

메밀유전자원의 종자, 형태 및 DNA 다형특성 평가

정찬선¹⁾, 홍순관, 이상용*, 박철호, 김남수, 신영범

¹⁾상지대학교 농학과, 강원대학교 식물응용과학부

우량 메밀품종 육성을 위한 기초연구로서 도입종과 국내 수집종 44계통의 메밀 유전자원에 대한 종자의 형태 및 식물체의 형태적 특성을 조사하고 이들 계통중에서 20개의 계통을 선택하여 RAMP(Random Amplified Microsatellite Polymorphism) 기법에 의한 DNA 다형을 조사하였다.

메밀의 각 계통은 6월 7일에 pot에 10립씩 파종하여 성숙기에 주요 형태적 형질을 조사하였으며 종자 형태의 조사는 파종전에 립장, 립폭, 천립중에 대하여 조사하였다. 조사된 44계통 가운데 13계통이 초장이 1m를 초과하였고 6계통이 70cm 미만이었다. 줄기 직경은 큰 변이없이 대체로 2-4mm 정도이었으며 주경절수에 차이가 많아 7-30개의 범위를 나타냈고 16계통이 13-16개의 주경절수를 나타냈다. 잎은 엽폭보다 엽장에 변이가 컸고 따라서 주당 엽면적도 차이가 많아 3cm²-68cm²의 범위를 나타냈다. 종자는 립장이 5-7mm, 립폭이 3.5-5.4mm의 범위였으며 천립중은 21-34g의 범위를 나타냈다.

메밀의 DNA는 개화기에 도달한 식물체의 상위 어린 잎을 사용하여 추출하였으며 DNA다형 분석의 편이성을 도모하기 위하여 종자 및 형태조사에 사용된 44계통 중에서 20계통을 선택, RAMP를 실시하였다. 각 계통의 DNA를 Alu I 제한효소로 37° C에서 overnight하여 절단하였으며 절단된 DNA 단편은 K811[(GA)₇]과 K812[CA(GA)₅]의 두 primer를 이용하여 PCR을 실시, 단편을 증폭하였으며 증폭된 PCR산물은 4.5% Acrylamide gel[ReadySol DNA/PAGE(Pharmacia)]에 전기영동한 후 silver staining시켜서 각 계통간의 DNA 다형을 조사하였다. RAPD분석 결과 20개의 각 계통은 두 개의 primer에 대하여 매우 다양한 band pattern을 보여서 각 계통간에 매우 높은 비율로 DNA다형화가 관찰되었다.