

## ITS 염기서열 분석에 의한 뽕나무 유연관계 분석

성규병, 김호락, 남학우, 구태원

농업과학기술원 잠사곤충부

잎과 가지의 형태 등 외부 형태적인 특성에 의해 분류가 이루어져, 객관성이 부족한 뽕나무를 대상으로 분자생물학적인 기법을 활용하여 유연관계를 분석하여 뽕나무 품종분류의 기초자료를 얻기 위하여 본 실험을 수행하였다.

ribosomal DNA의 ITS영역은 noncoding 영역으로서 비교적 크기도 작고, 인접한 다른 coding 영역과 비교하여 진화속도가 빠르고 변화가 심하여 종속간에 다양성을 보여주므로 동일 종내의 개체군간 혹은 종간의 비교 및 계통의 유연관계 추정을 위한 marker로서 유용하게 이용되고 있어, 4계통 뽕나무속(*Morus* spp.) 9종과 outgroup으로서 꾸지뽕나무를 대상으로 ITS 영역의 염기서열을 비교한 결과,

뽕나무속 식물의 ITS 1 영역은 219-220 bp 이었으나, ITS 2 영역은 269 bp 로 나타났으며, ITS 영역 510개 site 중 148개의 variable site가 나타났으며, 영역별로는 ITS 1이 52%를 차지하고 ITS 2가 48%를 차지하였다.

염기의 G+C 비율은 ITS 1영역에서 58.2-58.9%를 나타내었으며, ITS 2에서는 모든 품종들이 63.6% 이었다.

ITS 염기서열 분석에 의해 9개의 공시품종을 5개의 군으로 분류할 수 있었으나, 염기서열 변이는 모든 품종에서 0-1.30%로 매우 낮았다. 특히 2개의 분류군(백아십문자, 청일뽕 및 밀성뽕과 정야상, 짜리골 II 및 울본)에서 염기서열의 변이가 없어 유전적으로 유사도가 매우 높은 것이 확인되었다.