

# AFLP 이용한 마(*Dioscorea* spp.)의 다양성 분석

장광진, 최익영<sup>1)</sup>, 박주현<sup>2)</sup>, 이주경, 박철호<sup>1)</sup>, 김남수<sup>1)</sup>  
한국농업전문학교, <sup>1)</sup>강원대학교 농업생명과학대학, <sup>2)</sup>동양물산 중앙기술연구소

## Study on Genetic Diversity among *Dioscorea* spp. Using AFLP

K. J. Chang, I. Y. Choi<sup>1)</sup>, J. H. Park<sup>2)</sup>, J. K. Lee, C. H. Park<sup>1)</sup>, and N. S. Kim<sup>1)</sup>

Korea National Agricultural College, College of Agriculture and Life Sciences,  
<sup>1)</sup>Kangwon National University Chunchon 200-701 Korea, <sup>2)</sup>Tongyang Moolsan Co. LTD. ,  
Yongin 449-870 Korea\*\*

### 실험목적

본 연구는 도입마를 포함한 수집 마의 분자 마커를 이용한 유전적 다양성 분석을 통하여 마의 육종자료의 기초로 이용하고자 수행하였다.

### 재료 및 방법

수집 마의 재료는 *D. opposita*, *D. japonica*, *D. alata*, *D. bulbirera*, *D. nipponica*의 각 종별로 지역을 달리하여 총 51개체를 수집하여 분석에 사용하였다.

DNA 추출과 증폭: 식물 게놈 DNA는 Tai and Tanksley (1990)의 방법을 변형하여 SDS를 사용한 buffer를 이용하여 추출하였다.

AFLP 분석: AFLP분석은 Maughan 등(1996)의 방법을 응용하였다. AFLP 분석에서 PCR을 하기전에 genomic DNA 1 $\mu$ g을 *EcoR* I 과 *Mse* I 으로 절단시켰으며 절단된 DNA에 adaptor를 반응액 50 $\mu$ l에 ligation 시켰다.

분자마커를 통한 Data 분석: AFLP의 분자마커를 통한 마 계통간의 유사성을 분석하기 위하여 NTSYS PC program을 사용하였다.

### 결과 및 고찰

AFLP 분석의 분자마커를 이용한 도입마의 유사성 분석에서 62% 수준에서 도입마는 다른 종간에 유의성이 나타났고 주성분 분석에서도 구분이 가능하였다.

일본의 쿠마모토(Kumamoto)지방에서 수집된 *D. alata*의 계통들의 유사성이 높음으로 보아, 그 지역의 마 유전자원의 이동이 적은 것으로 보인다. 반면, Indonesia, palau Is., 파푸아뉴기니아에서의 수집종들의 유연성이 높은 것은 한 지역의 계통이 여러 지역으로 이동된 것으로 사료된다.

*D. nipponica*에 속하는 부채마는 다른 종과 변이가 많은 것으로 조사되어 유전적 가치가 높은 것으로 인정된다.

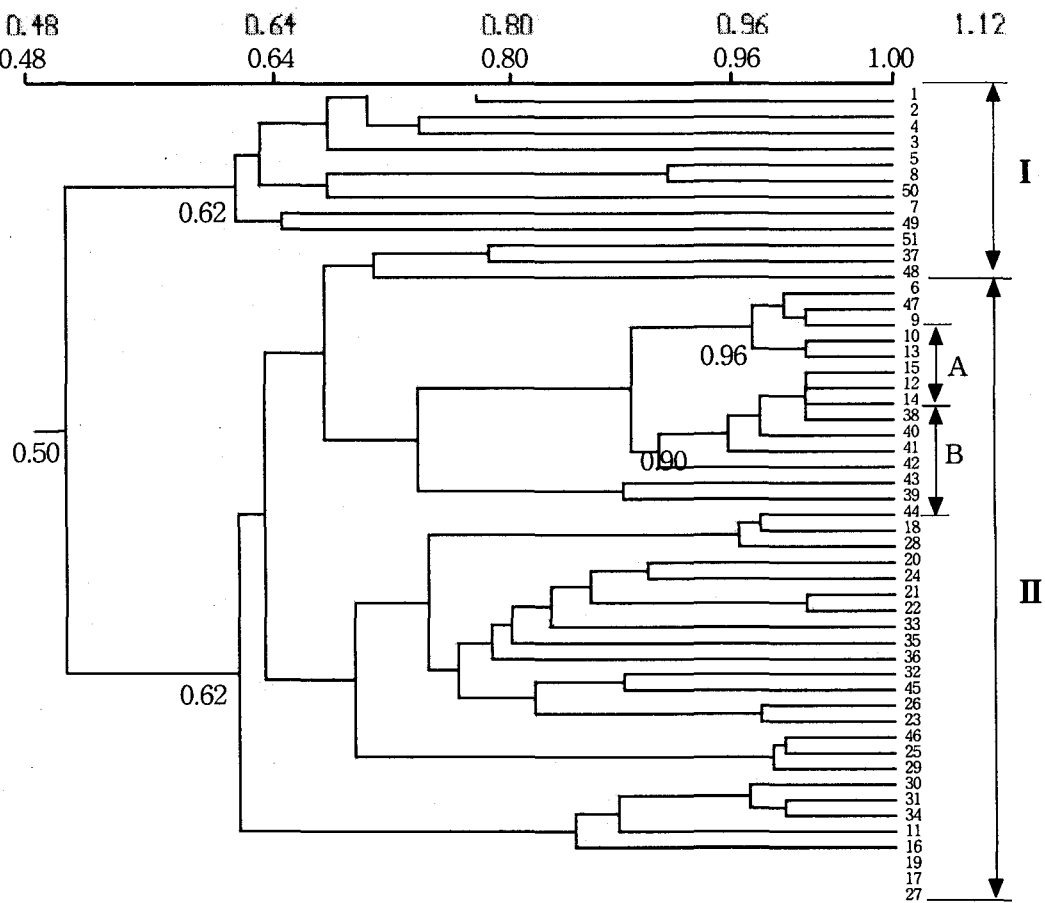


Fig 2. Genetic dendrogram of the cultivars of 51 *D. species* through AFLP analysis.