

PCR 증폭 DNA에 의한 소로리 출토 탄화미와 현대벼의 유전적 유사성 분석

충북대학교 : 조용구*, 이용조 영남대학교 : 서학수 서울대학교 : 허문희

Phylogenetic Analysis of Ancient Rices and Current Rices by PCR Amplification with URP Primers

Chungbuk National University : Cho, Yong-Gu* and Yung-Jo Lee
Yeungnam Univ. : Hak-Soo Suh Seoul National Univ. : Mun-Hue Heu

목 적

충북 청원군 옥산면 소로리 유적지에서 발굴된 탄화미의 DNA 조성을 현재의 재배벼, 잡초성벼, 야생벼 등과 비교 검토하여 탄화미와 현존하는 벼와의 유전적 유사성을 비교하고자 한다.

재료 및 방법

탄화종자 6 종의 DNA를 분석하여 현존하는 벼와 유전적 유사성을 비교하기 위하여 Indica 재배벼 IR36, Peh-kuh, Japonica 재배벼 낙동벼, Taichung 65, 단립형 잡초성벼 경산앵미2, 순천앵미1, 장립형 잡초성벼 합천앵미3, 성주앵미8, 야생벼 W1944, W130 및 일산 가와지 출토 탄화벼 종자 등과 공시하여 벼 유래의 반복 DNA 배열(repetitive sequence)로부터 고안하여 18~20 mer 길이로 합성된 다범위 프라이머(universal primer)인 URP1, URP2, URP4, URP6, URP12, URP13, URP15 등 7개 프라이머를 이용하여 종자 껍질로부터 추출된 DNA를 PCR(polymerase chain reaction)로 증폭하여 그들 상호간의 유연관계를 분석하였다.

결과 요약

1. URP1, URP12 및 URP13 등을 사용하였을 때에는 다양한 밴드형태를 나타내었으나 URP2, URP4, URP6 및 URP15 등을 사용하였을 때에는 거의 동일한 밴드패턴을 보여(그림 1) 이들 프라이머와 상동성을 나타내는 DNA 부위는 현대벼나 고대 종자간에 공히 존재하는 DNA 염기서열을 가지고 있는 것으로 판단되었다.
2. 현대벼와 고대 종자간의 유전적 유사도를 분석한 결과 그림 2에 나타낸 바와 같이 고대 단립종은 현재 재배종의 indica형벼 IR36과 91% 정도의 유사도를 나타내었으며 13:유사벼1, 14:유사벼1, 15:고대 단립종, 16:유사벼2 등은 유전적으로 동일한 군으로 분류되면서 IR36 및 고대 단립종군과 90%의 유사성을 보였다. 그러나 17:유사벼3은 현대 벼군에 분류되어 indica형벼 Peh-kuh와 약 76%의 유사성을 나타내었다. 일산 가와지 출토 탄화벼 종자의 경우에는 현대 벼군에 분류되었고 국내 재배종 japonica형벼인 낙동벼와 68% 정도의 유사도를 보였다.

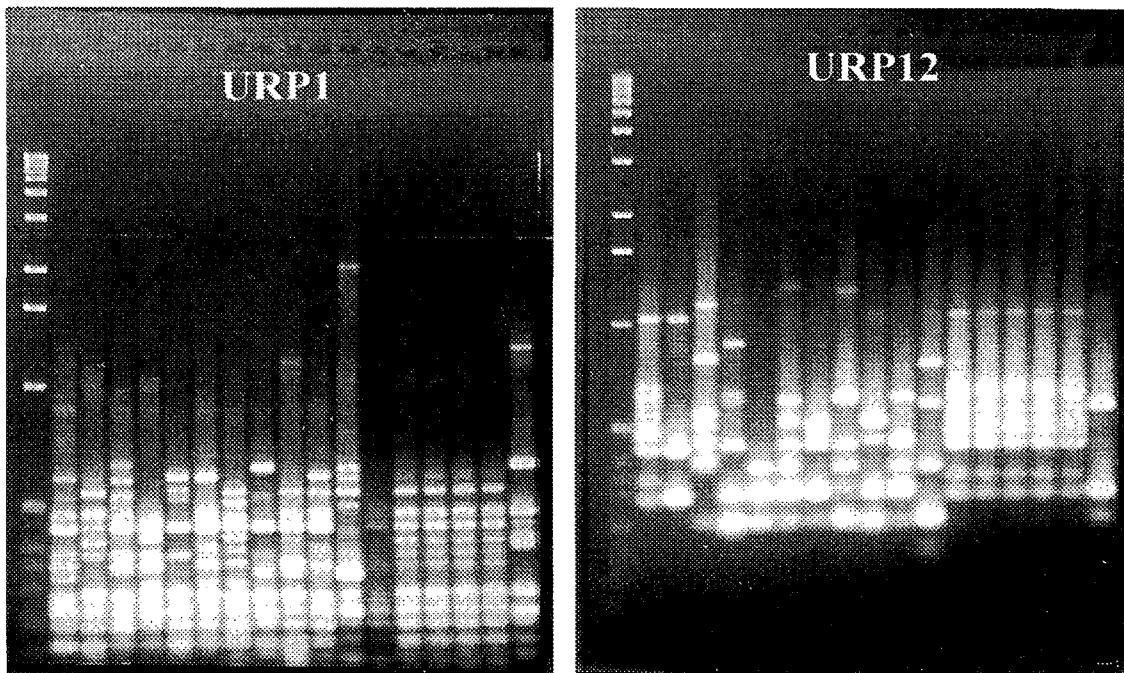


Fig. 1. PCR band patterns of ancient and current rice DNAs extracted from a single hull and amplified by universal rice primers, URP1 and URP12. Lane 1:IR36, 2:Peh-kuh, 3:Nagdongbyeo, 4:Taichung 65, 5:Kyongsan2, 6:Suncheon1, 7:Hapcheon3, 8:Seungju8, 9:W1944, 10:W130, 11:Gawaji rice, 12:Old short grain, 13:Capsule rice 1, 14:Non-rice 1, 15:Old short grain, 16:Non-rice 2, 17:Non-rice 3

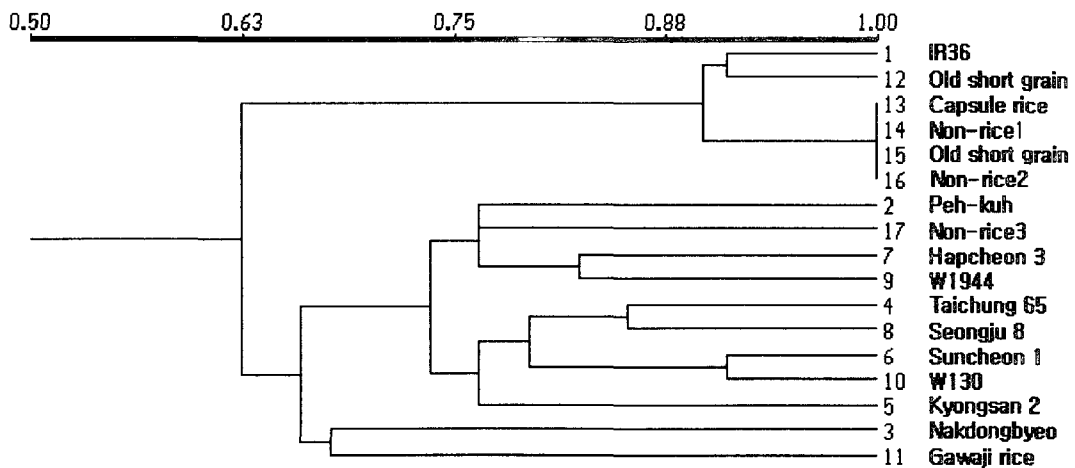


Fig. 2. Phylogenetic analysis of ancient and current rice DNAs extracted from a single hull and amplified by universal rice primers, URP1 and URP12.