

RAPD분석 기술을 이용한 토종도라지의 기원 분석

김태원 · 이수진 · 김만배 · 박춘근 · 신용욱 · 조영손 · 이신우

Differentiation of indigenous balloon flower (*Platycodon grandiflorum* DC.) germ lines in South Korea by using RAPD analyses

Tae-Won Kim · Soo-Jin Lee · Man-Bae Kim · Chun-Geon Park · Yong-Wook Shin · Young-Son Cho · Shin-Woo Lee

Received: 5 September 2013 / Revised: 9 September 2013 / Accepted: 21 February 2014
© Korean Society for Plant Biotechnology

Abstract The total production volume has been sharply increased from year 2008 in Gyeongnam province, South Korea by the policy of preservation and promotion of indigenous balloon flower germ lines. In an attempt to assist the Gyeongnam province's policy, in this study, we tried to establish a technique to differentiate the indigenous balloon flower germ lines with those collected within South Korea and China. Our preliminary results indicated that RAPD analyses with five different primers exhibited high frequency of polymorphic DNA bands up to 76.9% and phylogenetic tree indicated that some of the indigenous lines can be easily differentiated with others. However, it was suggested that more advanced techniques such as single nucleotide polymorphic markers need to be developed in particular, by using extra-chromosomal DNA.

Keywords balloon flower, *Platycodon grandiflorum*, indigenous germ lines, RAPD

T. W. Kim · S. J. Lee · Y. W. Shin · Y. S. Cho · S. W. Lee (✉)
경남과학기술대학교, 생명자원과학대학, 농학·한약자원학부
(Dept. of Agronomy & Medicinal Plant Resources, College of Life Science and Natural Resources, Gyeongnam National University of Science & Technology, Jinju 660-758, South Korea)
e-mail: shinwlee@gntech.ac.kr

M. B. Kim
경상남도농업기술원
(Gyeongsangnam-do Agricultural Research & Extension Services, Daesin-ro 570, Jinju 660-985, South Korea)

C. G. Park
국립원예특작과학원, 인삼특작부
(Dept. of Herbal Crop Research, National Institute of Horticultural & Herbal Science, Eumseong-gun, Chungbuk, 369-873, South Korea)

서론

도라지는 초롱꽃과(Campanulaceae)에 속하는 다년생초본으로서(Lee 1980; Mabblerley 1987) 국내에서는 3년 이하로 재배하여 출하하는 채소용과 5년 이상 21년까지 재배하여 출하하는 약용인 장생도라지로 크게 구분된다. 최근, 중국에서 수입되는 약용도라지(길경)의 양이 크게 감소하고, 국내 소비자들의 수요는 증가하여 도라지의 단가가 크게 증가하였으며 그 재배면적 또한 크게 증가하고 있는 추세이다. 그러나 도라지는 품종으로 등록되어 있는 계통이 적어서 야생에서 자라는 도라지의 종자를 수확하여 해마다 자가 채종하여 재배하여 오고 있는 실정으로 유전적으로 퇴화하여 품질의 저하와 생산성의 하락 등 농민들의 소득증대에 지장을 주고 있다. 아직까지 품종으로 등록된 도라지 계통은 국내에서 자생하는 도라지의 순계분석을 통하여 확보한 장백도라지와 으뜸 백도라지 등 몇 종에 국한되어 있다. 중국에서도 Shi et al. (2011)이 웅성불임계통을 이용하여 18종의 F1 계통을 생산하여 이들이 모두 잡종강세현상(heterosis)을 보여 품질 및 수량 등이 우수하였다는 보고 외에는 도라지의 유전육종에 관한 연구는 상당히 부족한 편이다. 또한 유전분석에 관한 연구로는 동아시아 지역에서 수집된 도라지 계통을 대상으로 Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD) 기술을 이용하여 국가별로 유전적인 유연관계를 조사한 보고(Park et al. 2005)와 백색도라지를 구분할 수 있는 Sequence characterized amplified region (SCAR)마커의 개발에 관한 보고(Park et al. 2007) 등에 한정되어 있다.

반면에 도라지가 갖고 있는 약리성분의 분석에 관한 연구는 보다 활발히 진행되고 있으며, 3요소 시비량, 재배년수, 재배지역의 토양 특성 등에 따른 약효에 관한 연구 보고는 지속적으로 증가하고 있는 추세이다(Tada et

al. 1975; Lee et al. 1999a; Lee et al. 1999b; Seong et al. 1999; Shon et al. 2001). 최근에는 Lee et al. (2010)이 경상남도에서 수년 동안 도라지를 재배하여 온 지역의 토양분석을 통하여 특정 영양 성분의 시비방법을 보완하는 등에 관한 연구를 보고한 바 있다.

경상남도는 지난 2008년도에 국내에서 처음으로 「경상남도 토종농산물 보존육성에 관한 조례」(2008. 7. 3)를 제정하였으며 「경상남도 토종농산물 보존육성에 관한 조례 시행규칙」(2008. 11. 13)에 따라 연도별로 지정되는 토종 품목을 재배하는 농가에 대한 소득 보전 직불금 지원으로 토종 농산물의 재배확대를 도모하고 농가소득 증대에 기여하는 정책을 추진하여 왔다. 매년 초에 지원 대상 토종 품목을 확정하고 경상남도농업자원관리원에서 종자를 공급받은 농가와 전년도 토종농산물 재배를 확인한 농가는 파종 전 사군담당자가 확인하고 자가 채종하여 재배하는 종자의 경우에는 전문확인단의 토종종자 여부를 확인 후 파종을 하도록 유도하고 있다. 지원 대상 품목은 초기에는 일년생으로 토란, 메밀, 울무, 조, 수수, 기장, 김정깨, 속칭, 쥐눈이콩과 다년생으로 도라지, 연, 민들레, 돌미나리 등 13품목이었으나 2012년도에 동부과 이팔을 포함시켜 합계 15품목을 지정하여 지원하고 있다 (토종농산물매뉴얼, 경상남도, 2012 참조).

이러한 정책적 지원 덕분에 경남지역내의 도라지 재배면적은 해마다 증가하고 있으며 특히 10,000평 이상을 재배하는 대농가의 호수가 증가하고 있으며 2010년도의 통계연보에 의하면 도라지 재배농가호수는 경상남도가 전국에서 가장 많았으며 생산량은 강원도에 이어 2위로서 1,120톤을 생산한 것으로 조사되었다. 그러나 실제로는 국내에서 자생하여 토착화된 토종 도라지 종자의 구분이 모호하고 품종으로 등록된 백도라지등도 타가수정에 의하여 순계를 보존하기가 어려운 실정이다. 따라서 조직 배양기술에 의한 토종 순계의 보존과 중국 및 일본종과의 구분이 가능한 분자생물학적 마커의 개발에 관한 연구가 수반되어야 경남도에서 추진하고 있는 토종 보존 육성정책을 성공적으로 뒷받침 할 수 있을 것으로 사료되었다.

이에 본 연구에서는 국내의 도라지 재배 농가를 방문하여 야산에서 수집하여 오랫동안 자가 채종하여 재배하였다는 농가를 중심으로 종자를 수집하여 RAPD기술을 이용한 유전적인 연관관계를 우선적으로 조사하여 보았기에 보고하는 바이다.

재료 및 방법

도라지 계통 수집, 보존

경남 지역 내 도라지 재배 농가를 방문하여 종자구입경

로, 재배면적, 재배년수 등을 파악하였다. 수집된 종자는 초저온 냉동고, 4°C, 실온에 나누어 보관하였고 식물체는 온실에서 재배하여 종자를 채취하도록 하였다.

계놈 DNA 분리 및 PCR 분석

수집된 도라지 계통별로 일정량의 종자를 이용하여 cetyltrimethyl ammonium bromide (CTAB) 방법(Doyle and Doyle, 1987)으로 계놈 DNA를 분리하였다. 액체질소를 이용하여 마쇄한 분말상태의 시료를 DNA extraction kit에 포함된 완충용액을 사용하여 회사에서 제공한 표준 방법에 따라 분리하였다. 정제된 genomic DNA의 순도를 조사하기 위하여 일정량의 분획을 1% agarose gel에서 전기영동을 실시하여 확인한 후 UV-spectrophotometer를 이용하여 234 nm, 260 nm, 280 nm에서 각각 흡광도를 측정하여 A260/A280 값이 1.8-2.2 범위 그리고 A234/A260 값이 0.5-0.8 범위 내 포함되어야 하는 것을 조사하여 RNA 및 단백질 등의 오염정도를 확인하여 순수한 DNA를 사용하였다. 정제된 genomic DNA를 사용하여 RAPD분석을 위하여 다음과 같은 조건으로 PCR을 수행하였다. Template DNA 15 ng과 프라이머 별로 5 pmole을 첨가하고 PCR premix 용액(2 × reaction buffer, 2.0 mM dNTP, 4 mM MgCl₂, Taq polymerase)과 혼합하여 94°C에서 5분간 pre-denaturation한 후 94°C에서 30초, 32°C에서 1분, 72°C에서 1분을 1 cycle로 하여 35 cycle 반복 후 72°C에서 10분간 연장반응을 시킨 후 4°C에서 반응을 종료하고 증폭된 DNA 밴드는 1.5% agarose gel을 이용하여 전기영동하여 그 결과를 분석하였다.

도라지 유연관계 분석

증폭된 PCR 산물을 각각 1.5% agarose gel에 전기영동하여 Red safe (IntRon, Korea)로 염색한 후 UV trans-illuminator를 이용하여 사진을 촬영하였다. 전기영동 후 촬영된 gel 사진을 토대로 밴드의 유무에 따라 밴드가 있는 경우에는 1, 밴드가 없는 경우에는 0을 부여하여 데이터화 하였으며 이를 토대로 NTSYS-PC (Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis for personal computer) software, version 2.1 (Rohlf 2000)을 이용하여 UPGMA (Unweight Pair-group Method using Arithmetic Average)에 의한 각 계통간의 similarity를 분석하여 dendrogram을 작성하였다. 모든 PCR 실험은 3회 이상 반복하였다.

결과 및 고찰

경상남도의 도라지 생산량은 2006년까지는 약 200톤에 달하였으나 2009년도에는 912톤으로 급격하게 증가하여,

2010 년도에는 1,125톤까지 증가하였다. 그 이유로는 첫째, 도라지 단가가 급등하였으며, 둘째, 소비자들의 수요가 지속적으로 증가하고 있다는 점, 셋째, 「경상남도 토종농산물 보존육성에 관한 조례」의 발표에 따른 적극적인 정책을 추진하고 있기 때문이라고 사료된다. 향후 이러한 증가추세는 지속될 것으로 보이며 도라지 재배농가 호수와 면적은 늘어갈 것으로 전망된다. 따라서 중국 및 일본산과의 차별화와 함께 우수한 품종을 육성하고, 잡종강세를 이용한 F1 종자의 생산기술의 확립 등이 선행되어야 할 것으로 조사되었다. 이러한 연구는 재래종 또는 토종 등 다양한 유전자원의 확보가 선행되어야 하고 이를 보존하는 기술이 개발되어야 한다.

본 연구에서는 국내의 도라지 재배 농가를 방문하여 최초의 종자구입 경로, 재배연수, 재배목적(채소용 또는 약용) 등을 조사하고 농가별로 종자를 수집하였다. 경남

지역은 주로 함안군, 함양군, 고성군, 의령군, 사천시, 합천군 등을 중심으로 수집하였으며 대조구로 강원도, 충남 청양군, 충북, 경북 등의 국내 지역의 농가, 시장 등에서 종자를 구입하였다. 또한 중국에서 구입한 것도 있으며, 일부 중국에서 판매되는 말린 뿌리(길경)도 포함하였다. Table 1은 이들 시료 중 RAPD분석에 사용된 것들만 요약하였다. 이들 종자들의 구입경로를 확인하기 위하여 경상남도와 해당 군의 공무원과 함께 농가를 가가호호 방문하여 상담을 수행하여 조사하였으며, 이들 중 함안군 내곡리의 11-1번 농가, 함안군 주서리 11-5번 농가, 그리고 충남 신창군 가덕리의 12-3, 12-4번 농가는 직접 인근 야산의 야생도라지로부터 종자를 수확하여 매년 자가 채종하여 수 십년간 재배 하였다고 한 시료들이다. 또한 12-1번 시료는 장백도라지로서 국내에서 육성한 계통이며 12-2번은 으름백도라지이다.

Table 1. List of balloon flower's germ lines used for RAPD analyses

No	Collection site	How to obtain seeds	Note
11-1	1, Neagog-ri, Haman-gun, Gyeongnam, Korea	Self-collection for longer than 40 years from wild plant	
11-3	1, Juseo-ri, Haman-gun, Gyeongnam, Korea	Neighbor	
11-5	3, Juseo-ri, Haman-gun, Gyeongnam, Korea	Self-collection for longer than 40 years from wild plant	
11-7	1, Hwachun-ri, Haman-gun, Gyeongnam, Korea	Neighbor	
11-8	2, Hwachun-ri, Haman-gun, Gyeongnam, Korea	From Gangwon Province	
11-10	Youngbu-ri, Gosung-gun, Korea	Neighbor	
11-21	Gaheong-ri, Hamyang-gun, Gyeongnam, Korea	Neighbor	
11-24	1, Dogo, Asan-si, Chungnam, Korea	Unknown	
11-31	Bakju, Anhwi-city, China	Unknown	
11-35	Gasan-ri, Sachun-si, Gyeongnam, Korea	Unknown	
11-39	China	Unknown	
12-1	Gyeongnam Agricultural Research & Extension Services Breeder's stock		Jangbaek white flower
12-2	Chungbuk Agricultural Research & Extension Services Breeder's stock		Superior white flower
12-3	Sinchang-myun, Gadeog-ri, Asan-si, Chungnam	Self-collection for longer than 40 years from wild plant	white flower
12-4	Sinchang-myun, Gadeog-ri, Asan-si, Chungnam	Self-collection for longer than 40 years from wild plant	purple flower
12-5	China	Unknown	
12-6	230, Nepo-ro, Hongsung-up, Hongsung-gun, Chungnam	collect from plants grown in field	
12-7	173, Seanghyun-ri, Anjeong-myun, Youngju-si, Kyungpook	collect from plants grown in field	

Table 2. Nucleotide sequence of random primers for RAPD analyses

Random primer	Nucleotide sequence(5' - 3')
HD1	CCA GAT GCA C
HD2	CCG AAT TCC C
HD3	ACC CGG TCA C
HD4	GGA GTA CTG G
HD5	AAC CCG GGA A

수집된 종자들은 소규모 비닐 포장 속에 넣고 감압기로 공기를 뺀 다음 4°C에 보관하면서 일정량의 종자로부터 직접 RAPD 분석을 위한 게놈 DNA를 분리하였다. 국내의 경남지역 및 중국에서 수집된 39종의 도라지 계통을 대상으로 1차 RAPD 분석을 수행하여 아주 유사하게 나타나는 계통은 제외하고 특별히 많은 다형성 밴드를 보이는 10계통만을 대상으로 분석을 수행하였으며 특히 야산에서 채종하여 해마다 자가 채종하여 오랫동안 재배하였다고 진술한 농가의 시료를 중심으로 Table 2에서 기술한 5종류의 프라이머를 사용하여 RAPD를 수행하여 전기영동 하여 얻은 결과를 Figure 1에 도식화하였으며, 각 프라이머별로 전체 생성된 밴드의 수, 다형성을 보이는 밴드의 수와 빈도를 조사하여 Table 3에 요약하였다. 가장 많은 다형성 밴드를 보인 프라이머는 HD 3으로 총 13

개의 밴드를 형성하고 이중 10개는 계통 간 서로 다른 것으로 나타나 76.9%의 높은 다형성빈도를 보였다. 반면에 HD 5 프라이머는 총 8개의 밴드 중 다형성을 보이는 밴드는 단 하나로 12.5%의 가장 낮은 다형성을 나타내었다. HD 1과 HD 4 프라이머는 각각 8개와 10개의 밴드를 형성하였으나 3개의 다형성 밴드를 보여 각각 30과 37.5%의 다형성 빈도를 보였고 HD 2 프라이머는 총 9개의 DNA 밴드 중 4개의 밴드가 다형성을 보여 44.4%의 다형성 빈도를 보였다.

RAPD결과를 근거로 하여 NTSYS-PC doftware version 2.1 프로그램을 사용하여 각 밴드의 유무를 입력한 후 최종적으로 phylogenetic tree를 도식화 하였다(Fig. 2). 전체 48개의 밴드에 대하여 계통간의 유무를 입력한 후 프로그램에 따라 dendrogram을 얻어서 계통간의 유전적 연관성을 조사한 결과 경남 함안군 주서리에서 수집한 11-5번, 화천군에서 수집한 11-7번과 11-8번 그리고 고성군에서 수집한 11-10번 계통들이 하나의 가장 가까운 그룹으로 조사되었다. 그리고 중국에서 수집한 11-31번과 사천시에서 수집한 11-35번 계통이 유사한 그룹으로 cluster를 형성하였으며 여기에 함양군 가흥리에서 수집한 계통들이 유사한 그룹으로 나타났다. 반면에 함양군 내곡리에서 수집한 11-1번과 함양군 주서리의 또 다른 농가에서 수집한 11-3번, 그리고 충남아산시에서 수집한 11-24번 계통들은 나머지 계통들과는 다소 유연관계가 떨어지는 것으로 조사되었다. 11-5번 계통은 이미 기술한바와 같이 인근야산에서 종자를 채종 후 수 십년간 자가 채종하여 재배하여 왔다고 진술한 것이며, 11-7번은 이 농가로부터 분양받은 것이며, 11-8번은 강원도에서 분양 받았으며 11-10번 계통은 고성군에서 수집한 것으로 이웃농가에서 분양받았다고 진술한 계통들인데 이들이 서로 유사한 것으로 조사되었다. 한편, 11-31번은 중국 안휘성에서 수집된 계통이며 11-35번 계통은 경남 사천시에서 수집된 계통들인데 이들이 다소 유사한 것으로 조사되었다. 또한 11-21번은 함양군 가흥리에서 그리고 11-24번은 충남아산시에서 각각 수집된 계통들인데 유사한 것으로 조사되

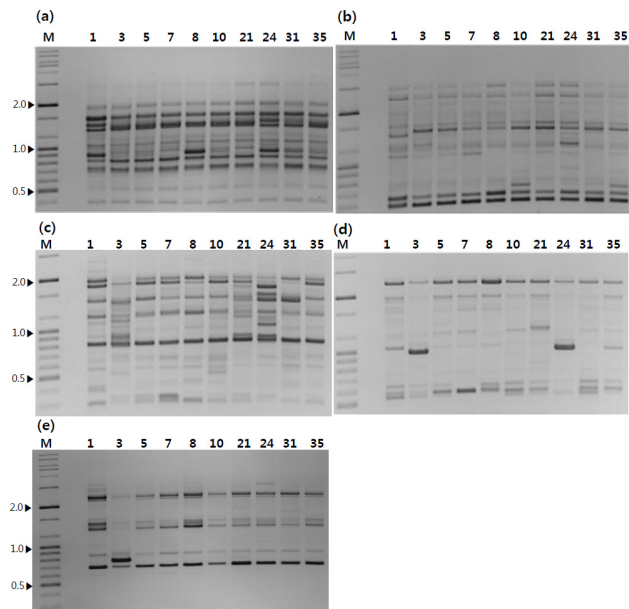


Fig. 1 RAPD amplification for the differentiation of indigenous balloon flower germ lines with primer HD 1 (a), HD 2 (b), HD 3 (c), HD 4 (d) and HD 5 (e). Lane M indicates size marker and each number represents accession number of collected germ lines in year 2011 listed in Table 1

Table 3. The pattern of polymorphic DNA bands for indigenous balloon flower in South Korea

Primer	No. of amplified bands	Total No. of polymorphic bands	No. of polymorphic bands										Frequency of polymorphic bands (%)
			11-1	11-3	11-5	11-7	11-8	11-10	11-21	11-24	11-31	11-35	
HD 1	8	3	2	1	1	1	2	1	1	3	2	1	37.5
HD 2	9	4	2	1	1	1	2	2	2	4	2	2	44.4
HD 3	13	10	-	3	-	-	-	-	4	6	1	-	76.9
HD 4	10	3	1	2	1	-	-	-	1	2	1	2	30.0
HD 5	8	1	1	-	1	-	-	-	-	-	-	-	12.5
Total	40	20	6	7	4	2	4	3	8	15	6	5	40.3

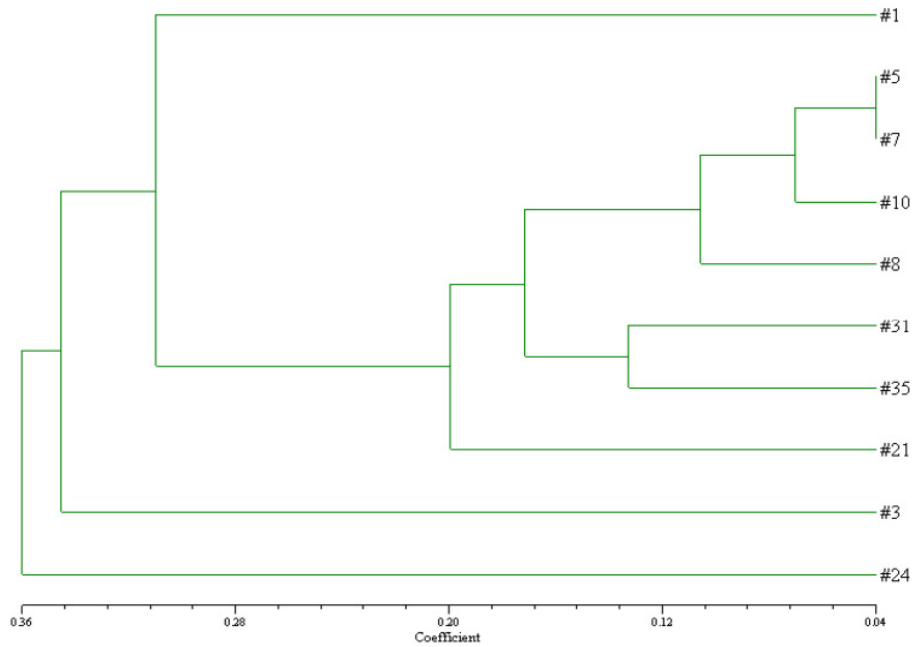


Fig. 2 Phylogenetic relationship among 10 collected germ lines of *Platycodon grandiflorum* by using UPGMA cluster calculated from polymorphic RAPD markers. Scale at the bottom is genetic relatedness derived from Dice coefficient of similarity. Each number indicates accession number of collected germ lines listed in Table 1

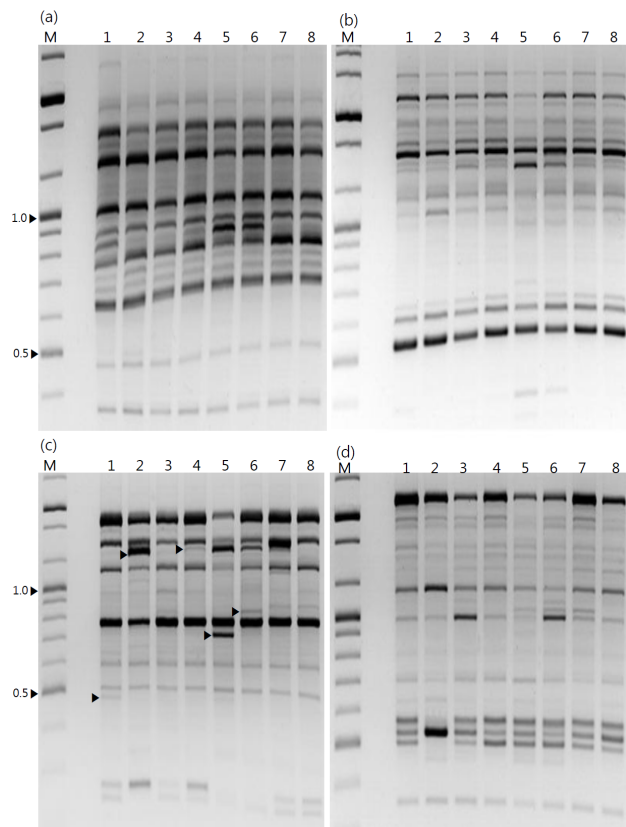


Fig. 3 RAPD amplification for the differentiation of white balloon flower germ lines with primer HD 1 (a), HD 2 (b), HD 3 (c), and HD 4 (d). Lane M indicates size marker and lane 1 to 8 indicate collected germ lines of 12-1, 12-2, 12-3, 12-3, 12-4, 11-39, 12-5, 12-6, and 12-7 listed in Table 1, respectively. Arrows indicated on DNA bands represent a specific band for its own germ lines

었다. 11-1 번 계통은 함안군 내곡리의 인근 야산에서 채종하여 오랫동안 자가 채종하여 재배하여 온 계통이며 11-3 번 계통은 함안군 주서리에서 채종된 것인데 이웃농가에서 분양 받은 것으로 서로 다른 밴드를 각각 생성한 것으로 조사되었다.

한편, 본 연구를 통하여 2012 년도에 수집된 도라지 계통 중 충남 아산시 신창면의 농가에서 직접 수집한 것으로 Table 1 의 12-3 번과 12-4 번 시료는 인근 야산에서 자생하는 도라지의 종자를 채취하여 수 십년간 자가채종하며 재배하였으며 특히 백도라지와 자색도라지의 종자를 구분하여 채취하여 재배하여 왔다고 진술한 종자들이다. 이들 종자를 대상으로 국내의 육성종이며 백도라지인 장백(12-1), 으뜸백도라지(12-2), 그리고 2012 년도에 중국(12-5), 충남(12-6), 경북(12-7) 등에서 수집한 시료를 대상으로 상호 유연관계를 조사하여보고자 RAPD 를 수행하여 Figure 3 에 나타내었다. RAPD 결과를 통하여 얻은 다형성을 보이는 DNA 밴드를 프라이머별로 조사한 결과를 Table 4 에 요약하였다. 4 개의 프라이머를 사용하여 상기한 8 종의 계통들을 대상으로 RAPD 를 수행한 결과 총 61 개의 DNA bands 가 생성되었으며 이중 20 개가 계통간 다형성을 보였다. HD 3 프라이머를 사용한 경우에 가장 많은 8 개의 다형성 밴드를 생성하여 57.1% 의 빈도를 나타내었다. 반면에 다른 프라이머들은 5 개 미만의 다형성 밴드를 나타내어서 31% 미만의 다형성 빈도를 보였다. HD 3 프라이머를 사용하여 얻은 다형성 밴드 중 장백, 으뜸백도라지, 중국에서 수집한 11-39와 12-5 번에만 특이적으

Table 4. The pattern of polymorphic DNA bands for white balloon flower bred in South Korea

Primer	No. of amplified bands	Total No. of polymorphic bands	No. of polymorphic bands								Frequency of polymorphic bands (%)
			12-1	12-2	12-3	12-4	11-39	12-5	12-6	12-7	
HD 1	15	3	1	2	0	1	1	1	1	1	20.0
HD 2	16	4	2	2	1	1	3	3	1	1	25.0
HD 3	14	8	3	2	1	2	2	2	2	2	57.1
HD 4	16	5	0	1	3	2	3	4	2	2	31.3
Total	45	15	18	18	14	16	17	18	16	16	33.4

로 나타는 뚜렷한 밴드들을 확인할 수 있었으나 충남에서 수집한 토종 백도라지와 자색도라지라고 진술한 12-4번과 12-5번에만 특이하게 존재하는 밴드는 찾기가 어려웠다. 그러나 이들 두 계통을 비교한 결과 자색계통(12-5번)에만 특이하게 1.0 Kb 이상의 비교적 큰 DNA밴드가 확인되었다(Fig. 3).

Park et al. (2005)이 보고한 연구결과에 의하면 일본, 중국, 북한 및 남한에서 수집된 48종의 도라지 계통들을 대상으로 조사한 결과 국가별로 뚜렷한 구분이 가능한 다형성밴드를 형성하여 개별 cluster를 형성하는 것으로 보고하였다. 또한 Song et al. (2012)은 우리나라와 중국에서 수집된 8종의 도라지계통을 대상으로 22개의 다형성 패턴을 보이는 microsatellite marker를 개발하였다고 하였으며 향후 이들 마커들은 도라지계통의 유전적 다양성에 관한 연구에 유용하게 이용될 수 있을 것이라고 보고하였다. 본 연구에서도 국내의 경남 지역 내 함안군, 함양군, 사천시 등과 충남아산시의 인근야산에서 종자를 채종하여 오랫동안 자가 채종을 하여 재배하여 온 계통들을 대상으로 국내의 다른 지역 즉 강원도, 충남, 제주도 등에서 수집한 계통과 중국에서 수집한 계통들과 비교 조사한 결과로서, 일부 계통은 지역별로 서로 다른 유전적인 유연관계를 보이는 것으로 조사되었다. 그러나 향후 보다 많은 수집 계통들을 대상으로 하여 보다 진보된 분자생물학적기술을 도입하여 추가연구를 수행하여야 정확한 기원을 판별할 수 있을 것으로 사료되었다. 특히 최근 중국 등에서 대량의 도라지 종자가 유입되어 국내의 대단위 지역에서 재배됨에 따라 혼재된 상태에서 토종 종자의 기원을 찾기가 어려울 것으로 사료되며, 향후 핵외 유전을 하는 엽록체의 계놈을 분리하여 엽기서열 분석을 통한 SNP를 상호 비교 분석하는 연구가 수반되어야 할 것으로 사료되었다.

적 요

도라지는 초롱꽃과에 속하는 채소용 또는 약용으로 그 생산량이 해마다 증가하는 추세에 있다. 특히 국내의 경

남지역에서는 토종도라지의 보존과 육성을 위한 정책을 추진하고 있고 도라지의 단가도 급등함에 따라 그 재배면적이 크게 증가하였다. 본 연구에서는 토종 도라지의 순계를 보존하기 위한 조직배양 기술의 확립과 함께 분자생물학적 기술을 이용한 토종 도라지의 판별 기술을 개발하기 위한 기초연구를 수행하였다. 먼저 경남지역과 충남아산시 등의 야산에서 채종하여 수 십년간 자가 채종하여 재배하여온 농가에서 수집한 종자를 중심으로 5종의 primer를 이용하여 RAPD분석을 수행한 결과 총 48개의 밴드를 생산하였으며, 이중 21개 밴드는 다형성을 보이는 밴드로 40.3%의 다형성을 나타내었다. 특히 primer HD3는 총 13개의 밴드 중 10개가 계통간 다형성을 보여서 76.9%의 높은 다형성빈도를 보였다. 향후 핵 DNA보다는 핵외 DNA를 이용한 SNP 마커의 확보 등 보다 진보된 기술을 이용한 보완연구가 수행되어야 할 것으로 사료되었다.

사 사

본 논문은 농촌진흥청공동연구사업(PJ008801)의 지원에 의해 이루어진 것임.

References

- Doyle JJ, Doyle JL (1987) A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh tissue. *Phytochemica Bulletin* 19:11-15
- Lee YH, Park SR, Ryu JS, Lim ST, Ko BG, Yun HD (1999a) Survey on cultural environment and soil morphological characteristics of *Platycodon grandiflorum*. *Kor J Soil Sci fertilizer* 32:215-222
- Lee ST, Ryu JS, Kim MB, Kim DK, Lee HJ, Heo JS (1999b) Crude saponin contents of *Platycodon grandiflorum* (Jacq.) A. DC. *Kor J Med Crop* 7:172-176
- Lee CH, Lee SW, LeH (2010) Changes of soil chemical properties according to cultivation area and cultural year for *Platycodon grandiflorum*. *Kor J Med Crop* 18:273-279
- Mabberley DJ (1987) *The Plant Book*. p461

- Park CG, Yan ZY, Lee SC, Shon TK, Park HW, Jin DC (2005) Genetic diversity and DNA polymorphism in *Platycodon grandiflorum* DC. collected from East-Asian area. *Kor J Med Crop Sci* 13: 115-120
- Park CG, Bang KH, Kim OT, Jin DC, Kim DH, Sung JS, Seong NS, Park HW, Lee SH (2007) Development of SCAR marker for discriminating between violet flowered lines and white flowered lines in chinese bellflower (*Platycodon grandiflorum* A.). *Kor J Med Crop* 15: 1-5
- Rohlf FJ (2000) NTSYS-pc numerical taxonomy and multivariate analysis system version 2.1. Owner manuel
- Seong JD, Kim HT, Kim GS, Han SI, Kwack YH (1999) Root yield and saponin content in different soil texture of *Platycodon grandiflorum* A. DC. *Kor J Med Crop* 7: 282-287
- Shi FH, Wei JH, Ling ZZ, Chu QL (2011) The performance of agronomic traits in F1 crossing combinations derived from male sterile line of (*Platycodon grandiflorum*). *Zhong Yao Cai* 34: 1815-1818
- Shon MY, Seo JK, Kim HJ, Sung NJ (2001) Chemical compositions and physiological activities of Doraji (*Platycodon grandiflorum*). *J Kor Soc Food Sci Nutr* 30: 717-720
- Song JY, Lee GA, Yoon MS, Ma KH, Choi YM, Lee JR, Park HJ, Lee MC (2012) Development and characterization of 22 polymorphic microsatellite markers for the balloon flower *Platycodon grandiflorum* (Campanulaceae). *Genet Mol Res* 11: 3263-3266
- Tada A, Kaneiwa Y, Shoji J, Shibata S (1975) Studies on the saponins of the root of *Platycodon grandiflorum* A. DeCandolle. I. Isolation and the structure of platycodon D. *Cheml Pharm Bull* 23: 2965-2972
- Lee, CB (1980) A picture book of the Korean flora, Hyangmoon Co. p725