

# 수환경변화에 따른 갈대와 달뿌리풀의 유전적 변이 및 유연관계

김용현, 김주환\*

대전대학교 생명과학과

## Genetic variations and relationships of *Phragmites japonica* and *P. communis* according to water environment change

Yong-Hyun Kim and Joo-Hwan Kim\*

Department of Biology, Daejeon University, Daejeon 300-716, Korea

**Abstract** - We performed RAPD analysis to investigate the inter-/intraspecific relationships and regional variations of *Phragmites japonica* and *P. communis* according to the environmental change. One hundred and forty nine genetic effective polymorphic bands between 300 bp and 1,900 bp were marked from RAPD PCR with nine oligoprimers. From the RAPD analysis by Nei-Li's genetic distance, the dissimilarity indices among the populations of *Phragmites japonica* were relatively low from 0.012 to 0.061, and *Phragmites communis* were also low from 0.033 to 0.095. It showed the close genetic relationships among the same species populations, and both species were distinctly independent with relatively high level of dissimilarity indices (0.043 - 0.132). The obvious genetic markers to distinguish two species were confirmed and those profiles were suggested. From the UPGMA phenogram by RAPD analysis, both species showed the water environment related cluster patterns by distributional regions. RAPD analysis was useful to delimit two species taxonomically and to investigate the genetic relationships among inter-/intraspecific populations.

**Key words** - RAPD, genetic marker

### 서 언

달뿌리풀(*Phragmites japonica* Steud.)과 갈대(*P. communis* Trin.)는 갈대속에 속하는 다년초로서 중국, 한국, 일본, 러시아, 쿠릴 열도 등 온대지방에 주로 분포한다(Wu *et al.* 2006). 갈대는 *Arundo phragmites* L. (1753)라는 이름으로 처음 소개된 이래 1778년 *Arundo vulgaris* Lamarck에서, 1820년 *Phragmites communis* Trin.으로 속명이 변화하였다(Lee, 1996). 달뿌리풀은 1854년 *Phragmites japonica* Steud.으로 처음 소개되었다.

달뿌리풀은 주로 하천의 모래땅, 갈대는 교란이 심한 하천이나 습지에 주로 생육하는 다년초로서 현지조사에 의하면 달뿌리풀은 인간의 간섭이 없었다고 판단되는 자연하천에서부터 교란이 심한 하천에 이르기까지 폭넓게 분포했

고, 반면 갈대는 주로 교란이 심한 하천에서 생육하는 것으로 나타났다. 두 종은 근경의 마디에서 뿌리가 내리며, 달뿌리풀은 마디에 털이 있고 갈대는 털이 있거나 없다. 달뿌리풀의 근경은 지상으로 뻗고 갈대는 땅속으로 길게 뻗는다. 잎은 호생하며 긴 피침형으로 동일하고, 잎의 너비는 달뿌리풀 2~3 cm, 갈대 2~4 cm로 비슷하다. 엽초는 원줄기를 둘러싸고 있는데 달뿌리풀은 털이 있고 갈대는 털이 있거나 없으며, 달뿌리풀은 엽초 윗부분에 자줏빛이 돌기도 한다. 달뿌리풀 제 1포영의 길이는 최하 호영의 1/2~3/5이고, 갈대 제 1포영의 길이는 최하 호영의 1/2이하로 구분이 모호하다(Park *et al.*, 2004; Wu *et al.* 2007). 꽃은 달뿌리풀이 8~9월, 갈대가 9월에 개화하며, 자주색의 원추화서로 갈대는 후에 자갈색으로 변한다. 또한 성체는 달뿌리풀이 1.5~3 m, 갈대가 1~3 m(Lee, 2003; Ohwi, 1984)로 두 종간에 분류학적 형질의 불연속성을 찾기가 매우 어렵다.

\*교신저자(E-mail) : sysbot@dju.kr

상기한 바와 같이 두 종은 생육지뿐 아니라 형태학상으로도 매우 유사하여 분류학적으로 명확한 한계설정이 모호한 문제점이 제기되고 있다. 현재까지 본 속에 대한 분류학적 연구는 극히 미약한 실정이다. 갈대의 지역별 유전적 다양성에 관한 연구(Koppitz, 1999; Keller, 2000)가 보고되었으나, 구체적인 결과의 도출은 미약한 실정이다. 따라서 형태적인 방법과 함께 분자유전학적 방법을 이용한 종 특이적 분자 marker에 대한 연구의 필요성이 요구되고 있다.

따라서 본 연구에서는 RAPD (Williams *et al.*, 1990) 분석방법을 이용하여 갈대속 식물 두 종의 중간 유전적 변이를 알아봄으로써 종 특이적인 분자 marker의 개발과 함께 종 동정의 난해성을 해결해 보고자하며, 아울러 수환경 변화에 따른 종내의 유전적 유연관계를 살펴보고자 한다.

## 재료 및 방법

### 재료

본 연구에 사용된 재료는 생태적 분포양상에 따라 생육지별로 구분한 하천을 인간의 간섭정도에 따라서 자연하천과 교란하천으로 구분하여 2005년 6월부터 7월까지 현지에서 직접 채집한 달뿌리풀과 갈대 2종의 21집단을 연구재료로 이용하였다(Table 1). 채집지역으로 선정된 자연하천은 인간의 간섭이 없었다고 판단되는 11지역이었으며, 한반도 중부지역에서 해발고도 600 m 이상인 산간계류지역을 상류, 해발고도 400~500 m인 산간~평지하천이 혼합된 지역인 중류, 해발고도 300 m 이하인 평지하천을 하류로 구분하였다(Kim, 2006). 또한, 교란하천은 6지역이었으며, 도시화에 따라 일차적으로 도시하천과 농촌하천으로 구분한 후, 교란의 원인에 따라 농촌하천은 경작지역과 가축사육지역으로, 도시하천은 대도시와 중소도시지역으로 구분하였다. 본 연구에 사용된 재료의 증거표본은 대전대학교 생명과학과 식물표본실(TUT)에 보관하였다.

### 방법

#### 1) DNA extraction

DNA 추출을 위하여 채집된 식물의 잎은 얼음과 함께 ice box를 이용하여 실험실로 운반하였고 액체질소를 이용하여 막자사발로 파쇄 하였다.

DNA 추출은 2X CTAB method (Doyle and Doyle, 1987)를 다소 변형한 아래의 방법으로 실시하였다. 약

1.0g의 분말조직을 0.5% 2- $\beta$ -mercaptoethanol이 첨가된 15 ml의 extraction buffer (2% CTAB; 100mM Tris, pH 8.0; 50mM EDTA, pH 8.0; 500 mM NaCl)에 넣은 후 65°C에서 20분간 incubation하며, 조직 내 phenol 화합물, 탄닌 등의 불순물을 제거하기 위하여, extraction buffer에 2% PVP-40을 첨가하였다. Incubation 후 SEVAC용액 (chloroform:Isoamyl alcohol=24:1) 7.5 ml를 첨가하여, 8,000 g에서 30분간 원심분리하여 상등액을 취하고 이 부피의 2/3이 되는 양의 isopropanol을 첨가한 후, -20°C에서 12시간 이상 보관하였다가 8,000 g로 30분간 원심분리하여 DNA를 분리하였다. 분리된 DNA pellet은 70% ethanol로 세척한 후 TE buffer (1M Tris, 0.5M EDTA, pH 8.0)에 용해하며, GeneClean kit (Bio 101 Inc., CA, USA)와 Chelex 100 (Bio-Rad Lab., CA, USA)를 이용하여 DNA를 순수정제 하였다. 정제된 DNA는 0.7% Agarose gel로 전기영동한 후 1% EtBr로 염색하여 UV illuminator상에서 marker와의 밝기 정도를 비교하는 spot-test를 실시하여 그 농도를 계산하여 PCR반응에 사용하였다.

#### 2) RAPD

추출된 DNA로부터 RAPD절편의 증폭반응은 Perkin-Elmer 9700 thermal cycler에서 수행되었다. PCR반응은 전체 25 $\mu$ l 부피로 행하며, 10-50 ng DNA, 1 unit *Taq* DNA Polymerase, 10 mM Tris-HCl, pH 8.3, 50 mM KCl, 1.5 mM MgCl<sub>2</sub>, 0.001% gelatin, 0.5  $\mu$ M primer 및 200  $\mu$ M의 각 dATP, dCTP, dGTP, dTTP 등이 포함되어 있다. Primer는 NAPS (University of British Columbia)에서 제작된 No. 1-100의 10-mer oligo primer를 이용하였으며, 다음의 PCR반응에 사용되었다. ① 94°C에서 2min pre-denaturation, ② 94°C에서 30sec, 45°C에서 30sec, 72°C에서 30sec로 구성된 amplifying cycle을 40회 반복, 마지막으로 ③ 72°C에서 7min 동안 final extension으로 구성된 3단계의 PCR과정을 거쳐 dsDNA template를 만들어 내었다. 이때 각각의 primer에 대한 상기의 PCR과정을 통한 screening을 실시하여, 선택된 primer별로 3회 이상의 반복실험을 수행하여 재현성이 뚜렷한 것만을 유용한 primer로 결정하였다(Table 2). PCR을 통하여 합성된 DNA product는 1 $\times$ 10<sup>-4</sup>% EtBr이 포함된 1.5% Agarose gel로 전기영동하여 UV-illuminator상에서 band를 확인

Table 1. Sources of materials collection data of *Phragmites japonica* and *P. communis* and its investigation sites.

Taxa	Environment	Stream types	Investigation sites		Symb.	Collection No.
<i>Phragmites japonica</i>	Natural Stream	Mountaineous (over 600m alt.)	Bangtae stream	Midstream	PJNSU1	TUT-156251
			(Bangtaesan)	Downstream	PJNSU2	TUT-156252
			Yongam stream (Chiaksan)	Downstream	PJNSU3	TUT-156231
		Mountaineous + Flattened (400~500m alt.)	Gapyeong stream (Myeongjisan)	Upstream	PJNSM1	TUT-256261
				Midstream	PJNSM2	TUT-256262
			Naechon stream (Heoingseong)	Upstream	PJNSM3	TUT-256241
	Disturbance Stream	Flattened (below 300m alt.)		Downstream	PJNSM4	TUT-256251
			Hantan river (Cheolwon)	Upstream	PJNSD1	TUT-356271
				Downstream	PJNSD2	TUT-356272
		Rural (by <i>Oryza sativa</i> cultivate farms)	Hongcheon river (Hongcheon)	Upstream	PJNSD3	TUT-356231
				Downstream	PJNSD4	TUT-356241
			Goksoo stream (Yeojoo)		PJDSV1	TUT-457281
Urban (mid.-small city)	Anseong stream (Anseong)		PJDSV2	TUT-456291		
	Sinnae stream (Yangpyeong)		PJDSC1	TUT-657281		
<i>Phragmites communis</i>	Natural Stream	Flattened (below 300m alt.)	Hantan river (Cheolwon)	Downstream	PCNSD1	TUT-356273
	Disturbance Stream	Rural (by <i>Oryza sativa</i> cultivate farms)	Bokha stream (Icheon)		PCDSV1	TUT-457282
			Goksoo stream (Yeojoo)		PCDSV2	TUT-457283
			Anseong stream (Anseong)		PCDSV3	TUT-456292
		Urban (mid.-small city)	Pocheon stream (Pocheon)		PCDSV4	TUT-556261
			Sinnae stream (Yangpyeong)		PCDSC1	TUT-657282
			Urban(Big city)	Anyang stream (Seoul)		PCDSC2

\*PJ : *Phragmites japonica*, PC : *Phragmites communis*  
 NSU : Up of Natural Stream, NSM : Middle of Natural Stream, NSD : Down of Natural Stream,  
 DSC : Disturbance Stream at City, DSV : Disturbance Stream at Village

한 후, 1D-PCR program (Kodak Software, 2002)을 이용하여 정확한 band의 위치를 결정하였다.

### 3) 자료 및 유연관계분석

전기영동을 통하여 전개된 DNA fragment의 각 band를 하나의 형질로 취급하여 band의 유무에 따라 각각 1과 0으로 표시하고, 전체 OTU에 대한 자료행렬을 작성하였다. 자료행렬은 Nei (1972)의 genetic distance를 다소 변형한 Nei and Li's의 genetic distance를 이용하여 유사도 지수 자료행렬을 산출하였고, 이를 기초로 PAUP\* 4.0 b10 (Swofford, 2002)의 UPGMA clustering program을 이용하여 phenogram (Fig. 4)을 도출하였고 각 OTU간의 유전적 유사성을 검토하였다.

## 결과 및 고찰

최근까지 RAPD에 의한 분석방법은 속내분류간의 분자 유전학적 유연관계를 입증하는 분류학에 사용되거나 종간 혹은 종내의 지역군집 및 잡종을 분석하여 그 기원을 추정하는 분자생태학에 많이 이용되고 있는 것으로 보고되어 있다(Hardys *et al.*, 1992). 본 연구에서도 갈대속 식물 두 종 달뿌리풀과 갈대의 종간 유연관계분석 및 수환경변화에 따른 종내 지역별 유연관계를 설명하기위해 RAPD 분석을 수행하였다. 이를 위해 UBC-NAPS (University of British Columbia - Nucleic Acid Product System)의 random primer 100개를 사용하여 실시하였으며, 일차적으로 screening을 실시한 후, PCR반응 여부에 따라 primer를 선별하였고, 이후 선별된 primer를 대상으로 3회의 반

Table 2. The code and sequences of primer analysed, total number of bands and fragment size which were used in *Phragmites japonica* and *P. communis*.

Primer	Sequence (5'→3')	Total no. of bands	Fragment size range(bp)
23	CCC GCC TTC C	18	400-1900
34	CCG GCC CCA A	21	400-1800
60	TTG GCC GAG C	11	300-1200
63	TTC CCC GCC C	14	400-1500
73	GGG CAC GCG A	14	500-1800
81	GAG CAC GGG G	15	400-1500
83	GGG CTC GTG G	15	500-1500
86	GGG GGG AAG G	17	400-1500
96	GGC GGC ATG G	17	400-1400
Total		142	
Mean/primer		15.7	

Table 3. Genetic dissimilarity matrix calculated by Nei and Li's(1972) genetic coefficient based on RAPDs analysis of *Phragmites japonica* and *Phragmites communis*.

		<i>Phragmites japonica</i>												<i>P. communis</i>								
		NSU1	NSU2	NSU3	NSM1	NSM2	NSM3	NSM4	NSD1	NSD2	NSD3	NSD4	DSV1	DSV2	DSC1	NSD1	DSV1	DSV2	DSV3	DSV4	DSC1	DSC2
<i>P. japonica</i>	NSU1	-																				
	NSU2	0.012	-																			
	NSU3	0.023	0.019	-																		
	NSM1	0.034	0.022	0.019	-																	
	NSM2	0.025	0.021	0.021	0.022	-																
	NSM3	0.034	0.028	0.025	0.031	0.030	-															
	NSM4	0.028	0.029	0.026	0.027	0.026	0.026	-														
	NSD1	0.030	0.029	0.031	0.025	0.028	0.033	0.018	-													
	NSD2	0.040	0.041	0.039	0.042	0.041	0.033	0.025	0.025	-												
	NSD3	0.042	0.038	0.036	0.036	0.038	0.034	0.024	0.018	0.015	-											
	NSD4	0.035	0.033	0.031	0.034	0.035	0.032	0.022	0.022	0.017	0.020	-										
	DSV1	0.048	0.052	0.041	0.039	0.049	0.030	0.034	0.038	0.032	0.031	0.029	-									
	DSV2	0.061	0.056	0.051	0.045	0.056	0.038	0.039	0.041	0.046	0.041	0.033	0.029	-								
	DSC	0.050	0.041	0.038	0.031	0.045	0.034	0.029	0.029	0.027	0.024	0.024	0.038	0.033	-							
<i>P. communis</i>	NSD1	0.127	0.118	0.132	0.111	0.114	0.107	0.108	0.103	0.100	0.097	0.093	0.112	0.113	0.093	-						
	DSV1	0.091	0.088	0.097	0.083	0.085	0.081	0.082	0.067	0.070	0.075	0.084	0.082	0.078	0.075	0.066	-					
	DSV2	0.074	0.066	0.073	0.064	0.069	0.058	0.073	0.056	0.059	0.058	0.072	0.058	0.066	0.058	0.084	0.040	-				
	DSV3	0.066	0.064	0.071	0.062	0.077	0.058	0.057	0.043	0.050	0.050	0.058	0.054	0.047	0.048	0.085	0.046	0.033	-			
	DSV4	0.101	0.112	0.096	0.100	0.094	0.092	0.093	0.085	0.087	0.088	0.096	0.093	0.102	0.104	0.083	0.093	0.082	0.083	-		
	DSC1	0.080	0.074	0.079	0.072	0.078	0.068	0.072	0.069	0.064	0.068	0.074	0.075	0.081	0.077	0.079	0.047	0.044	0.050	0.085	-	
	DSC2	0.096	0.093	0.095	0.099	0.093	0.081	0.082	0.086	0.078	0.084	0.091	0.082	0.085	0.091	0.072	0.066	0.066	0.051	0.095	0.053	-

복실험을 하였다. 이중 지속적인 반응이 일어난 primer는 9개였으며, 최종적으로 선택된 9개의 primer는 대부분 G+C content가 매우 높았다. PCR과정을 통하여 증폭된 RAPD 절편들은 300bp에서 1,900bp 사이의 구간에서 주

로 관찰되었으며 RAPD marker의 수는 총 142개였다. 또한 각 primer마다 11~21 개로 다양하게 나타났고(Table 2), 취급된 개체군사이에 동일하거나 서로 다른 밴드양상이 관찰되었다(Fig. 1-3).

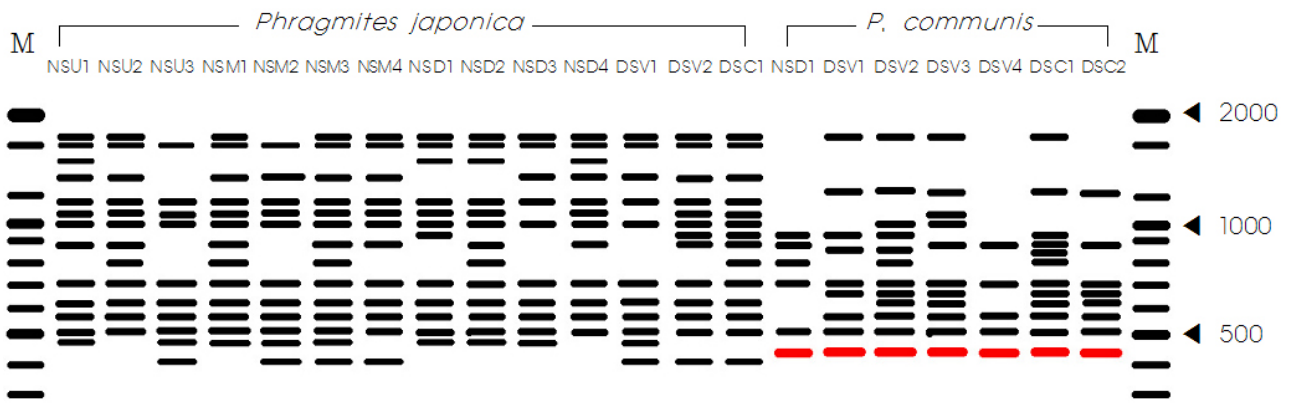


Fig. 1. Diagram of RAPD electrophoresis photograph with primer No. 34 Genetic marker - 420bp

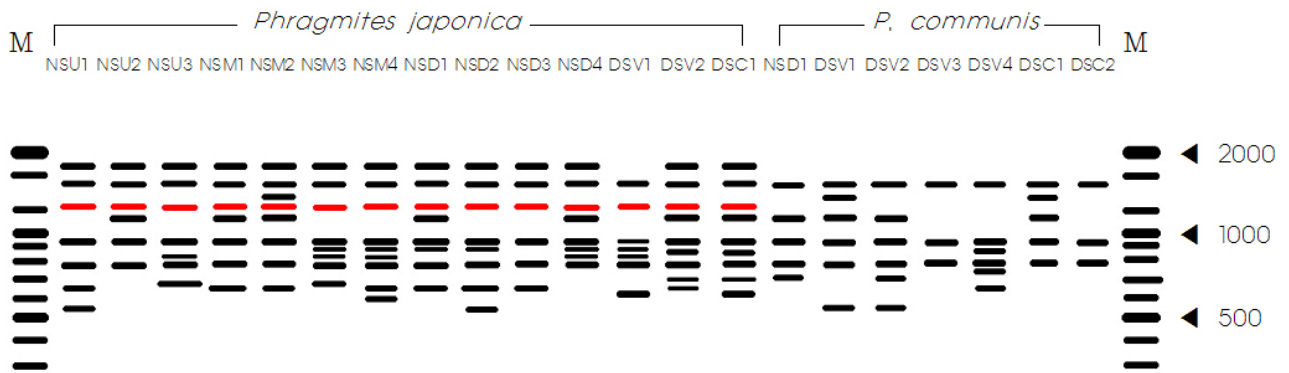


Fig. 2. Diagram of RAPD electrophoresis photograph with primer No. 73 Genetic marker - 1240bp

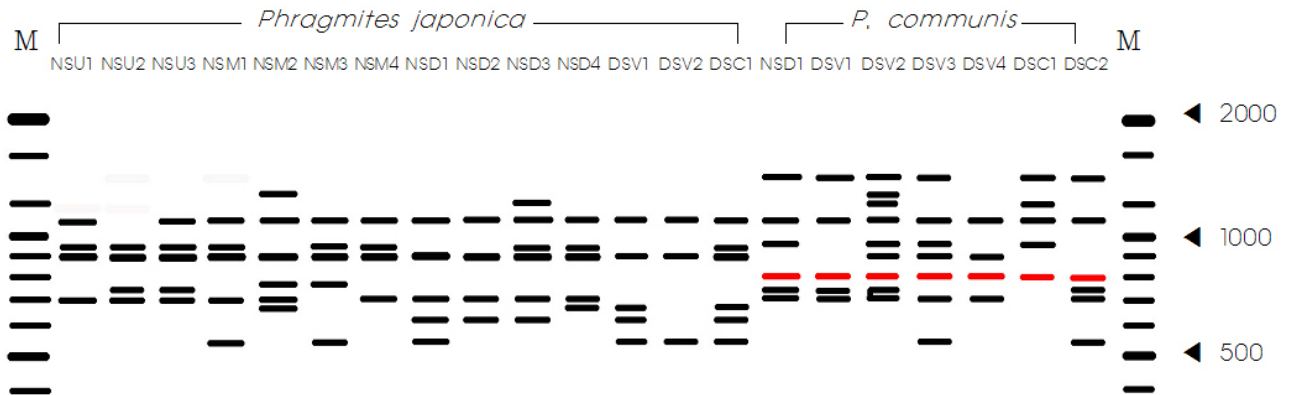


Fig. 3. Diagram of RAPD electrophoresis photograph with primer No. 83 Genetic marker - 800bp

RAPD 분석에 의한 유전적 비유사도지수 자료행렬에 의하면, 비유사도지수가 달뿌리풀 종 내에서는 0.012에서 0.061, 갈대 종 내에서는 0.033에서 0.095의 낮은 상이성을 나타내어 같은 분류군 내에서 높은 유전적 유연관계를 보였으며, 달뿌리풀과 갈대 종간에서는 0.043에서 0.132의 유전적 상이성을 나타내어 달뿌리풀과 갈대의 비유사도지수의 큰 차이는 보이지 않았으나 두 종 사이에 유전적으

로 거리가 있는 것으로 나타났다(Table 3).

3회의 반복실험을 통해 분류군 전체에서 동일한 재현성을 보이는 반응이 일어난 primer 9개 중 밴드양상이 다르게 나타난 primer는 달뿌리풀 개체군에 대해서는 1개, 갈대 개체군에 대해서는 2개였다. 3개의 primer 중 73번 primer에서 1240bp에 위치한 band는 달뿌리풀 개체군에서만 나타났다, 34번 primer의 420bp, 83번 primer의 800bp에

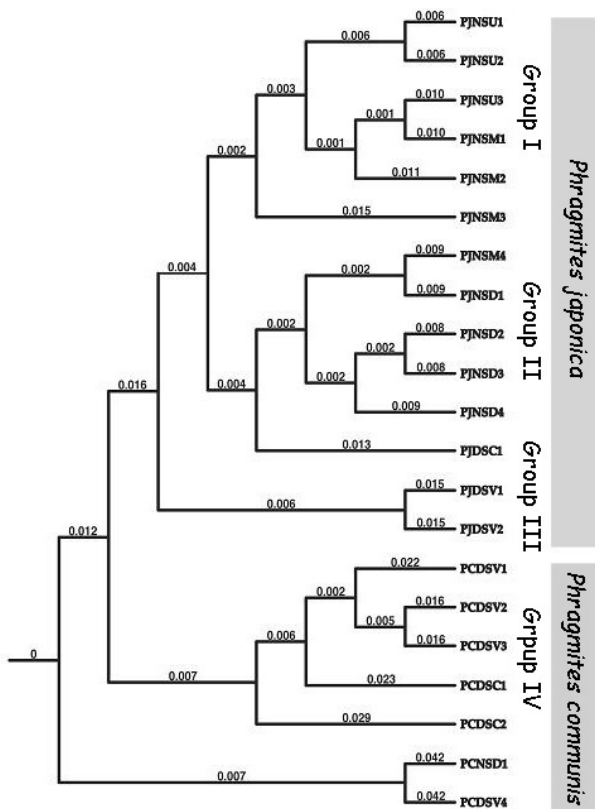


Fig. 4. A phenogram by UPGMA clustering method on *Phragmites japonica* and *P. communis* based on RAPD analysis.

위치한 band는 갈대 개체군에서는 뚜렷이 나타났고 달뿌리풀 개체군에서는 나타나지 않았다. 이것으로 이들 세 band가 달뿌리풀 개체군과 갈대 개체군을 구별할 수 있는 genetic marker임을 확인하였다.

RAPD 분석결과를 기초로 UPGMA방법에 의한 유집분석을 수행한 결과, 달뿌리풀과 갈대 두 그룹으로 뚜렷한 유집군이 형성되었고, 또한 달뿌리풀과 갈대 개체군은 각각 종 내에서 유사한 수환경에 생육하는 개체군끼리 유집되었다(Fig. 4). 달뿌리풀은 자연하천의 상류지역과 중류지역의 유집군(Group I)과 자연하천 하류지역과 일부 중류지역의 유집군(Group II), 그리고 교란하천(Group III)으로 유집되어 비슷한 수환경에 생육하는 개체군끼리 유전적으로 유사성이 높은 것으로 나타났다. 다만 자연하천 중류지역이 하나의 독립된 유집군을 형성하지 못하고 상류와 하류 지역으로 영입된 형태였는데, Group I으로 유집된 자연하천의 중류지역인 가평천의 경우 고도는 상류지역에 비해 절반으로 낮음에도 불구하고 유속 및 수심, 수폭 및 하폭이 자연하천 상류지역과 유사하였으며 인위적인 교란의 모습

또한 찾아볼 수 없었다. 이러한 원인으로 자연하천 중류지역인 가평천과 자연하천 상류지역의 유전적 거리가 가깝게 나타나 Group I을 형성하였으리라 해석된다. 자연하천의 또 다른 중류지역인 내촌천 하류의 경우 하천 우측으로 나 있는 도로의 포장처리로 인해 육상과 수환경과의 자연스러운 연결이 깨진 모습을 보였는데, 이점이 자연하천 중류지역에 해당하는 내촌천이 자연하천 하류지역과 유전적 거리가 가깝게 나타난 이유라고 해석된다. 갈대는 교란하천 중 농촌지역에서 논의 영향을 받는 세 지역이 먼저 유집되었는데, 여주와 안성이 먼저 유집되었고 다음으로 이천지역의 갈대가 유집되었다. 그 다음으로 중소도시 양평지역이 유집되었고 다음으로 대도시지역인 서울지역의 갈대가 유집, 마지막으로 자연하천의 하류지역인 한탄강의 하류지역과 농촌하천에서 축산의 영향을 받는 포천지역의 갈대가 Group IV와 유집되는 경향을 보였다. 지금까지의 갈대 개체군의 유집형태를 살펴보면, 한탄강 하류지역과 포천지역의 개체군을 제외하고 같은 교란의 유형을 보이는 지역의 개체군끼리 유집되었다(Group IV). 교란의 유형 중 농촌하천에서 논의 영향을 받는 여주, 이천, 안성 세 지역은 거리가 먼 여주와 안성이 먼저 유집된 후 다음으로 이천지역이 유집되었는데, 이는 거리상으로는 양평, 여주, 이천 세 지역이 훨씬 가까웠으나 교란의 유형에 따라서 거리와 무관하게 유집되는 것을 볼 수 있었다. 자연하천의 하류지역인 한탄강의 경우 사람의 접근이 용이하여 교란이 빈번히 일어나고 있어 교란의 유형 중 농촌하천에서 축산의 영향을 받는 포천지역과 유전적 거리가 가깝게 나타난 이유라 해석된다. 하지만 달뿌리풀과 갈대 개체군은 유사한 수환경 내에서는 높은 유전적 유연관계를 가지는 것으로 나타났으며, 다른 수환경간에는 유전적인 차이를 나타내어 이들 사이의 유전적 이질성이 있는 것으로 생각된다.

본 연구 결과를 볼 때 갈대속 식물 두 종의 RAPD 결과는 자연하천과 교란하천에 생육하는 달뿌리풀과 갈대의 개체군들 사이에 뚜렷한 차이를 구별할 수 있는 genetic marker를 확인하였으며, 자연하천의 중류와 하류가 인간의 간섭에 쉽게 노출되어 있다는 것을 알 수 있었다. 아울러 자연하천지역에 대한 보전대책 수립 마련이 우선적으로 검토되어야 할 것으로 생각된다. 따라서 본 연구결과는 갈대속 두 종의 분류학적 혼동 해결과 동시에, 수환경변화에 따른 종내 지역별 유전적 유연관계를 알아보기에 유용한 방법임을 보여주었다.

## 적 요

갈대속 식물 두 종 달뿌리풀과 갈대의 중간 유연관계분석 및 수환경변화에 따른 종내 지역별 유연관계를 조사하기 위해 RAPD 분석을 수행하였다. 총 9개의 oligoprimers를 이용한 효소중합반응에서 300 bp에서 1,900 bp 사이의 구간에서 142개의 유효한 polymorphic bands를 확인하였다. Nei-Li의 genetic distance를 이용한 분석결과에 의하면, 비유사도지수가 달뿌리풀 개체군 종내에서는 0.012에서 0.061, 갈대 개체군 종내에서는 0.033에서 0.095의 낮은 상이성을 나타내어 종내 지역집단간에는 높은 유전적 유연관계를 보였으며, 달뿌리풀 개체군과 갈대 개체군 종간에서는 0.043에서 0.132의 상이성을 나타내어 달뿌리풀과 갈대 사이의 비유사도지수의 큰 차이는 보이지 않았으나 유전적으로 거리가 있는 것으로 나타났다. RAPD 결과가 이 두 종 사이에 뚜렷한 차이를 구별할 수 있는 genetic marker를 확인하였고, UPGMA 유집분석에 의하면 두 종은 비슷한 수환경끼리 유연관계가 가까운 것으로 나타났고 다른 수환경끼리는 유연관계가 먼 것으로 나타났다. RAPD 분석법은 갈대속 두 종의 분류학적 혼동 해결과 동시에, 수환경변화에 따른 종내 지역별 유전적 유연관계 확인에 매우 유용한 방법인 것으로 나타났다.

## 사 사

본 연구는 환경부 차세대핵심환경기술개발사업의 연구비 지원(052-031-017) 및 과학기술부 21세기 프론티어연구개발사업인 자생식물이용기술개발사업(PF00300201-00)에 의해 수행되었고 이에 감사드립니다.

## 인용문헌

- Keller, B. 2000. Genetic variation among and within populations of *Phragmites australis* in the Charles River watershed. *Aquatic Botany* 66: 195-208.
- Doyle, J.J. and J.L. Doyle. 1987. A rapid DNA isolation methods for small quantities of fresh tissues. *Phytochemical Bulletin*. 17: 144-163.
- Hardrys, H., M. Balick and B. Schrierwator. 1992. Applications of random amplified polymorphic DNA (RAPD) in molecular ecology. *Mol. Ecol.* 1:55-63.
- Koppitz, H. 1999. Analysis of genetic diversity among selected populations of *Phragmites australis* world-wide. *Aquatic Botany* 64: 209-221.
- Kim, J.H. 2006. Lotic Community Prediction Model responding Environmental Changes. Final Report of Environmental Research, Ministry of Environment. pp. 527. (in Korean)
- Lee, T.B. 2003. Coloured Flora of Korea. pp. 525. (in Korean)
- Lee, W.C. 1996. LINEAMENTA FLORAE KOREAE. pp.1394-1395. (in Korean)
- Nei, M. 1972. Genetic distance between populations. *Amer. Natur.* 106: 283-292.
- Ohwi, J. 1984. Flora of Japan. 2nd printing, Smithsonian Inst. Washinton, D.C. pp.169-170.
- Park, S.H., W.C. Kang, Y.M. Lee, D.K. Kim and S.S. Jeong. 2004. Illustrated Grasses of Korea. Korea National Arboretum. pp. 306-309. (in Korean)
- Williams, J., A. Kubelik, J. Rafalski and S. Tingey. 1990. DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. *Nucleic Acids Research* 18: 6231-6239.
- Wu, Z., H.R. Potter and D. Hong. 2006. Flora of China. *Missouri Bot. Gard.* 22: 448-449.
- \_\_\_\_\_. 2007. Flora of China Illustrations. *Missouri Bot. Gard.* 22:628.

(접수일 2009.1.28; 수락일 2009.3.25)