

시라(*Anethum graveolens* L.)의 유전적 다양성 평가를 위한 RAPD 마커 선발

농촌진흥청 농업유전자원센터 : 정종욱, 성정숙, 조철민, 박종현, 백형진, 김정곤, 조규택*

RAPD markers selection for Genetic Diversity of Dill(*Anethum graveolens* L.)

RDA-Genebank Information Center : Jong-Wook Chung, Jung-Sook Sung,
Chul-Min Jo, Jong-Hyun Park, Hyung-Jin Baek, Chung-Kon Kim, Gyu-Taek Cho*

Objectives

시라(Dill, *A. graveolens*)는 미나리과에 속하는 1 ~ 2년생의 초본식물로 원산지는 인도에서 이란에 걸친 지역 및 지중해 연안에서 남러시아 지방으로 알려져 있으며 염색체 수는 $2n=22$ 이다. 과실은 7 ~ 8월에 맺히고 황갈색이며 우리나라에서는 오래전부터 약용으로 이용되어왔다. 시라에 관한 연구는 대부분이 항산화 물질 및 항암효과 등에 관한 연구가 수행되었으며, 유전적 다양성에 대한 연구는 수행 되지 않고 있다. 유전적 다양성 분석은 유전자원의 보존, 관리 및 새로운 품종 개발 등에 활용될 수 있는 중요한 정보를 제공한다. 본 연구는 시라 유전자원에 대한 유전적 다양성 분석을 위한 마커 선발을 위해 수행하였다.

Materials and Methods

○ Materials

농촌진흥청 농업유전자원센터에서 보유하고 있는 시라(*A. graveolens*)자원 16 accessions을 사용하였다.

○ Methods

DNA추출은 CTAB법을 이용하였다. 유전적 다양성 평가를 위하여 Operon사의 OPA, OPB 그리고 OPC 3set, 60개의 RAPD 마커를 사용하여 1차 primers 선발 하였다. 선발한 primers는 재현성을 검사하여 최종 선발하였다. 선발된 RAPD 마커로 유전적 다양성 분석에 유용한지 확인을 위하여 시라 자원 16점으로 test를 수행하였다. test를 수행한 시라자원 16점의 data를 A. prevost, M. J. Wilkinson. 1999.를 기초로 하여 Resolving power를 분석하였고, Nei's gene diversity, Shannon's Information index, UPGMA tree는 popgene program으로 분석 하였다.

Results

선발한 12 RAPD 마커가 시라의 유전적 다양성 연구에 유용한 마커인지 확인을 위해 시라 자원 16점의 유전적 다양성을 분석하였다. 200bp에서 3,000bp 사이에 있는 단편을 scoring하였으며 마커 당 7개에서 14개의 단편들을 나타내었다. 총 band 수는 119개였으며, 그 중 109개가 다형성을 보였다. 총 12개의 마커 중 7개의 마커는 모두 band가 다형성을 보였고, 나머지 5개 마커는 최저 70%(OPC-8)에서 최대 91%(OPC-11)가 다형성 band 이었다. 각각의 마커에 대한 Resolving power(R_p)지수는 OPC-11에서 0.26로 가장 낮았고 OPB-15에서 1.11로 가장 높았으며, 평균은 0.621이었다. Nei's(1973) gene

Corresponding author : 조규택 E-mail : gtcho@korea.kr Tel : 031-299-1845

diversity(H) 지수는 최저 0.13과 최대 0.28이며, 평균은 0.214이다. Shannon's Information index(I) 지수는 최저 0.23에서 최대 0.44이며, 평균은 0.353이다. UPGMA tree에서는 그루지아 원산 1점을 제외한 15점이 3개 집단으로 나누어졌다. 집단 I 은 2점, 집단 II는 11점이 포함되었으며, 집단 III에서는 2점이 포함되었다. 본 실험으로 선발된 RAPD marker는 시라의 유전적 다양성 분석에 활용될 수 있을 것이다.

Table 1. Information of RAPD markers and score band(S_B), polymorphism band(P_B), percentage of polymorphism band(P), resolving power(R_P).

Primer	S_B	P_B	P(%)	R_P	H	I
OPB07	12	12	100	0.95	0.26	0.41
OPB12	11	11	100	0.59	0.24	0.40
OPB13	10	10	100	0.69	0.22	0.36
OPB15	9	9	100	1.11	0.28	0.44
OPB18	11	11	100	0.58	0.22	0.37
OPB20	5	5	100	0.83	0.20	0.35
OPC01	8	8	100	0.77	0.22	0.37
OPC02	11	9	81.8	0.34	0.20	0.33
OPC04	7	5	71.4	0.57	0.13	0.23
OPC08	10	7	70	0.38	0.17	0.28
OPC11	11	10	90.9	0.26	0.21	0.35
OPC20	14	12	85.7	0.39	0.20	0.33
Total	119	109	-	7.449	0.214	0.353
Mean	9.9	9.08	91.6	0.621	0.125	0.171

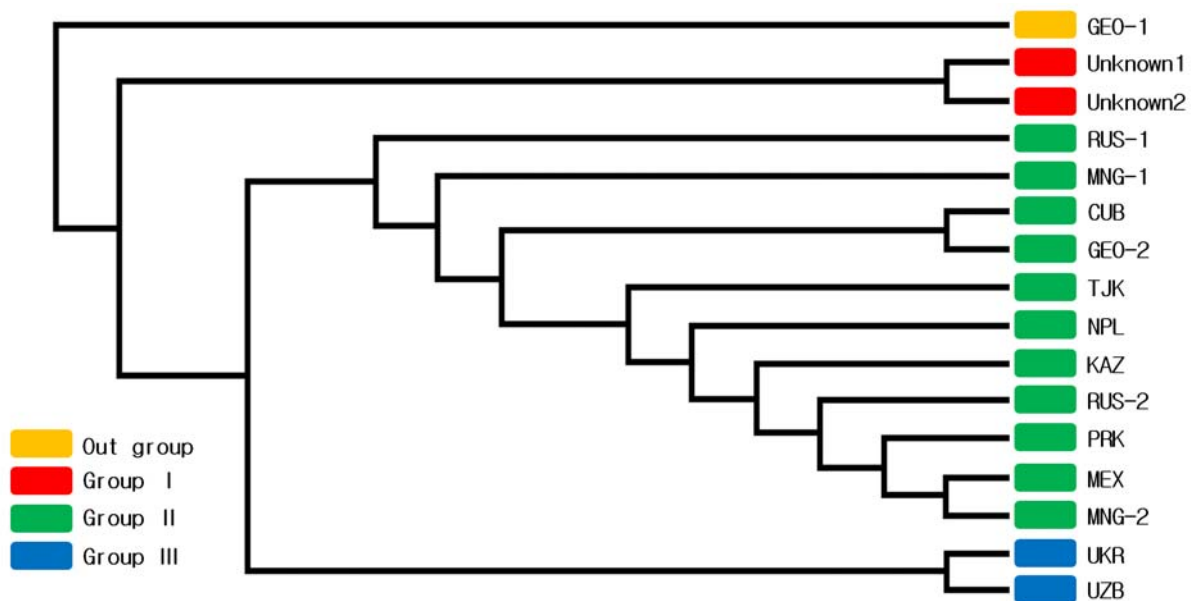


Fig 1. UPGMA tree of Dill(*A. graveolens*) using popgene32 program.