i>Rhodosporiidium dibovatum</i> YK 225	A	G	---	---	---	---	---	---
<i>Rhodosporiidium paludigenum</i> YK 1002	---	---	---	---	---	---	---	---
<i>Rhodosporiidium sphaerocarpum</i> YK 220	---	---	---	---	---	---	---	---
<i>Kondoa malvinella</i> IFO 1936	C	---	---	---	---	CA	---	---
<i>Rhodotorula lactosa</i> IFO 1423	CA	---	---	---	---	---	---	---
<i>Rhodotorula graminis</i> IFO 0190	---	---	---	---	---	---	---	---
<i>Leucosporidium scottii</i> IFO 1923	C	---	---	---	---	---	---	---
<i>Leucosporidium scottii</i> IFO 1924	C	---	---	---	---	---	---	---
<i>Leucosporidium scottii</i> IFO 1212	C	---	---	---	---	---	---	---
<i>Leucosporidium scottii</i> IFO 9474	C	---	---	C	---	CA	---	---
<i>Mrakia frigida</i> IFO 1920	C	---	---	C	---	---	---	---
<i>Mrakia gelida</i> IFO 1921	C	---	---	C	---	---	---	---
<i>Mrakia nivalis</i> IFO 1922	C	---	---	C	---	---	---	---
<i>Mrakia stokesii</i> IFO 1926	C	---	---	C	---	---	---	---
<i>Cystofilobasidium bisporidii</i> IFO 1927	C	---	---	C	---	---	---	---
<i>Cystofilobasidium capitatum</i> IFO 1929	C	---	---	C	---	---	---	---
<i>Cystofilobasidium infirmominatum</i> IFO 1057	C	---	---	C	---	---	---	---
<i>Sporidiobolus salmonicolor</i> JCM 1841	C	---	---	---	---	---	---	---
<i>Sporobolomyces albo-rubescens</i> JCM 5352	C	---	---	G	---	---	---	---
<i>Sporobolomyces roseus</i> JCM 5353	---	---	---	---	---	---	---	---
<i>Sporobolomyces singularis</i> JCM 5356	---	---	---	---	---	---	---	---
<i>Sporobolomyces subrunneus</i> JCM 5278	---	---	---	---	---	---	---	---
<i>Sporobolomyces elongatus</i> JCM 5354	---	---	---	---	---	---	---	---
<i>Erythrobasidium hasagawae</i> YK 124	---	---	---	---	---	---	---	---
<i>Sporobolomyces foliicola</i> JCM 5355	---	---	---	---	---	---	---	---
<i>Sporobolomyces gracilis</i> JCM 2963	---	---	---	---	---	---	---	---
<i>Sporobolomyces kluyveri-nielii</i> JCM 6356	---	---	---	---	---	---	---	---
<i>Sporobolomyces phyllomatis</i> JCM 7549	---	---	---	---	---	---	---	---
<i>Filobasidiella neoformans</i> YK 353	C	N	---	N	---	---	---	---
<i>Filobasidium capsuligenum</i> YK 356	---	N	---	N	---	---	---	---
<i>Filobasidium floriforme</i> YK 357	C	N	---	N	---	---	---	---
<i>Filobasidium uniguttulatum</i> CBS 1730	C	UN	---	---	---	---	---	---
<i>Sterigmatomyces halophilus</i> IFO 1488	---	---	---	---	---	---	---	---
<i>Fellomyces polyborus</i> IFO 10120	C	---	---	---	---	---	---	---
<i>Trameila foliaceus</i> IFO 9315	C	---	---	---	---	---	---	---
<i>Ustilago rabenhorstiana</i> IFO 9071	C	---	---	---	---	CAUG	CAU	---
<i>Filobasidium inconspicuum</i> IFO 31001	C	---	A	---	---	---	---	---

Fig. 1. Continued.

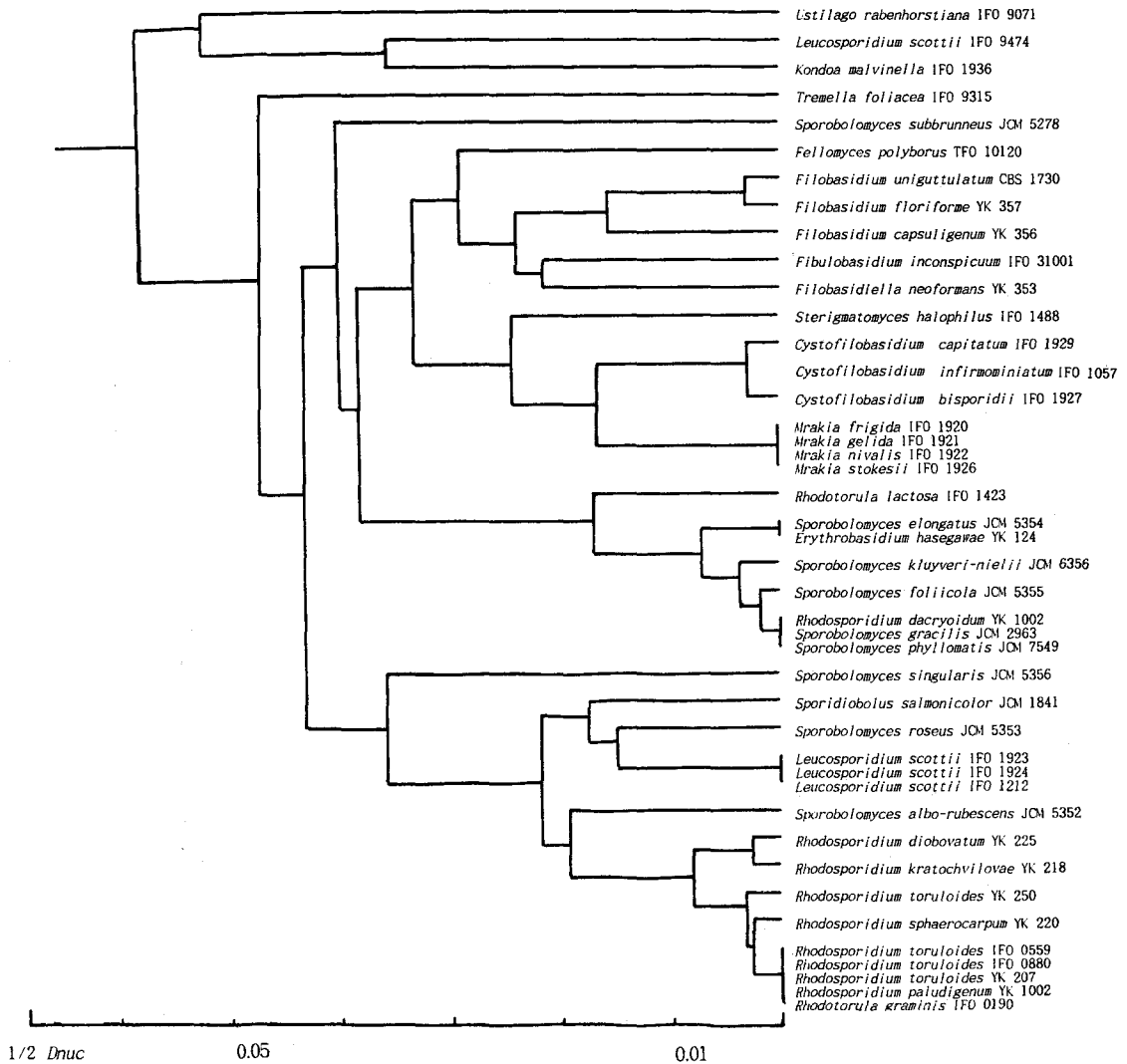


Fig. 2. Phylogenetic tree for taxa of basidiomycetous yeast and yeast-like fungi genera. The tree was constructed from 43 18S rRNA partial sequences now available by the group average clustering. $1/2 Dnuc$ =relative evolutionary distance deduced from Hori and Osawa formula (1986).

진화거리 계산식 Jukes-Cantor식, $Dnuc$ 및 $Knuc$ 에 의하여 공시균주 및 비교균주 상호간의 진화거리를 계산하여 이들 거리에 기초하여 cluster 분석을 한 결과, Jukes-Cantor식에 의한 결과와 $Knuc$ 에 의한 결과는 같았다. 비교균주 *Rhodosporidium toruloides* YK250와 *R. sphaerocarpum* 간의 상호위치의 단순한 변화외에는 전체적으로 동일하였다(unpublished data). $Dnuc$ 의 계통수(Fig. 2)에서 진화거리 $1/2 Dnuc$ 0.04을 기

준으로 하여 계통수를 나누어 보면 6개의 계통지로 구성되어 있다. 그 첫째는 *R. toruloides*, *R. paludigenum*, *Rhodotorula graminis*, *R. sphaerocarpum*, *R. diobovatum*, *R. kratochvilovae*, *Sporobolomyces albo-rubescens*, *Sporidiobolus salmonicolor*, *S. roseus*, *Leucosporidium scottii*, *S. singularis*가 그 구성원이었으며, 이 그룹은 다시 3개의 subgroup으로 나누어진다. *R. toruloides*, *R. paludigenum*, *Rh. graminis*, *R.*

sphaerocarpum, *R. kratochvilovae*, *R. diobovatum*, *S. albo-rubescens*의 subgroup, *Sp. salmonicolor*, *S. roseus*, *L. scottii*의 subgroup 그리고 *S. singularis* 단일 균종의 subgroup으로 각각 세분된다. 두번째 group은 *R. dacryoidum*, *S. gracilis*, *S. phyllomatis*, *S. kluyveri-nielii*, *S. foliicola*, *Rh. lactosa*, *S. elongatus*, *Erythrobasidium hasegawae*, *Mrakia* 균종, *Cystofilobasidium* 균종, *Sterigmatomyces*, *Fellomyces polyborus*, *Filobasidium capsuligenum*, *F. floriforme*, *F. uniguttulatum*, *Filobasidiella neoformans*, *Fib. inconspicuum*으로 구성되어 있으며, 1/2 *Dnuc* 0.02 수준에서 세분하여 보면 7개의 subgroup으로 나누어진다. 첫번째 subgroup은 *R. dacryoidum*, *S. gracilis*, *S. phyllomatis*, *Rh. lactosa*, *S. elongatus*, *E. hasegawae*, *S. foliicola*, *S. kluyveri-nielii*로 구성되며, 두번째 subgroup은 *Mrakia*와 *Cystofilobasidium*속 균종으로 구성되어 있다. 세번째 subgroup은 *Sterigmatomyces halophilus*, 네번째 subgroup과 다섯번째 subgroup은 *Fi. neoformans*, *Fib. inconspicuum*으로 각각 구성되어 있으며 여섯번째 subgroup은 *F. uniguttulatum*와 *F. floriforme*, *F. capsuligenum*으로 구성되어 있다. 그리고 마지막 subgroup은 *Fel. polyborus*로 구성되어 있었다. 그외 *U. rabenhorstiana*, *Kondoa malvinella*, *T. foliacea*, *S. subbrunneus*가 각각 다른 계통지를 형성함을 알 수 있었다.

진화거리 계산식 *Knuc*에 의한 계통수 (unpublished data)에서는 *Dnuc*에 의한 계통수와 비교할 때 상이점이 다소 발견되었다. *S. albo-rubescens*, *R. kratochvilovae*, *R. diobovatum*이 *Leucosporidium*과 보다 가까운 유연관계를 보였고 *Fib. inconspicuum*, *Fellomyces*, *Filobasidiella*가 보다 독립적인 무리를 형성하였다. *Rhodosporeidium*과 *Leucosporidium*은 teliospore 형성효모로 형태 및 생리 생화학적 성질에서 구별하기가 어려우나 *Rhodosporeidium*은 색소형성능이 있고 *Leucosporidium*은 색소형성능이 없음을 기반을 두고 속으로 구별되고 있다. 계통수에

서는 근접한 유연관계가 시사되고 있고 또한 *Rhodosporeidium*에서의 색소형성능이 없는 돌연변이 주의 잦은 출현에서 미루어 볼 때 이들 2속은 통합되는 방향으로 속의 명칭이 조정되어야 할 것으로 생각된다. *Sporobolomyces*는 적색 색소를 생성하며 사출포자를 형성하는 균종이다. 그러나 *Sporobolomyces*는 계통수에서 여러 group에 산재하여 분포하는 것으로 나타나며, 이 속에서도 색소형성능이 진화적인 의미에서 표현형질의 marker로서의 사용이 부정되고 있다. 또한 teliospore 형성 효모 (*Rhodosporeidium*, *Leucosporidium*, *Mrakia*, *Cystofilobasidium*, *Kondoa*)도 계통수에서 광범위한 영역에 흩어져 있으므로 teliospore의 진화적 의미를 재검정하고 분류 marker로서의 사용에 신중을 기해야 한다고 생각된다. *Cystofilobasidium*과 *Mrakia*도 역시 색소형성능 이외에는 표현형질 및 생리 생화학적 성질에서 구별이 어려운 균종이다. 따라서 이들도 통합하여 분류체계를 재조정하는 것이 합리적이라고 생각된다.

*Rh. lactosa*는 불완전 세대가 *Rh. minuta*인 *R. dacryoidum*과 유연관계가 밀접함이 관찰되고 있으므로 *Rh. lactosa*와 *Rh. minuta*는 같은 균종으로 해석되어야 할 것이다. 한편 *Knuc*에 의한 계통수에는 *Filobasidiella*가 *Filobasidium*과 다소 먼 유연관계에 있으나, *Dnuc*에 의한 계통수에는 *Filobasidiella*, *Filobasidium*은 계통적으로 잘 정리된 균종임이 확인되었다. *Sterigmatomyces*는 sterigma를 형성하며 이 끝에서 분생자가 생기는 특이한 균종으로 이들에서도 유성세대가 발견되어 완전세대는 *Sterigmatosporidium*(Kraepelin and Schulze, 1982)으로 명명되었다. 이들은 사출포자를 형성하지 않으나 *Dnuc*에 의한 계통수에서 사출포자 형성능이 있는 *Sporobolomyces*와 다소 유연관계가 있음이 관찰되고 한편 사출포자 형성능이 있는 *Sporobolomyces*가 전 계통수에 산재되어 있음에서 역시 사출포자 형성능에 대한 분류적 marker로서의 문제점이 제기되고 있다.

*Sterigmatomyces*는 최근에 *Sterigmatomyces*, *Tsuchiyaea*, *Fellomyces*, *Kurtzmanomyces*로 세분되었다(Yamada et al., 1988). 계통적으로 보면 *Sterigmatomyces*는 *Mrakia-Cystofilobasidium*

균에 유연관계를 나타내며 *Fellomyces*는 *Filobasidiella*, *Filobasidium*과 유연관계가 있음이 관찰되고 있어 *sterigma* 형성능의 진화학적 의의는 적은 것으로 추정된다. 한편 *T. foliacea*, *U. rabenhorstiana*는 각각 독립적으로 진화해 왔다고 추정된다. *Fibulobasidium*과 *Tremella*는 균심강(Hymenomycetes), 격실담자균아강(Phragmobasidiomycetidae)에 속하는 균종으로 담자균효모가 속하고 있는 흑수병균목(Ustilaginales)의 *Ustilago*보다는 담자균효모와 유연관계가 높은 것으로 나타났다. 그러므로 동포자균강(Teliomycetes)과 균심강(Hymenomycetes)의 진화학적 관계를 재검정함이 필요하다고 생각된다. *Ustilago*는 식물 병원성균류로 숙주 특이성이 있는 다수의 균종이 보고되고 있고 또한 이들이 속해있는 흑수병균목에도 특이성이 있는 다수 속들이 존재하고 있다. 그리고 격실담자균아강에는 Tremellales의 *Sirobasidiaceae*의 *Sirobasidium*, Tremellaceae의 *Hotermannia*, *Tremella*, Auriculariales의 *Auricularia* 등이 기재되어 있으므로 이들에 대한 자세한 연구가 요망된다. 한편 본 실험의 결과는 yeast와 yeast-like fungi의 진화학적 관계 및 담자균류의 동포자균류와 균심류의 관계, 그리고 격실담자균아강의 Tremellales와 Auriculariales의 유연관계의 규명에도 중요한 자료가 될 것으로 기대된다.

적 요

담자성 효모와 담자균계의 yeast-like 균류의 총 43개 균류의 18S 리보솜 RNA 부분염기배열을 비교하였다. *Fibulobasidium inconspicuum*은 *Filobasidiella neoformans*와 밀접한 유연관계를 보였다. *Tremella foliacea*, *Ustilago rabenhorstiana*는 각각 다른 계통지를 형성하여 담자균효모와는 독립적으로 진화해 왔을 가능성을 시사하였다. 담자성효모는 *Ustilago rabenhorstiana*보다 *Tremella foliacea*에 보다 가까운 유연관계를 보였다. 한편, 표현형질 즉 색소, 동포자, 사출포자등은 18S ribosomal RNA의 부분 염기서열 분석 결과 계통학적으로 의미가 없는 것으로 나타났다.

사 사

이 논문은 1991년도 한국과학재단 일반연구비에 의하여 수행되었으므로 이에 감사드립니다.

參考文獻

- Chomczynski, P. and N. Sacchi. 1987. Single-step method of RNA isolation by acid guanidinium thiocyanate-phenol-chloroform extraction. *Anal. Biochem.* 162: 156-159.
- Hogan, J.J., R.R. Gutell, and H.F. Noller. 1984. Probing the conformation of 18S rRNA in yeast 40S ribosomal subunits with kethoxal. *Biochemistry* 23: 3322-3330.
- Hori, H. and S. Osawa. 1986. Evolutionary changes in 5S rRNA secondary structure and a phylogenetic tree of 352 5S rRNA species. *Biosystems.* 19: 163-172.
- Joo, W.H. 1989. Chemosystematic studies of the basidiomycetous yeast genera *Rhodospodium* and *Leucospodium*, Ph.D thesis, The University of Tokyo.
- Jukes, T.H. and C.R. Cantor. 1969. Evolution of protein molecules. Mammalian Protein Metabolism, Vol 3, ed. by H.N. Munro. Academic Press, New York, p.21-13
- Kraepelin, G. and U. Schulze. 1982. *Sterigmatosporidium* gen. nov., a new heterothallic basidiomycetous yeast, the perfect state of new species of *Sterigmatomyces* Fell. *Antonie van Leeuwenhoek* 48: 471-483
- Lane, D.J., B. Pace, G.J. Olsen, D.A. Stahl, M. Sogin, and N.R. Pace. 1985. Rapid determination of 16S ribosomal RNA Sequences for phylogenetic analyses. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 82: 6955-6959.
- Lee, G.-J., W.-G. An, J.-D. Lee, and W.H. Joo. 1995. Evolutionary relationships of the genus *Trichoderma* and related taxa based on the partial sequences of 18S ribosomal RNA. *Kor. J. Mycol.*

- Sanger, F., S. Nicklen, and A.R. Coulson. 1977. DNA sequencing with chain-terminating inhibitors. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 74: 5463-5467.
- Zukerkandl, E. and L. Pauling. 1967. Molecules as documents of evolutionary history. *J. Theor. Biol.* 8: 357-366.
- Yamada, Y., H. Kawasaki, M. Itoh, I. Banno and T. Nakase. 1988. *Tsuchiyaea* gen. nov., an anamorphic yeast genus for the Q₉-equipped organism whose reproduction is either by enteroblastic budding or by the formation of conidia which are disjointed at a septum in the mid-region of the sterigmata and whose cells contain xylose. *J. Gen. Appl. Microbiol.* 34: 507-510.
- Yamada, Y. and H. Kawasaki. 1989. The molecular phylogeny of the Q₈-equipped basidiomycetous yeast genera *Mrakia* Yamada et Komagata and *Cystofilobasidium* Oberwinkler et Bandoni based on the partial sequences of 18S and 26S ribosomal ribonucleic acids. *J. Gen. Appl. Microbiol.* 35: 173-183.
- Yamada, Y., Y. Nakagawa and I. Banno. 1989a. The phylogenetic relationship of the Q₉-equipped species of The heterobasidiomycetous yeast genera *Rhodosporeidium* and *Leucosporeidium* based on the partial sequence of 18S and 26S ribosomal ribonucleic acids: The proposal of the new genus *Kondoa*. *J. Gen. Appl. Microbiol.* 35: 377-385.
- Yamada, Y., H. Kawasaki, T. Nakase and I. Banno. 1989b. The phylogenetic relationship of the conidium forming anamorphic yeast genera *Sterigmatomyces*, *Kurtzmanomyces*, *Fellomyces* and *Tsuchiyaea* on the basis of the partial sequences of 18S and 26S ribosomal ribonucleic acids. *Agric. Biol. Chem.* 53: 2993-3001.
- Yamada, Y. and Y. Nakagawa. 1990. The molecular phylogeny of the basidiomycetous yeast species, *Leucosporeidium scottii* based on the partial sequences of 18S and 26S ribosomal ribonucleic acids. *J. Gen. Appl. Microbiol.* 36: 63-68.
- Yamada, Y., Y. Nakagawa and I. Banno. 1990. The molecular phylogeny of the Q₁₀-equipped species of The heterobasidiomycetous yeast genus *Rhodosporeidium* Banno based on the partial sequences of 18S and 26S ribosomal ribonucleic acids. *J. Gen. Appl. Microbiol.* 36: 435-444.