

AFLPs(Amplified Fragment Length Polymorphisms) 분석을 이용한 산삼과 재배인삼의 분자유전학적 구별법 확립

신은명* 이상구
(주)네오바이오 중앙기술연구소

초 록

예로부터 명약으로 알려진 산삼은 그 효과나 효능보다는 물론 희소성으로 인해 진정으로 산삼을 필요로 하는 수요자에게 경제적으로 큰 부담을 주고 있다. 이를 해소하기 위하여 천연산삼을 재료로한 배양산삼을 양산할 수 있는 system이 구축되었으나 산삼의 진위 문제, 원료산삼과 배양산삼의 유전적 동등성 그리고 성분 및 함량 차이 등에 대한 많은 의문이 제기되고 있다. 이러한 의문의 일 부분을 해결하기 위해서 (주)네오바이오에서는 인삼 (*Panax ginseng* C.A. Meyer)종에 대한 DNA 지문분석 방법의 하나인 AFLP(Amplified Fragment Length Polymorphism -Silver staining) 방법을 이용 산삼과 재배인삼 간의 유전적인 차이를 규명, 재배인삼과 산삼의 유전적 표지자를 선별하여, 산삼 특이적인 유전적 표지자를 이용한 산삼 구별법을 확립하였다. AFLPs분석방법을 이용 (주)네오바이오에서는 32개 산삼개체를 선별하여 조직배양을 통해 각 line 유지는 물론 산삼세근을 대량생산하는 system을 구축하여 양산하고 있다. 생물배양기를 이용해 대량배양 생산된 산삼 세근은 원료재료로 사용된 산삼과 유전적 조성이 동일하며, 생육 조건 및 환경적 차이에도 불구하고 개체 고유의 유전자를 유지하고 있음을 현재 가장 많이 기본적으로 이용되고 있는 엽록체 유전자인 psbD(bp 1042)와 rbcL (bp 1387)의 분석을 통해 확인하였다.

당연구소에서 AFLPs 방법을 이용 산삼과 인삼을 구분하는 방법을 이용함은 기존의 DNA 지문 분석방법인 RAPD(Randomly Amplified Polymorphic DNAs), I-SSR(Inter Simple Sequence Repeats) 또는 RFLP(Restriction Fragments Length Polymorphisms)방법으로는 단일 종(Species)내의 개체간의 지문화(Finger-printing)에 의한 구분이 어려운 실정이었으나, 새로운 분자생물학적 실험기법인 AFLPs (Amplified Fragments Length Polymorphisms)을 이용하여 단일 종 내의 개체간의 차이를 유전적 표지자를 활용하여 확인할 수 있었기 때문이다.

실무연락 :신은명
전화연락처: 031-638-9966 FAX: 031-638-9889
e-mail:eunmshin@hotmail.com