

## ISSR 표지에 의한 서양민들레와 흰민들레 수집종의 유전적 다양성 및 유연관계 분석

류재혁 · 배창휴<sup>†</sup>

순천대학교 생명산업과학대학 웰빙자원학과

### Genetic Diversity and Relationship Analysis of *Taraxacum officinale* Weber and *Taraxacum coreanum* Nakai Accessions Based on Inter-Simple Sequence Repeats (ISSR) Markers

Jai Hyunk Ryu and Chang Hyu Bae<sup>†</sup>

Department of Bioresources Science, Suncheon National University, Suncheon 540-742, Korea.

**ABSTRACT :** The genetic diversity and the genetic relationship among 30 genetic resources of *T. officinale* and *T. coreanum* collected from 20 regions in Korea were evaluated by using ISSR markers. Out of 127 loci detected overall, 122 were identified to be polymorphic with a rate of 96.0% at the 30 individuals. The intraspecific polymorphism between *T. officinale* and *T. coreanum* was 92.6% and 88.2%, respectively. The genetic similarity matrix (GSM) revealed a wide range of variability among the 30 accessions, spanning from 0.179 to 0.922. According to the clustering analysis, different species *T. officinale* and *T. coreanum*, were divided into independent groups and all of the accessions could be classified into 7 categories. Especially, all of the mountain collected accessions belonged to independent groups. The study findings indicate that *T. officinale* and *T. coreanum* accessions have a high genetic diversity and accordingly carry a germ-plasm qualifying as good genetic resources for breeding.

**Key Words :** *T. officinale* and *T. coreanum*, ISSR, Genetic Diversity, Cluster Analysis, Genetic Similarity

## 서 언

민들레는 국화과 (Compositae)에 속하는 다년생 초본 식물로 전 세계적으로 2000여 종이 분포하고 있으며, 주로 북반구를 중심으로 온대지역에서 한대지역에 걸쳐 광범위하게 분포한다 (Battjes *et al.*, 1992). 우리나라에 자생하는 민들레속 (*Taraxacum*) 식물로는 4종의 자생종 민들레 (민들레, 흰민들레, 줄민들레, 산민들레)와 2종의 귀화종 민들레 (*T. officinale*, *T. laevigatum*)가 있다 (Lee, 1993; Keum, 1992). 민들레는 한방에서 포공영 (蒲公英)으로 강장, 해열, 이뇨, 건위, 거담, 해독 등에 사용되며, 서양에서는 향산화, 항균, 이뇨에 유용한 약용식물이다 (Jeon *et al.*, 2010; Lee and Lee, 2008).

민들레의 형태학적 특성으로 귀화종인 서양민들레는 꽃이 황색이고 총포의 외포편은 뒤로 젖혀지며 내포편은 굽히거나 구부러지지 않고 곧게 선다. 한국산 흰민들레는 꽃 색이 희고, 외포편은 윗부분이 뒤로 젖혀져지고 끝에 돌기와 더불어 털이

있는 것이 특징으로 꽃이 구분되었으나 분류학적 구분에 논란이 많은 식물이다 (Lee *et al.*, 2004). 또한 민들레속 식물은 유성생식과 무성생식을 겸비하는 식물로 화분 분산자가 없는 불리한 환경에서는 단위생식을 함으로서 전 세계적으로 분포하게 되었다 (Baarlen *et al.*, 2002).

진핵세포 생물의 유전체는 2~4 bp 크기가 반복적으로 존재하는 부분이 있는데 이러한 영역을 SSR (Simple Sequence Repeats)이라고 하며 (Litt and Luty, 1989), ISSR 마커는 반복염기서열이 4~10회 반복적으로 genome상의 SSR이 상보적으로 증폭되어 다형성을 나타내고, 반복서열이 게놈에 위치하여 종이나 집단에 특이적으로 판정이 가능하여 (Fang and Roose, 1997), 집단유전 연구 및 유연관계가 근연한 종의 유전적 다양성 연구에 유용하다 (Ryu *et al.*, 2010; Esselman *et al.*, 1999; Russel *et al.*, 1997). 또한 ISSR 분석은 RAPD 분석의 낮은 재현성, AFLP 분석의 고비용, SSR 분석의 marker 제작에 복잡함을 보완 할 수 있다 (Iruela *et al.*,

<sup>†</sup>Corresponding author: (Phone) +82-61-750-3214 (E-mail) chbae@sunchon.ac.kr  
Received 2011 May 16 / 1st Revised 2011 June 12 / Accepted 2011 June 14

2002; Esselman *et al.*, 1999; Goodwin *et al.*, 1997; Russel *et al.*, 1997; Zietkiewicz *et al.*, 1994).

민들레속의 유전분석에 관한 연구는 ISSR 및 ITS (Yuan *et al.*, 2009), AFLP (Hulst *et al.*, 2000), 동위효소분석 (Kashin *et al.*, 2005), RAPD (Christoph, 2004) 등 다양한 연구가 해외에서 진행되었다. 국내에서는 RAPD 방법 (Ahn and Chung, 2003; Ahn *et al.*, 2003)을 적용하여 이루어진 바 있으나 ISSR 마커를 사용하여 유전적 다양성과 유연관계 분석은 시도되지 않았다. 따라서 본 연구는 자생종인 흰민들레와 귀화종인 서양민들레를 국내의 해변지역, 산악지역, 노지 지역에서 수집하여 ISSR 표지에 의한 종간 및 종내의 유전적 다양성을 비교하고 유연관계를 분석함으로써 민들레 유전자원으로부터 실용화 자원개발과 신품종 육성에 필요한 육종소재 발굴에 필요한 기초자료를 얻고자 실시하였다.

## 재료 및 방법

### 1. 식물재료

본 연구에서는 국내 20개 지역에서 수집한 서양민들레와 흰민들레 수집종을 각각 15 개체씩 포함한 총 30 개체를 공시하였다 (Table 1, Fig. 1). 수집 지역의 특성은 해발 250 M 이상 산에서 수집한 5 개체, 바닷가에서 수집한 3개체, 노지에서 수집한 22 개체로, 2010년 3월에서 9월까지 수집한 개체를 순천대학교 포장에서 관수와 제초만으로 재배 관리하여 DNA 추출에 이용하였다.

### 2. DNA 추출

DNA는 CTAB 방법 (Fang *et al.*, 1992)에 따라 추출하여 agarose gel (0.8%)에서 전기 영동하여 밴드를 확인하고, Nanodrop Spectrophotometer (Thermo Fisher Scientific, Netherlands)를 이용하여 DNA농도를 측정하였다.

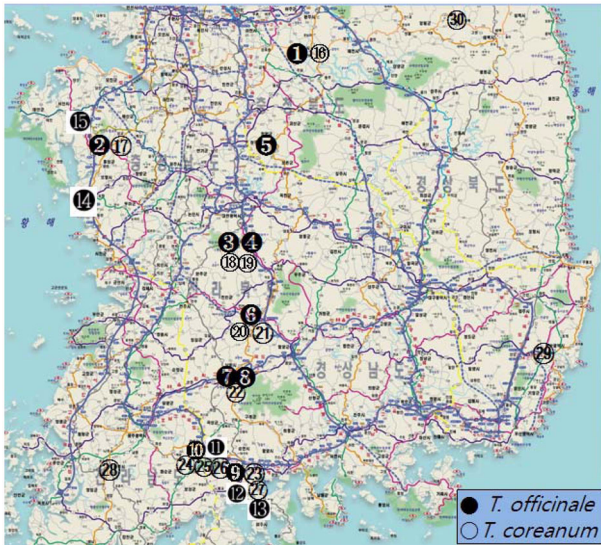
**Table 1.** The geographical characteristics of the 30 accessions of *Taraxacum* used in this study.

No	Species	Latitude	Longitude	Type of site	Sampling region
1		37° 06' 10"	127° 45' 32"	Field	Chungju
2		36° 33' 54"	126° 35' 57"	Field	Hongseong
3		36° 10' 18"	127° 28' 27"	Field	Geumsan
4		36° 10' 18"	127° 28' 27"	Field	Geumsan
5		36° 32' 11"	127° 30' 35"	Field	Cheongwon
6		35° 30' 14"	127° 31' 97"	Field	Jangsu
7		35° 25' 87"	127° 25' 05"	Field	Namwon
8	<i>Taraxacum officinale</i>	35° 25' 87"	127° 25' 05"	Field	Namwon
9		34° 96' 97"	127° 48' 05"	Field	Sunchon
10		34° 59' 07"	127° 18' 19"	Mt. (509 m)	Suncheon Jogesan
11		34° 59' 29"	127° 19' 33"	Mt. (290 m)	Suncheon Jogesan
12		34° 53' 07"	127° 31' 38"	Seaside	Suncheon haeryong
13		34° 51' 34"	127° 45' 26"	Field	Yeosu
14		36° 19' 17"	126° 30' 29"	Seaside	Daechonbeach
15		36° 51' 32"	126° 24' 48"	Field	Seosan
16		37° 06' 10"	127° 45' 32"	Field	Chungju
17		36° 33' 54"	126° 35' 57"	Field	Hongseong
18		36° 13' 41"	127° 30' 81"	Field	Geumsan
19		36° 13' 41"	127° 30' 81"	Field	Geumsan
20		35° 30' 14"	127° 31' 97"	Field	Jangsu
21		35° 30' 14"	127° 31' 97"	Field	Jangsu
22		35° 25' 83"	127° 25' 02"	Field	Namwon
23	<i>Taraxacum coreanum</i>	34° 96' 97"	127° 48' 05"	Field	Sunchon
24		34° 59' 32"	127° 19' 39"	Mt.(256m)	Suncheon Jogesan
25		34° 59' 29"	127° 19' 33"	Mt.(290m)	Suncheon Jogesan
26		34° 59' 29"	127° 19' 33"	Mt.(290m)	Suncheon Jogesan
27		34° 53' 05"	127° 31' 40"	Seaside	Suncheon haeryong
28		34° 96' 67"	126° 77' 79"	Field	Naju
29		35° 57' 26"	129° 19' 03"	Field	Ulsan
30		37° 36' 84"	128° 70' 35"	Field	Jongson

**Table 2.** Sequence of the ISSR primers, number of total bands and number of polymorphic bands amplified by each primer across all 30 accessions.

Primer	Sequence	Total			<i>T. officinale</i>			<i>T. coreanum</i>		
		TB <sup>a</sup>	PB <sup>b</sup>	PR <sup>c</sup>	TB <sup>a</sup>	PB <sup>b</sup>	PR <sup>c</sup>	TB <sup>a</sup>	PB <sup>b</sup>	PR <sup>c</sup>
UBC 811	(GA) <sub>8</sub> C	12	12	100	11	11	100	7	7	100
UBC 824	(TC) <sub>8</sub> G	8	8	100	7	6	85.7	7	7	100
UBC 827	(AC) <sub>8</sub> G	10	10	100	9	9	100	7	7	100
UBC 835	(AG) <sub>8</sub> YC	8	8	100	7	7	100	4	4	100
UBC 840	(GA) <sub>8</sub> YT	9	9	100	8	8	100	5	3	75.0
UBC 841	(GA) <sub>8</sub> YC	10	10	100	10	10	100	6	5	83.3
UBC 842	(CT) <sub>8</sub> RA	10	10	100	8	8	100	5	5	100
UBC 847	(CA) <sub>8</sub> RC	9	9	100	7	6	85.7	5	5	100
UBC 852	(TC) <sub>8</sub> RA	9	9	100	6	6	100	7	7	100
UBC 861	(ACC) <sub>5</sub>	6	4	66.6	4	2	50.0	4	2	50.0
UBC 862	(AGC) <sub>5</sub>	6	6	100	4	3	75.0	5	5	100
UBC 866	(CTC) <sub>5</sub>	9	8	88.8	9	8	88.8	3	1	33.3
UBC 873	(GACA) <sub>4</sub>	5	4	80.0	5	4	80.0	5	3	60.0
UBC 880	(GGAGA) <sub>3</sub>	10	10	100	9	9	100	10	10	100
UBC 889	DBD(AC) <sub>7</sub>	6	5	83.3	5	4	80.0	5	4	80.0
Total		127	122	96.0	109	101	92.6	85	75	88.2

<sup>a</sup>TB : No. of total bands, <sup>b</sup>PB : No. of polymorphism bands, <sup>c</sup>PR : polymorphism rate (%). B: C/G/T, D: A/G/T, R: A/G, Y: C/G.



**Fig. 1.** Map of the collection regions in this study.

**3. ISSR 분석**

20개의 ISSR 프라이머 (UBC primer Set No. 9, University of British Columbia, Canada)로 예비실험을 실시한 후의 밴드가 명확하고 다형성이 우수한 15개의 프라이머를 선택하여 ISSR 분석에 이용하였다 (Table 2). PCR 반응액의 조성은 총 25 µl 로 주형 DNA 20 ng/µl, Taq polymerase 1 unit, 10 × PCR reaction buffer (10 mM Tris-HCl pH 8.3; 50 mM KCl; 1.5 mM MgCl<sub>2</sub>), 0.2 mM dNTP, 10 pmol 프라이머를

혼합하여 사용하였다. PCR 반응은 Gene Amp<sup>®</sup> 2700 (Applied Biosystem)을 사용하여 94°C에서 5분간 초기 변성시킨 후 94°C에서 45초간 predenaturation, 50°C에서 45분간 annealing, 72°C에서 1분 30초분간 extension을 45회 수행한 후 최종적으로 72°C에서 7분간 반응시킨 후 종료하였다. PCR이 완료된 후의 증폭산물을 agarose gel (1.6%)에 loading하여 전기영동 (50 V, 60분간)한 후 EtBr로 염색하여 Gel Doc XR (Bio-rad, USA)을 사용하여 주요 밴드를 확인하였다.

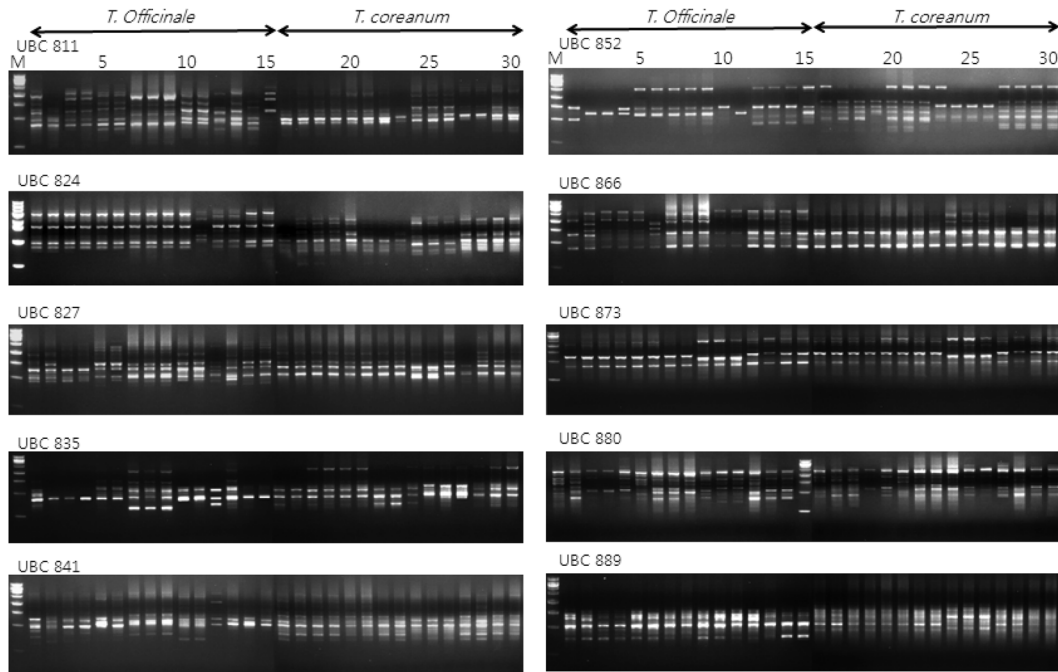
**4. Data 분석**

ISSR에서 분석된 DNA 밴드 양상은 이진수를 이용하여 밴드 유·무에 따라 1과 0으로 data를 표시하여 통계 프로그램 [SPSS V.12 (SPSS Inc., USA)]에 입력하였고, Jaccard 계수 (Jaccard coefficient)로 유전적 유사도지수를 산출하고 평균연결법 (Average Linkage Method)으로 군집분석을 실시하였다.

**결과 및 고찰**

**1. 민들레 수집개체 간의 DNA 밴드 양상**

20개의 ISSR 프라이머 중 다형성과 재현성이 높은 15개의 프라이머 (Table 2)를 국내 20개 지역에서 수집한 서양민들레 및 흰민들레 30개체를 대상으로 분석한 결과, 전체 수집 개체 간 증폭된 각 프라이머별 총 밴드 수는 5개 (UBC 873)에서 12개 (UBC 811)로 한 프라이머 조합 당 평균 밴드 수는 8.46개였다. 다형성 밴드 수는 최소 4개 (UBC 861, 873)에서



**Fig. 2.** ISSR electrophoresis profiles for 30 accessions of *Taraxacum officinale* and *Taraxacum coreanum*. Amplification products were separated on agarose gels (1.6%) in 1xTAE buffer and photographed using gel documentation system (Bio-rad, USA). Lane M : 1 kb ladder marker. Primer names were included in Table 2.

최대 12개 (UBC 811)로 평균 8.13개의 다형성 밴드가 검출되었다 (Table 2, Fig. 2). 이는 대만의 민들레 3종을 79개 ISSR 로 분석한 결과 UBC 857에서만 다형성 밴드 수는 4.7개로 높은 수준이다.

서양민들레와 흰민들레의 수집종간 밴드의 다형성 비율은 Table 2에서와 같이 증폭된 총 127개의 밴드 중 다형성 밴드가 122개로 96.0%의 다형성을 나타내었다. 이러한 결과는 서부 독일의 14개 지역에서 수집한 민들레속 6종 (*T. rubicundum*, *T. brachyglossum*, *T. tortilobum*, *T. lacistophyllum*, *T. parnassicum* and *T. scanicum*)의 26개체를 대상으로 RAPD 분석한 다형성 비율인 78.4% (Christoph, 2004)와 단성생식 식물인 *Cotoneaster*속 19종 26개 수집개체를 RAPD 분석한 다형성 비율 84.6% (Bartish et al., 2001) 보다 높은 수준의 다형성을 나타낸 결과이다.

서양민들레의 종내 다형성 비율은 증폭된 총 109개 밴드 중 101개의 다형성 밴드가 검출되어 92.6%의 다형성을 나타내었고, 흰민들레는 총 85개 밴드 중 다형성 밴드는 75개로 88.2%의 다형성을 나타내어 (Table 2) 귀화종 (naturalized plant)인 서양민들레가 자생종인 흰민들레와 비교하여 높은 종내 유전적 다양성을 나타낸 결과로 안과 정 (2003)이 자생종인 민들레 및 산민들레와 귀화종인 서양민들레의 RAPD 분석 결과 서양민들레의 종내 유전적 다양성이 높게 나타난 결과와 유사하였다. 서양민들레에서 유전적 다양성이 높게 나타난

것은 도시화 및 이산화탄소의 농도, 종간의 경쟁 등 생육 환경의 영향에 따라 귀화종인 서양민들레에서 많은 변이가 보고된 사례들 (Kang and Choi, 1998; Yang, 1995)에 비취볼 때 흰민들레가 상대적으로 제한된 지역에서 유전적으로 안정된 조건에서 생육되고 있음을 간접적으로 시사해 준다.

## 2. 유전적 유사도 지수와 군집분석

귀화종인 서양민들레와 자생종인 흰민들레의 종간에 유전적 차이 및 종내 변이정도를 파악하여 비교하고자 유전적 유사도 지수를 산출하고 (Table 3) 군집분석을 실시하였다 (Fig. 3).

총 30개체간의 유전적 유사도 지수는 최저 0.179 (No. 5번과 No. 24번)에서 최고 0.922 (No. 17번과 No. 18번)사이로, 30개 전체종의 유전적 유사도 평균은 0.398이었다. 서양민들레의 종내 유전적 유사도 지수는 최저 0.233 (No. 3번과 No. 8번, 9번)에서 최고 0.907 (No. 7번과 8번) 사이로 서양민들레 15개체의 평균 유전적 유사도 지수는 0.462이었다. 흰민들레의 종내 유전적 유사도 지수는 최저 0.208 (No. 19번과 No. 24번)에서 최고 0.922 (No. 17번과 No. 18번) 사이로 종내 유전적 유사도 평균은 0.543이었다. 서양민들레와 흰민들레의 종간의 유전적 유사도 지수는 최저 0.179 (No. 5번과 No. 24번)에서 최고 0.439 (No. 15번과 No. 20번) 사이로 종간에 유전적 유사도 평균은 0.321이었다 (Table 3). 이는 국내 수집 민들레 6 개체와 몽골, 미국, 영국에서 수집한 민들레 3 개체

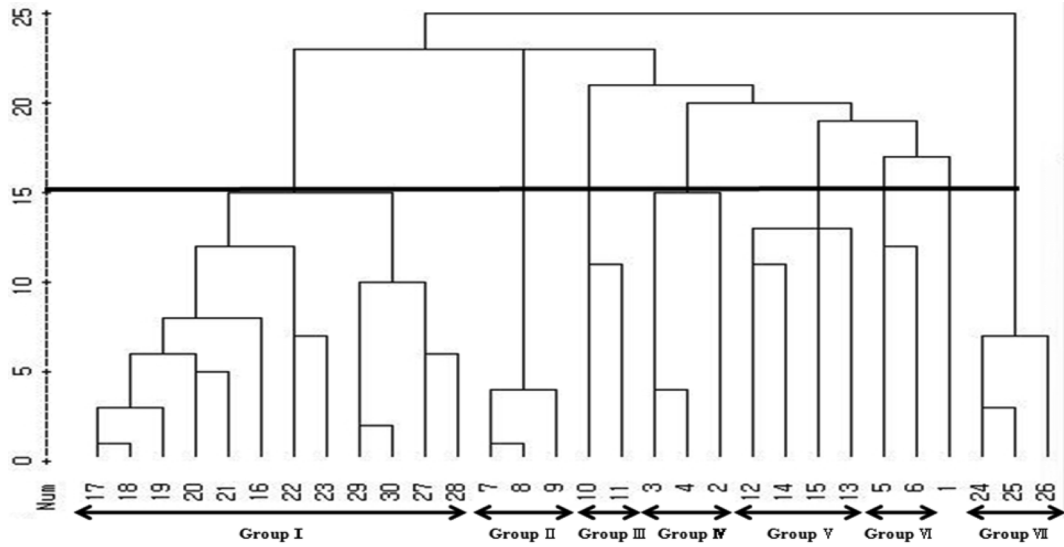


Fig. 3. Dendrogram illustrating genetic relationships among 30 accessions generated by cluster analysis with average linkage method. A total of 127 ISSR bands produced by 15 primers were calculated for the clustering.

를 대상으로 RAPD 분석한 결과를 통해 얻어진 유전적 유사도 지수인 최저 0.684에서 최고 0.965 사이의 유전적 유사도 (Ahn *et al.*, 2003)와 비교하여 낮은 수준의 유전적 유사도이며, 단성생식으로 번식하는 *Cotoneaster*속 26 개체를 대상으로 RAPD 분석한 유전적 유사도 지수인 최저 0.100에서 최고 0.960 사이 (Bartish *et al.*, 2001)와 유사한 범위의 유전적 유사도 지수를 나타내었다. 또한 조계산 수집개체와 노지 및 해안 수집개체간의 유전적 유사도 지수는 서양민들레 0.375, 흰민들레 0.390으로 종내 평균보다 낮은 유전적 유사도를 나타내었다.

종내 수집 지역간의 유전적 유사도 지수 평균은 동일지역 수집종인 서양민들레 No. 3번과 4번 0.833, No. 7번과 No. 8번 0.907, 흰민들레 No. 18번과 19번 0.838, 20번과 21번 0.807, No. 25번과 26번 0.762로 높은 수준이었다. 수집 환경별 개체간에는 서양민들레 노지 (평야지) 수집종간 평균 0.464, 산지 수집종간 평균 0.665, 해안 수집종간 0.661로 흰민들레의 유전적 유사도 지수 평균인 노지 수집종간 0.635, 산지 수집종간 0.781 보다 낮은 유전적 유사도를 나타내었다. 수집 환경간의 경우, 산지와 해안 지역간은 서양민들레 0.449, 흰민들레가 0.349, 산지와 노지지역간은 서양민들레가 0.370, 흰민들레 0.311, 노지와 해안 지역간은 서양민들레 0.447, 흰민들레 0.579로 나타났으며, 산지에 자생하는 흰민들레가 서양민들레보다 유전적 유사도 지수 평균이 낮았다. 이는 Wu (2005) 등이 중국의 *Houttuynia*속 70개체를 RAPD와 ISSR 분석하여 고도가 높은 산지에서 수집한 개체와 강변, 노지 등 수집종간에 낮은 유전적 유사도 지수를 보인 것과 유사한 결과이다. 이러한 유전적 유사도를 바탕으로 민들레의 육종소재 선발에

기초자료로 활용이 가능하다고 판단된다.

평균연결법 (Average Linkage Method)으로 덴드로그램을 작성하여 수집개체를 군집 분석한 결과 (Fig. 3), 유전적 유사도 지수 0.281에서 서양민들레와 흰민들레가 분리되어 4 그룹으로 군집되었다.

유전적 유사도 지수 0.551에서 서양민들레는 5개 그룹과 유집되지 않은 1 개체로 나뉘었고, 흰민들레는 2개 그룹으로 군집되었다. 1 그룹에는 내륙지역 {홍성 (No. 17), 금산 (No. 18, 19), 장수 (No. 20, 21), 충주 (No. 16), 남원 (No. 22), 순천 (No. 23), 나주 (No. 28), 울산 (No. 29), 정선 (No. 30)}에서 수집한 11개체와 해안에서 수집한 1개체 해룡 (No. 27)의 흰민들레가 포함되었다. 2 그룹은 남원 2개체 (No. 7, 8)와 순천 1 개체 (No. 9)의 서양민들레가 속하였으며, 3 그룹은 조계산 서양민들레 2개체 (No. 10, 11)가 포함되었다. 4 그룹은 서양민들레 홍성 1 개체 (No. 2)와 금산 2개체 (No. 3, 4)가 유집되었으며, 5 그룹은 해안가 수집 서양민들레 2개체 순천 해룡 (No. 12) 대천해수욕장 (No. 14)과 노지 수집 2개체 여수 (No. 13), 서산 (No. 15)이 포함되었다. 6 그룹은 창원 (No. 5)과 장수 (No. 6) 개체가 유집되었고, 7 그룹은 조계산 흰민들레 개체 (No. 24, 25, 26)가 포함되었다. 충주 서양민들레 수집개체 (No. 1)는 유집되지 않고 독립적으로 존재하였다. 이는 국내 자생 4종 (흰민들레, 민들레, 산민들레, 줌민들레)과 미국, 영국, 국내에서 수집한 서양민들레 3종을 RAPD 방법으로 군집 분석하여 서양민들레와 국내 자생 6종이 모두 독립적으로 군집된 결과 (Ahn *et al.*, 2003)와 안과정 (2003)이 국내 노지 7개소와 산지 2개소에서 수집한 서양민들레 9개체의 RAPD 분석 결과 산지와 노지 수집 개체간



독립적으로 군집되어 본 연구의 결과와 유사하였다. 유집된 그룹은 서양민들레와 흰민들레 모두 조계산에서 수집한 개체가 노지와 해안에서 수집한 개체와 다른 그룹을 이루었다. 또한 중내 동일 지역에서 수집한 개체는 모두 같은 그룹으로 유집되었으며, 수집지역간 차이에 따른 분포와는 무관하였다.

이상의 결과와 같이 본 연구에서 수집된 서양민들레와 흰민들레는 유전적 다형성 (polymorphism)이 96.0%로 높았으며 귀화종인 서양민들레가 자생종인 흰민들레 보다 높은 중내 유전적 변이를 나타내었다. 유전적 유사도 지수는 최저 0.179에서 최고 0.922 사이로 유전적으로 매우 다양한 것으로 나타났다. 군집분석결과 서양민들레와 흰민들레가 분리되어 군집되었으며, 조계산에서 수집한 개체는 노지와 해안 지역에서 수집한 개체와 유전적으로 차이를 나타내어 독립적인 그룹으로 유집되었다. 이러한 유전적 다양성을 토대로 민들레의 자원화 및 신품종 개발을 위한 육종소재의 선발과 평가의 기초자료로 활용이 가능할 것이다.

### 감사의 글

이 논문은 2010년 농림수산식품부 자유응모형 과제 (과제번호 20100092)로 수행된 연구결과이며 연구비 지원에 감사드립니다.

### LITERATURE CITED

- Ahn YH and Chung KH.** (2003). Analysis of genetic variance among *Taraxacum officinale* growing in each populated areas using RAPD. Korean Journal of Environment and Ecology. 17:27-31.
- Ahn YH, Park DS and Chung KH.** (2003). Analysis of genetic relationship among native *Taraxacum* and naturalized *Taraxacum* species using RAPD. Korean Journal of Environment and Ecology. 17:169-176
- Baarden P van, de Jong JH and van Dijk PJ.** (2002). Comparative cyto-embryological investigations of sexual and apomictic dandelions (*Taraxacum*) and their apomictic hybrids. Sex Plant Reproduction. 15:31-38.
- Battjes J, Menken SBJ and den Nijs HCM.** (1992). Clonal diversity in some microspecies of *Taraxacum* sect. *Palustris* (Lindb. fil.) Dahlst. from Czechoslovakia. Botanische Jahrbücher für Systematik, Pflanzengeschichte and Pflanzengeographie. 114:315-328.
- Bartish IV, Hylmö B and Nybom H.** (2001). RAPD analysis of interspecific relationships in presumably apomictic *Cotoneaster* species. Euphytica. 120:273-280.
- Christoph R.** (2004). Molecular differentiation between coexisting species of *Taraxacum* sect. *Erythrosperma* (Asteraceae) from populations in south-east and west Germany. Botanical Journal of the Linnean Society. 142:109-117.
- Esselman E, Jiangquiang JL, Crawford DJ, Winduss JL and Wolfe AD.** (1999). Clonal diversity in the rare *Calamagrostis porteri* spp. *insperata* (Poaceae): comparative results for allozymes and random amplified polymorphic DNA (RAPD) and their simple sequence repeat (ISSR) markers. Molecular Ecology. 8:443-451.
- Fang DQ and Roose ML.** (1997). Identification of closely related citrus cultivars with inter-simple sequence markers. Theoretical and Applied Genetics. 95:408-417.
- Fang G, Hammar S and Grumet R.** (1992). A quick inexpensive method of removing polysaccharides from plant genomic DNA. Biotechniques. 13:52-55.
- Godwin ID, Aiken EAB and Smith LW.** (1997). Application of inter simple sequence repeat (ISSR) markers to plant genetics. Electrophoresis. 18:1524-1528.
- Hulst RGM van D, Mes THM, Den Nijs JCM and Bachmann K.** (2000). Amplified fragment length polymorphism (AFLP) markers reveal that population structure of triploid dandelions (*Taraxacum officinale*) exhibits both clonality and recombination. Molecular Ecology. 9:1-8.
- Iruela M, Rubio J, Cubero JI, Gil J and Mill T.** (2002). Phylogenetic analysis in the genus *Cicer* and cultivated chickpea using RAPD and ISSR markers. Theoretical and Applied Genetics. 104:643-651.
- Jeon SH, Son D, Ryu YS, Kim SH, Chung JI, Kim MC and Shim SI.** (2010). Effect of presowing seed treatments on germination and seedling emergence in *Taraxacum platycarpum*. Korean Journal of Medicinal Crop Science. 18:9-14.
- Kang HS and Choi YM.** (1998). Seasonal variation of reproductive characters in two introduced species of *Taraxacum*. Korean Journal of Ecology and Field Biology. 21:475-486.
- Kashin AS, Anfalov VE and Demochko YA.** (2005). Studying allozyme variation in sexual and apomictic *Taraxacum* and *Pilosella* (Asteraceae) populations. Russian Journal of Genetics. 41:144-154.
- Keum YS.** (1992). Taxonomic study of the genus *Taraxacum* Wiggers in Korea. M.A. thesis, Kyungpook National University. p. 1-4.
- Lee CB.** (1993). Illustrated flora of Korea. Hyangmoonsa press. Seoul, Korea. p. 783-784.
- Lee HH and Lee SY.** (2008). Cytotoxic and antioxidant effects of *Taraxacum coreanum* Nakai. and *T. officinale* WEB. extracts. Korean Journal of Medicinal Crop Science. 16:79-85.
- Lee KH, Yang JY, Pak JH, Morita T and Ito M.** (2004). Relationship of diploid East Aisan *Taraxacum* Wiggers using the capitulum morphological character. Korean Journal of Plant Taxonomy. 34:153-166.
- Litt, M and Luty JA.** (1989). A hypervariable microsatellite revealed by *in vitro* amplification of a dinucleotide repeat within the cardiac muscle actin gene. American Journal of Human Genetics. 44:388-396.
- Russel TR, Fuller JD, Macaulay M, Hatz BG, Jahoor A, Powell WP and Waugh R.** (1997). Direct comparison of level of genetic variation among barley accessions detected by RFLPs, AFLPs, SSRs and RAPDs. Theoretical and Applied Genetics. 95:714-722.
- Ryu JH, Choi GL, Lyu JI, Lee SC, Chun JU, Shin DY and Bae CH.** (2010). Genetic relationship analysis of genus

- Nelumbo* accessions based on inter-simple sequence repeats (ISSR). Korean Journal of Medicinal Crop Science. 18:86-92.
- Wu W, Zheng YL, Chen L, Wei YM, Yang RW and Yan ZH.** (2005). Evaluation of genetic relationships in the genus *Houttuynia* Thunb. in China based on RAPD and ISSR markers. Biochemical Systematics and Ecology. 33:1141-1157
- Yang HS.** (1995). Studies of environmental responses in interspecific competition of ecotypes of *Taraxacum officinale*. Korean Journal of Environmental Biology. 13:107-120.
- Yuan CI, Lin LC, Lin CC, Kuo LC and Chiang MY.** (2009). Allele-specific PCR and ISSR marker used in rapid detection of adulteration species of *Taraxacum mongolicum*. Crop, Environment & Bioinformatics. 6:183-191.
- Zietkiewicz E, Rafalski A and Labuda D.** (1994). Genome fingerprinting by simple sequence repeat (SSR)-anchored polymerase chain reaction amplification. Genomics. 20:176-183.