

## 연초에서 발생하는 복숭아혹진딧물 (*Myzus persicae*) 형태형 2종의 Random Amplified Polymorphic DNA(RAPD)을 이용한 유전적 유연관계 분석

### Genetic Relationships of the Two Morphological Types of *Myzus persicae* (Homoptera: Aphididae) Collected from Tobacco Plants Based on Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD)

채순용 · 이기원 · 김상석 · 장영덕<sup>1</sup>

Soon Yong Chae, Ki Won Lee, Sang Seock Kim and Young Duck Chang<sup>1</sup>

**Abstract** – Random amplified polymorphic DNA (RAPD) markers were used to analyze genetic similarity among 8 clones of apterous green peach aphid, two types (*M. persicae* Sulzer and *M. nicotianae* Blackman) classified by their morphological characters and host preference (Blackman, 1987), collected from tobacco plants. The genetic variation among these clones was evaluated by polymerase chain reaction amplification with 20 random primers. The higher GC contents of primers, the better in amplification efficiency of PCR reaction in general. The genetic similarities among eight aphid clones were analyzed from UPGMA (unweighted pair group average method) cluster analysis based on simple matching coefficient. The range of genetic similarity coefficients was 0.414 to 0.808. The most close relationship among the clones was similarity coefficient of 0.808 between the PG2 and the PG3 clone. The eight aphid clones analyzed were clustered into three groups by the genetic similarity coefficient. The first group, PG1, PG2, PG3 clone including in *M. persicae* type by their morphological characters and RED clone in *M. nicotianae* type was clustered at the genetic similarity coefficient of 0.643. The second group, GR1, GR2, BRN in *M. nicotianae* type was at the 0.636, and the third group was DBR clone in *M. persicae* type. The results did not indicate any correlation between morphological types (*M. persicae* and *M. nicotianae*) and RAPD polymorphism. We could not detect any obvious genetic relationships of the two morphological types of the green peach aphid collected from tobacco plants.

**Key Words** – *Myzus persicae*, *Myzus nicotianae*, RAPD, PCR

**초 록** – 연초에서 채집하여 Blackman (1987)의 기주 선호성과 형태적인 특징을 이용하여 분류한 방법에 의해 두가지 타입 (*M. persicae* Sulzer와 *M. nicotianae* Blackman)으로 구분된 무시성충 복숭아혹진딧물 8 클론의 유전적 특성을 분석을 위하여 RAPD-PCR 방법을 이용하였다. 사용된 random primer (10-mer) 100개 중에서 20개의 primer를 선발하였는데 GC content가 70, 80, 90%인 primer에서 각각 26.9%, 50.0% 및 66.6%로 GC content가 높아질수록 PCR 결과 band의 양상이 좋게 나타났다. simple matching coefficient를 구하여 matrix를 작성해 본 결과 유사계수 (similarity coefficient)의 범위는 0.414~0.808 사이이었다. 복숭아혹진딧물 clone 간에 유사계수가 가장 높은 것은 PG2와 PG3 클론으로 0.808로 나타났으며, DBR 클론을 기준으로 하여 볼 때 PG2 클론간의 유사계수는 0.414로 유사도

한국인삼연초연구원 (Korea Ginseng and Tobacco Research Institute, Taejon 305-345, Korea)

<sup>1</sup>충남대학교 농과대학 농생물학과 (Dept. of Agricultural Biology, College of Agriculture, Chungnam National University, Taejon 305-764, Korea)

가 가장 낮았다. 유사계수를 이용하여 8가지 클론의 진딧물들에 대한 유전적 근연 관계를 살펴보면 *M. persicae* type에 속하는 PG1, PG2, PG3 클론들과 *M. nicotianae* type에 속하는 RED 클론이 유사도 0.643에서 한 그룹, *M. nicotianae* type에 속하는 GR1, GR2, BRN 클론들이 유사도 0.636에서 유연관계가 있었으며 그리고 *M. persicae* type에 속하는 DBR 클론 등 세개의 그룹으로 구분되었다. 따라서 연초에서 발생한 복숭아혹진딧물 형태형 2종 (*M. persicae*와 *M. nicotianae*)에 대하여 RAPD 기법을 이용하여 분석해 본 결과 뚜렷한 유전적 유연관계는 발견하지 못하였다.

**검색어** - *Myzus persicae*, *Myzus nicotianae*, RAPD, PCR

## 서 론

연초포장에서 매우 다양한 종류의 체색을 지니고 출현하고 있는 복숭아혹진딧물 (*Myzus persicae* Sulzer)은 식물에 대해 직접적인 가해뿐만 아니라 PVY나 CMV같은 식물 바이러스 병원균을 매개하여 많은 피해를 주고 있어 매우 문제시되는 해충이다. 일본에서는 황색, 녹색, 적색 등의 체색을 지닌 복숭아혹진딧물의 출현 밀도가 계절이나 기주 식물에 따라 다르게 나타나고 유전이 되는 것으로 보고되고 있다(Ueda와 Takada, 1977; Takada, 1981). 또한 미국 North Carolina 지역에서는 1985년 이전에는 연초포장에 발생하는 복숭아혹진딧물은 녹색의 체색을 띤 진딧물들이 우점종이었으나(Lampert와 Dennis, 1987), 1987년 이후에는 적색의 체색을 띤 복숭아혹진딧물들이 우점종으로 분포하고 있다고 보고되었다(Harlow 등, 1991). 한편 우리 나라의 연초 재배 산지에서 적색, 갈색, 녹색, 황색 등의 다양한 계통의 체색을 지닌 복숭아혹진딧물의 그룹들이 존재하고 있음이 보고되었다(손과 송, 1994).

연초포장에서 발생하는 복숭아혹진딧물 (green peach aphid, *Myzus persicae* Sulzer)은 1776년 Sulzer에 의해 *Aphis persicae*로 처음 명명된 이후 1860년 Passerini는 *Myzus*속으로 분류하였고(심 등, 1977), 1987년에 Blackman은 복숭아혹진딧물 부속지들의 외부 형태적인 특징 등을 비교 조사하여 담배를 기주로 하여 번식하는 진딧물을 다른 기주에서의 복숭아혹진딧물들과 구분하여 담배진딧물 (tobacco aphid, *Myzus nicotianae* Blackman)이라고 명명하였는데 그 이후 미국이나 영국 등에서는 담배에서 발생하는 복숭아혹진딧물을 담배진딧물로 구분하여 사용하고 있다(Abdel-Aal 등, 1992; Field 등, 1994).

동식물의 유전적 변이나 다양성, 그리고 종간이나 종내 유전적 변이에 관한 연구를 위해서 종래에는 외부 형태나 염색체 및 동위효소 등의 분석을 통해 군집을 구별하였으나(May와 Holbrook, 1978; Wool 등, 1978), 근래에는 분자생물학적 방법의 발달에 따라 생물의 유전적 변이나 계통분류학적인 연구에 RFLP (restriction fragment length polymorphism) 방법, RAPD (random amplified polymorphic DNA) 방법 (Williams 등, 1990;

Hadrys 등, 1992)과 더불어 AP-PCR (arbitrarily primed polymerase chain reaction) 방법 (Welsh 등, 1991)을 많이 사용하고 있다. 이러한 RAPD 기법은 유용한 농작물 (Fukuoka 등, 1992)의 유전 육종에 관한 연구뿐만 아니라 곤충 (Chapco 등, 1992; Erlich과 Arnheim, 1992)을 대상으로 한 유전적 분석 연구 등에도 활발하게 이용되고 있다.

Bush 등(1989)은 Texas에서 수집한 진딧물 clone을 대상으로 allozyme 분석을 통하여 유전적인 관계를 밝히고자 하였으나 차이점을 발견하지 못하였고, Black 등(1992)은 4종의 진딧물의 중간 유전적 변이와 체내에 기생하는 기생봉을 확인 구분하는데 RAPD 방법을 이용하였다. Puterka 등(1993)도 역시 미국 서부지역에서 *Diuraphis noxia*를 수집하여 동위효소를 이용하여 유전적인 분석을 시도하였으나 차이점을 발견하지 못하였는데 전세계에 두루 존재하는 *D. noxia*를 수집하여 이를 대상으로 RAPD 방법을 이용하여 종내 변이 현상을 분석하여 유전 관계를 밝혔다. 또한 De Barro 등(1995)은 밀과 식물인 cocksfoot grass에 서식하는 grain aphid인 *Sitobion avenae*를 RAPD 방법을 사용하여 그 유전관계를 설명하였으며, Apostol 등(1996)은 Puerto Rico에 서식하는 모기 *Aedes aegypti*의 번식 형태를 설명하기 위한 연구에서 RAPD 방법을 이용한 바 있다.

따라서 본 연구에서는 연초포장에서 발생하는 *M. persicae*와 *M. nicotianae*로 구분된 복숭아혹진딧물 무시성충 클론들간의 유전적 연관성을 알아보고자 RAPD 방법을 이용하여 조사 분석하였다.

## 재료 및 방법

### 실험곤충

본 시험에 사용된 복숭아혹진딧물은 1994년 6월 중순 대전에 있는 한국인삼연초연구원 연초 시험포장에서 서로 다른 연초 식물에서 군집을 이루고 있는 복숭아혹진딧물 무시충을 채집하여 각 군집에서 무시 약충 1개체를 선발하였다. 선발된 무시충은 플라스틱 용기(11×13 cm)에 넣은 연초 (*Nicotiana tabacum* cv. Burley 21)의 잎에 접종하여 항온기 (25±1°C, 16시간의 광주선)에

Table 1. Green peach aphid clones used for random amplified polymorphic DNA (RAPD) PCR analysis

Aphid clones	Color morph	Morphological groups*	Host plant
RED	Red		
BRN	Brown	<i>M. nicotianae</i> type	Tobacco ( <i>N. tabacum</i> cv. Burley 21)
GR1	Green		
GR2	Green		
DBR	Dark brown		
PG1	Pale green	<i>M. persicae</i> type	
PG2	Pale green		
PG3	Pale green		

\* Blackman(1987)  
 Linear discriminant functions,  
 LDFs; Function 1=(204 × urs) - (53 × ht II)  
 Function 2=(185 × urs) - (37 × base VI).  
*Myzus persicae* type = Function 1 ≤ 18 and Function 2 ≤ 17.  
*M. nicotianae* type = Function 1 ≥ 18 and Function 2 ≥ 17.

서 2~3일 간격으로 먹이를 갈아주면서 단위생식을 통해서 번식토록 한 무시성충의 진딧물을 실험군충으로 사용하였다. 체색형별 무시성충 진딧물은 Blackman (1987) 이 제시한 분류방법 {Linear discriminant functions, LDFs; Function 1=(204 × urs) - (53 × ht II), Function 2=(185 × urs) - (37 × base VI)}을 이용하여 Function 1의 값이 18보다 작고 Function 2의 값이 17보다 작은 것은 *Myzus persicae* type으로, Function 1의 값이 18보다 크며 Function 2의 값이 17보다 큰 것은 *M. nicotianae* type으로 동정하여 외부 형태적으로 구분된 형태종 2종, 즉 *M. nicotianae* 타입에 속하는 적색형 1클론 (RED), 갈색형 1클론 (BRN), 녹색형 2클론 (GR1, GR2)과 그리고 *M. persicae* 타입에 속하는 암갈색형 1클론 (DBR), 연녹색형 3클론 (PG1, PG2, PG3)이었으며 (채 등, 1995), -70°C 냉동기에 보관하면서 클론별 genomic DNA를 추출하여 시료로 사용하였다 (Table 1).

**Total DNA 분리**

클론별 진딧물 30 mg을 채취하여 eppendorf tube에 넣고 액체질소를 첨가하여 일회용 homogenizer로 마쇄하고 DNA extraction buffer (0.2 M Tris-HCl, pH 7.5, 0.25 M NaCl, 25 mM EDTA, 0.5% SDS)를 400 µl 첨가하여 한번 더 마쇄한 다음 가볍게 흔들어 혼합한 후 상온에 30분 정도 방치하였다. 그 다음 4°C에서 12,000g로 5분간 원심분리한 후 상등액을 취하여 새로운 tube에 옮긴 다음 동량의 phenol/chloroform을 첨가하여 부드럽게 흔들어 혼합한 후 12,000 g로 5분간 원심분리하였다. 새로운 tube에 상등액을 취한 후 동량의 isopropanol을 넣어 부드럽게 흔들어 준 다음 -20°C에 30분

간 방치하고 12,000 g로 10분간 원심분리하여 DNA를 침전시킨 후 70%, 100%의 에탄올로 각각 세척하여 진공 냉동건조하였다. 냉동건조한 DNA pellet은 50 µl TE buffer (10 mM Tris, 1 mM EDTA, pH 8.0)에 다시 용해하여 사용하였다. 최종적으로 얻어진 total DNA를 agarose gel 상에서 전기영동하여 single band로 분리되는 것을 확인한 후 A<sub>260</sub>의 흡광도에서 UV/VIS spectrophotometer로 정량하였다.

**RAPD-PCR**

PCR (thermal reactor, Hybaid)은 95°C에서 2분간 DNA를 변성시킨 다음, 96°C에서 1분간 DNA를 변성시키고 37°C에서 1분간 annealing, 72°C에서 2분간 extension하여 DNA를 증폭시키는 것을 1 cycle로 하여 45회 증폭한 후 마지막으로 72°C에서 10분간 last extension시킨 다음 4°C에서 유지하는 조건으로 실시하였다. PCR 반응액은 20 µl Premix-Top{250 µM dNTP, 50 mM Tris-HCl (pH 9.0), 40 mM KCl, 1.5 mM MgCl<sub>2</sub>, 한국생공}을 사용하여 이루어졌으며 여기에 template DNA 10 ng과 random primer 10 pmol을 첨가한 다음

Table 2. Nucleotide sequence and GC content of random primers used for random amplified polymorphic DNA (RAPD) PCR analysis in the green peach aphid

Primer number*	Sequence (5' to 3')	GC content (%)
203	CACGGCGAGT	70
204	TTCGGGCCGT	70
208	ACGGCCGACC	80
243	GGGTGAACCG	80
250	CGACAGTCCC	70
253	CCGTGCAGTA	60
264	TCCACCGAGC	70
268	AGGCCGCTTA	60
270	TGCGCGCGGG	90
272	AGCGGGCCAA	70
273	AATGTGCCCA	50
280	CTGGGAGTGG	70
283	CGGCCACCGT	80
284	CAGGCGCACA	70
286	CGGAGCCGGC	90
287	CGAACGGCGG	80
289	ATCAAGCTGC	50
296	CCGCTGGGAG	80
297	GCGCATTAGA	50
300	GGCTAGGGCG	80

\* Primer number are taken from the RAPD Primer Set 100/3 of UBC (University of British Columbia).

mineral oil로 증충하여 반응 중 용액의 증발을 예방하였다. 복숭아혹진딧물의 RAPD에 적합한 primer를 선발하고자 100종의 random primer (University of British Columbia RAPD Primer Set 100/3)를 사용하여 실내에서 사육한 진딧물의 total DNA에 대하여 동일한 조건하에서 PCR을 수행하였으며 각 primer 별로 band 양상이 뚜렷한 20개의 primer를 선발하였다 (Table 2).

### 전기영동

PCR 반응이 끝난 후 1.5% agarose gel 상에서 50 V의 조건으로 1시간 정도 전기영동 (Mupid-2 kit)을 실시하였다. Marker로는 1 kb ladder (Pharmacia Biotech)를, 전기영동 buffer로는 0.5 M TBE buffer (45 mM Tris-borate, 1 mM EDTA)를 사용하였다. 전기영동이 완료된 후 ethidium bromide (0.5 µg/ml) 용액으로 30분간 염색한 후 증류수에 30분 정도 세척한 다음 UV transilluminator 상에서 DNA band 양상을 관찰하고 사진을 촬영하였다.

### UPGMA 분석

클론간 유사도는 RAPD-PCR 결과 marker 밴드의 유무에 따라 1, 0으로 Data Matrix를 작성하였고, Cluster 분석은 W.L. Kovach의 IBM PC용 Multi Variate Statistics Package (MVSP, Ver. 2.0a) 프로그램의 UPGMA 분석 방법을 이용하였으며 클론간 진딧물들의 유사도를 검토 분석하여 이를 근거로 dendrogram을 작성하였다.

## 결과 및 고찰

연초포장에서 채집한 8가지 clone의 복숭아혹진딧물을 대상으로 유전적 유연관계를 알아보기 위하여 RAPD 분석을 실시하였다. 본 연구에서는 복숭아혹진딧물 genomic DNA template에 대한 random primer의 일정한 annealing 조건 (37°C, 1분)하에서 PCR을 실시하여 100종류의 UBC random primer의 증폭도를 분석하여 본 결과 20개의 primer가 선발되었다 (Table 2). 복숭아혹진딧물의 RAPD 분석에 사용한 primer들의 GC content에 따른 PCR 결과를 보면 Table 3에서 보는 바와 같이 GC content가 30%인 것에서는 좋은 결과가 나타나지 않았고, GC content가 50%와 60%인 것에서는 증폭도가 좋은 것이 각각 9.4%와 7.7%로 나타났으며, 그리고 70%, 80%, 90%인 것에서는 26.9%, 50.0%, 66.6%로 나타나 primer의 GC content가 높아질수록 PCR 결과들의 band 양상이 좋게 나타났다.

Williams 등 (1990)에 의하면 PCR 반응에서 genomic DNA를 증폭시켜 밴드를 확인할 수 있는 10-mer oligonucleotide primer의 염기 조성과 길이에 있어서 G+C

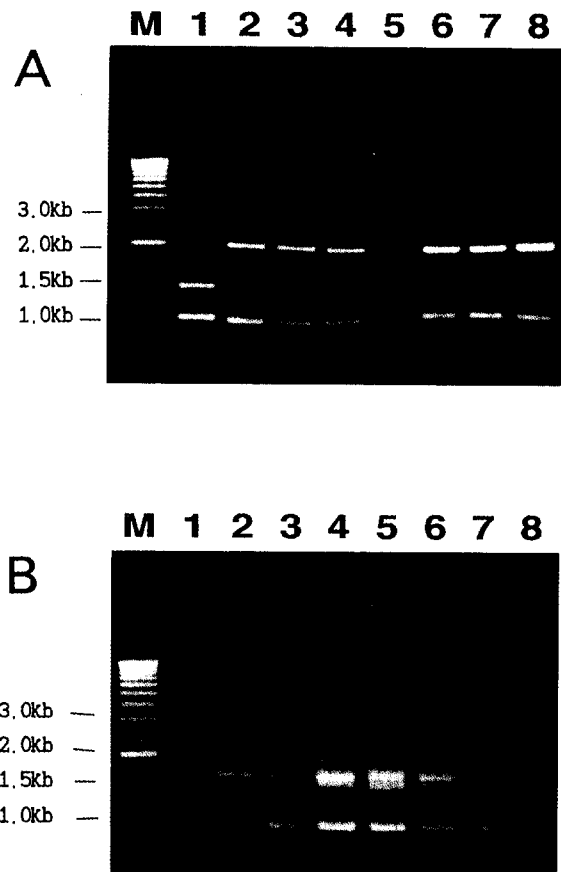


Fig. 1. Electrophoresis patterns showing PCR amplification products generated from the green peach aphid clones with primer (A) UBC No. 250 (5'-CGACAGTCCC-3') and (B) UBC No. 273 (5'-AATGTCGCCA-3') on 1.5% agarose gel.

Lane M: DNA Maker (1kb ladder), 1: DBR, 2: PG1, 3: PG2, 4: PG3, 5: RED, 6: BRN, 7: GR1, 8: GR2

content는 일반적으로 40% 이상이어야 하며 유용한 최소한의 primer 길이는 9개의 염기를 가져야 한다고 하였다. 그리고 Fukuoka 등 (1992)은 primer의 염기서열이 하나라도 바뀌면 밴드의 양상이 변한다고 하였으며 염기 중에서 A나 T가 G나 C로 변하면 증폭되는 DNA 밴드의 수도 증가하였고 이는 primer의 GC content가 증가함에 따른 결과일 것이라고 하였다. 본 실험에서도 GC content가 높아질수록 PCR 결과가 좋게 나타난 것으로 보아 복숭아혹진딧물을 대상으로 random primer를 사용하여 RAPD-PCR을 수행할 경우에는 일반적으로 70% 정도의 GC content가 높은 것부터 선택 사용하여 실시하는 것이 분석시간을 단축하는데 유리하다고 생각된다.

연초포장에서 발생하는 복숭아혹진딧물 무시성충의 8클론에 대하여 선발된 20개의 primer를 사용하여

Table 3. Efficiency of the random primers by RAPD PCR in green peach aphid

Amplification efficiency	GC content of primers (%)													
	30		50		60		70		80		90		Total	
	No.	%	No.	%	No.	%	No.	%	No.	%	No.	%	No.	%
Good	0	0.0	3	9.4	2	7.7	7	26.9	6	50.0	2	66.6	20	20.0
Poor	0	0.0	2	6.2	5	19.2	7	26.9	2	16.7	0	0.0	16	16.0
Bad	1	100.0	27	84.4	19	46.1	12	46.2	4	33.3	1	33.3	64	64.0
Total	1		32		26		26		12		3		100	

Table 4. Simple matching coefficient matrix using 99 random amplified polymorphic DNA (RAPD) bands from 8 aphid clones

DBR	1								
PG1	0.545	1							
PG2	0.414	0.687	1						
PG3	0.465	0.717	0.808	1					
RED	0.535	0.566	0.657	0.707	1				
BRN	0.566	0.576	0.505	0.596	0.626	1			
GR1	0.616	0.606	0.475	0.566	0.455	0.626	1		
GR2	0.535	0.687	0.616	0.727	0.535	0.646	0.697	1	
	DBR	PG1	PG2	PG3	RED	BRN	GR1	GR2	

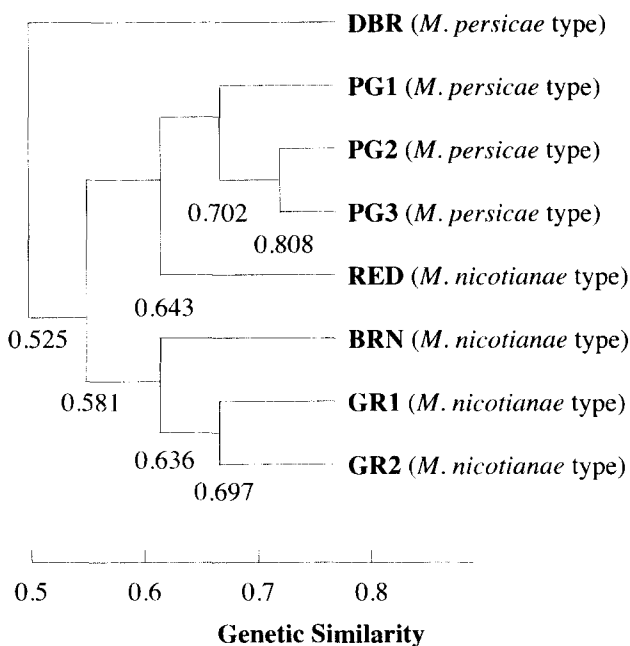


Fig. 2. Dendrogram of UPGMA (unweighted pair group average method) cluster analysis based on simple matching coefficient of 99 random amplified polymorphic DNA (RAPD) bands showing relationship among the 8 green peach aphid clones.

RAPD-PCR을 실시한 후 전기영동하여 분석하여 본 결과 primer에 따라 4000~400 bp 사이에서 3~9개의 구분이 가능한 밴드들이 나타났다(Fig. 1). 전기영동 결과로부터 99개의 RAPD marker를 얻어 band의 유무를 코드화하여 simple matching coefficient를 구하여 matrix를 작성해 본 결과 유사계수(similarity coefficient)의 범위는 0.545~0.808 사이에 있었다(Table 4). 형태적으로 *M. persicae* type에 속하는 암갈색의 체색을 지니고 있는 DBR 클론을 기준으로 하여 볼 때 *M. persicae* type에 속하는 연녹색의 체색을 띤 PG2 클론간의 유사계수는 0.414로 유사도가 가장 낮게 나타났다. 그리고 진딧물 클론들 중에서 유사계수가 가장 높은 것은 *M. persicae* type에 속하는 연녹색의 PG2와 PG3 클론으로서 0.808로 나타났으며 그 다음은 *M. persicae* type에 속하는 연녹색의 체색을 지닌 PG3 클론과 *M. nicotianae* type에 속하는 적색의 RED 클론으로 0.707로 나타났다.

복숭아혹진딧물 무시성충의 클론간의 유연관계를 알아보기 위하여 simple matching coefficient를 근거로 하여 UPGMA cluster 분석을 실시하였는데 유사계수를 이용하여 8 클론의 유전적 근연 관계를 살펴본 결과 형태적으로 *M. persicae* type에 속하는 PG1, PG2, PG3 클론들과 *M. nicotianae* type에 속하는 RED 클론이 유사도 0.643에서 한 그룹, *M. nicotianae* type에 속하는 GR1, GR2, BRN 클론들이 유사도 0.636에서 한 그룹 그리고

*M. persicae* type에 속하는 DBR 클론 등 세 개의 그룹으로 크게 구분되었다(Fig. 2). Blackman (1987)이 제시한 전형적인 형태학적 분류 방법에 따라 현미경으로 관찰한 결과 DBR과 PG1, PG2, PG3 클론은 *M. persicae* type에 속하였으며, RED, GR1, GR2, BRN 클론은 *M. nicotianae* type으로 분류된 바 있는데(채 등, 1995), 외부 형태적 특징으로 *M. persicae* type에 속하는 연녹색 체색을 지닌 PG2와 PG3 클론 사이의 유사도가 0.808로 나타났고, 그리고 이들과 PG1 클론과는 0.702로 유사도가 높게 나타났다. 또한 외부 형태적으로 *M. nicotianae* type에 속하는 녹색의 체색을 지닌 GR1과 GR2 클론들 사이의 유사도가 0.697로 비교적 높은 유연관계가 있는 것으로 나타났다. 그러나 특히 *M. persicae* type에 속하는 암갈색의 체색을 띠는 DBR 클론은 형태적으로 같은 그룹인 *M. persicae* type에 속하는 연녹색의 PG1, PG2, PG3 클론들과의 유사도가 0.414~0.545로서 유전적으로 유연관계가 매우 낮게 나타났으며, *M. nicotianae* type에 속하는 RED 클론도 형태적으로 같은 그룹인 *M. nicotianae* type에 속하는 GR1, GR2 클론과 유사도가 0.455, 0.535로서 유전적인 유연관계가 매우 낮게 나타나는 것으로 보아 형태적 유사도와 유전적 유사도는 상당히 다른 양상을 보이고 있었다.

따라서 형태적으로 *M. persicae*에 속하는 DBR 클론은 PG1, PG2, PG3 클론들과의 유전적 근연관계에 있어서 유사도가 가장 낮게 나타났을 뿐만 아니라 *M. nicotianae* 그룹에 속하는 클론들과도 유사도가 낮아 다른 그룹들과는 크게 구별되는 특이한 유전적 구조를 가지고 있는 것으로 추정된다. Chapco 등(1992)에 의하면 멸구 개체군의 계통유전 연구에서 같은 종내 개체들은 평균 percent 유사도가 51.2%이나 같은 속내에서 종간의 유사도는 35.0%로 나타났다고 하였으며, Landry 등(1993)도 난 기생봉의 유전 분석에서 같은 계통내의 유전적인 변이는 차이가 0.37 이하로 적게 나타나지만, 계통간의 유전적 변이는 0.6 이상으로 크게 나타난다고 보고하였다. 한편 RAPD 기법을 이용하여 복숭아혹진딧물의 기주 선호성과 개체군과의 유전적 차이는 발견하지 못하였다고 보고하였는데(김 등, 1996), 본 실험에서는 복숭아혹진딧물 클론간의 유사계수의 범위는 0.545~0.808로서 무시진딧물 성충의 체색 및 형태적인 특징과 상관없이 종내 유전적 변이가 상당히 있는 것으로 생각된다. 그리고 Blackman(1987)이 연초와 연초 이외의 기주 선호성 및 형태적인 특징을 근거로 *M. nicotianae*와 *M. persicae*를 서로 다른 종으로 분류하였는데 연초에서 발생하는 복숭아혹진딧물이 비록 외부 형태적으로는 두가지 형태형으로 서로 구분이 되었지만, RAPD를 이용한 유전적인 유연관계는 일치하지 않았다. 따라서 외부 형태적인 특징에 의한 분류와 RAPD를 이용한 유전적인 분류를 위하여 여러가지 기주에서 발생하는 복숭아혹진딧

물을 대상으로 보다 많은 연구를 실시하여야 할 것으로 생각된다.

## 인용 문헌

- Abdel-Aal, Y.A.I., E.P. Lampert, R.M. Roe & P.J. Semtner. 1992. Diagnostic esterase and insecticide resistance in the tobacco aphid, *Myzus nicotianae* Blackman (Homoptera : Aphididae). Pestic. Biochem. Physiol. 43: 123~133.
- Apostol, B.L., W.C. Black, P. reiter & B.R. Miller. 1996. Population genetics with RAPD-PCR markers: the breeding structure of *Aedes aegypti* in Puerto Rico. Heredity 76: 325~334.
- Blackman, R.L. 1987. Morphological discrimination of a tobacco-feeding form from *Myzus persicae* (Sulzer) (Homoptera : Aphididae), and a key to New World *Myzus* (Nectarosiphon) species. Bull. Entomol. Res. 77: 713~730.
- Black IV, W.C., N.M. DuTeau, G.J. Puterka, J.R. Nechols & J.M. Pettorini. 1992. Use of the random amplified polymorphic DNA polymerase chain reaction (RAPD-PCR) to detect DNA polymorphisms in aphids (Homoptera : Aphididae). Bull. Entomol. Res. 82: 151~159.
- Bush, S., J.E. Slosser & W.D. Worrall. 1989. Variations in damage to wheat caused by the Russian wheat aphid (Homoptera : Aphididae) in Texas. J. Econ. Entomol. 82: 466~472.
- 채순용, 김영호, 김상식, 박은경. 1995. 담배 재배 포장에서 발생하는 복숭아혹진딧물의 형태적 특징 및 감자 바이러스 Y의 실험적 전염. 한국연초학회지 17: 49~56.
- Chapco, W., N.W. Ashton, R.K.B. Martel & N. Anatonishyn. 1992. A feasibility study of the random amplified polymorphic DNA in the population genetics and systemics of grasshoppers. Genome 35: 569~574.
- De Barro, P.J., T.N. Sherratt, C.P. Brookes, O. David & N. MacLean. 1995. Spatial and temporal genetic variation in British field populations of the grain aphid *Sitobion avenae* (F.) (Homoptera : Aphididae) studied using RAPD-PCR. Pro. R. Soc. Lond. B. Biol. Sci. 262: 321~327.
- Erlich, H.A. & N. Arnheim. 1992. Genetic analysis using the polymerase chain reaction. Annu. Rev. Genet. 26: 479~506.
- Field, L.M., N. Javed, M.F. Stribley & A.L. Devonshire. 1994. The peach-potato aphid *Myzus persicae* and the tobacco aphid *Myzus nicotianae* have the esterase-based mechanisms of insecticide resistance. Insect Molecular Biology 3: 143~148.
- Fukuoka, S., K. Hosaka & O. Kamijima. 1992. Use of random amplified polymorphic DNAs (RAPDs) for identification of rice accessions. Jpn. J. Genet. 67: 243~252.

- Hadrys, H., M. Black & B. Schierwater. 1992. Application of random amplified polymorphic DNA (RAPD) in molecular ecology. *Molecular Ecology* 1: 55~63.
- Harlow, C.D., P.S. Southern & E.P. Lampert. 1991. Geographic distribution of two color forms, carboxylesterase activity and chromosome configuration of the Tobacco aphid (Homoptera: Aphididae) in North Carolina. *J. Econ. Entomol.* 84: 1175~1179.
- Kim, H.J., K.S. Boo & K.H. Cho. 1996. Absence of DNA polymorphisms in *Myzus persicae* (Homoptera : Aphididae) in relation to their host plants. *Korean J. Appl. Entomol.* 35: 209~215.
- Lampert, E.P. & C.A. Dennis. 1987. Life history of two color morphs of the green peach aphid (Homoptera : Aphididae) on flue-cured tobacco. *Tobacco Sci.* 31: 91~93.
- Landry, B.S., L. Dextraze & G. Boivin. 1993. Random amplified polymorphic DNA markers for DNA fingerprinting and genetic variability assessment of minute parasitic wasp species (Hymenoptera : Mymaridae and Trichogrammatidae) used in biological control programs of phytophagous insects. *Genome* 36: 580~587.
- May, B. & F.R. Holbrook. 1978. Absence of genetic variability in the green peach aphid, *Myzus persicae* (Homoptera : Aphididae). *Ann. Entomol. Soc. Am.* 71: 809~812.
- Puterka, G.J., W.C. Black IV, W.M. Steiner & R.L. Burton. 1993. Genetic variation and phylogenetic relationships among worldwide collections of the Russian wheat aphid, *Diuraphis noxia* (Mordvilko), inferred from allozyme and RAPD-PCR markers. *Heredity* 70: 604~618.
- 손준수, 송유한. 1994. 담배포장에서 복숭아혹진딧물의 체색형별 발생과 생태적 특성. *한국연초학회지* 16: 76~83.
- 심재영, 박중수, 백운하, 이영복. 1977. 복숭아혹진딧물 (*Myzus persicae* Sulzer)의 생활사에 관한 연구. *한국식물보호학회지* 16: 139~144.
- Takada, H. 1981. Inheritance of body colors in *Myzus persicae* (Sulzer) (Homoptera : Aphididae). *Appl. Ent. Zool.* 16: 242~246.
- Ueda, N. & H. Takada. 1977. Differential relative abundance of green-yellow and red forms of *Myzus persicae* (Sulzer) (Homoptera : Aphididae) according to host plant and season. *Appl. Ent. Zool.* 12: 124~133.
- Welsh, J., C. Petersen & M. McClelland. 1991. Polymorphisms generated by arbitrarily primed PCR in the mouse: application to strain identification and genetic mapping. *Nucleic Acids Res.* 19: 303~306.
- Williams, J.G.K., A.R. Kuubelik, K.J. Livak, J.A. Rafalski & S.V. Tingey. 1990. DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful genetic markers. *Nucleic Acids Research* 18: 6531~6535.
- Wool, D., S. Bunting & H.F. van Emden. 1978. Electrophoretic study of genetic variation in british *Myzus persicae* (Sulz.) (Homoptera : Aphididae). *Biochem. Genet.* 16: 987~1006.

(1997년 9월 29일 접수, 1998년 2월 11일 수리)