

맥문동속에서 *rpoC1* 유전자의 단일염기다양성(Single Nucleotide Polymorphisms)을 이용한 원산지판별

공주대학교 : 박재완, 라원희, 권순욱, 김성민, 박용진*
국립원예특작과학원, 인삼특작부 : 박충범

Variety Identification in Tubers of *Liriope* & *Ophiopogon* Genus Using Single Nucleotide Polymorphisms(SNPs) of *rpoC1* Gene

¹College of Industrial Sciences, Kongju National University

²Department of Herbal Crop Research, National Institute of Horticultural & Herbal Science
Jae-Wan Park¹, Won-Hee Ra¹, Soon-Wook Kwon¹, Seong-Min Kim¹, Chung-Berm Park², Yong-Jin Park^{1*}

실험목적 (Objectives)

이 실험의 목적은 *rpoC1* 유전자를 사용한 DNA barcoding 통해 원산지 판별시스템을 개발하고자 수행되었다.

재료 및 방법 (Materials and Methods)

○ 실험재료

- 맥문동 시료의 수집은 서울약령시장, 대구약령시장, 금산인삼시장, 청양재배농가에서 수집하였다. 이들 수집된 총 24점의 생산지는 청양재배농가에서 수집한 자원 4점을 제외한 20점의 시장자원 중 한국산 13점, 중국산 7점이었다. 수집한 자원의 형태는 잎을 채취한 청양 수집자원을 제외한 시장자원은 약제로 쓰이는 뿌리를 수집하였다.

○ 실험방법

- Barcode 유전자의 선택 : barcode 유전자는 상대적으로 PCR의 증폭률과 종간의 구분되어지는 능력이 높은 유전자 부분인 *psbA-trnH*, *rbcL*, *rpoC1* 등 총 3가지의 후보 barcode 유전자를 선택하였다. 이들 중 맥문동에 대하여 PCR의 증폭 능력과 맥문동 품종간의 구별 능력이 가장 좋았던 *rpoC1* 유전자를 선택하였다.
- 염기서열 분석 및 계통분류학적 분석 : 염기서열 분석을 위해 ABI 3730xl DNA sequencer를 이용하였고, MEGA4 program로 염기서열 alignment하여 SNP(Single Nucleotide Polymorphisms)를 확인하였으며, UPGMA 방법을 이용하여 phylogenetic tree를 작성하여 계통분류학적 분석을 하였다.

실험결과 (Results)

- 수집된 24개의 시장자원 및 재배자원에 대하여 *rpoC1* 유전자를 이용한 PCR 증폭 후 염기서열 분석을 통하여 나온 결과를 염기서열 alignment 한 결과 총 49개의 SNPs 부분을 확인 할 수가 있었다.(Fig 1.) 49개의 SNPs부분 중에 중국산과 관련된 SNPs

.....
주저자 연락처 : 박용진 E-mail : yjpark@kongju.ac.kr Tel : 041-330-1201

부분은 43개였고, 한국산에 포함된 품종 중 KULP13, 14 품종만이 가지고 있는 1개의 SNP부분이 확인 되었다.

- *rpoCl* 유전자를 이용하여 24개의 품종을 분석한 결과 크게 2개의 군집으로 나누어졌다 (Fig 1). I 군집에는 KULP001 품종을 제외한 청양지역 재배품종을 비롯한 생산지 표기가 한국산으로 되어 있었던 품종들이 분포하였다(75%). I 군집은 다시 2개의 그룹으로 나누어 졌다. i 그룹에는 2점의 청양품종을 포함한 시장에서 수집한 품종들이 주로 분포하였고(66.67%), ii 그룹에는 청양에서 수집한 품종 2점이 분포하였다 (8.33%). II 군집에는 생산지 표기가 중국산으로 되어 있었던 자원들이 분포하였다 (25%).

Table 1. SNPs(Single Nucleotide Polymorphisms) between Korean and Chinese cultivars found from the genic region of *rpoCl* in *Liriope* and *Ophiopogon* genus.

Origin	sample	12	30	45	63	72	78	90	99	105	114	117	126	140	150	156	171	180	207	214	224	232	235	
Korea	KULP001	A	A	C	T	G	T	T	T	C	T	G	G	A	A	A	G	A	G	C	A	T	C	
	KULP002	A	A	C	T	G	T	T	T	C	T	G	G	A	A	A	G	A	G	C	A	T	C	
	KULP009	A	A	C	T	G	T	T	T	C	T	G	G	A	A	A	G	A	G	C	A	T	C	
	KULP010	A	A	C	T	G	T	T	T	C	T	G	G	A	A	A	G	A	G	C	A	T	C	
	KULP011	A	A	C	T	G	T	T	T	C	T	G	G	A	A	A	G	A	G	C	A	T	C	
	KULP012	A	A	C	T	G	T	T	T	C	T	G	G	A	A	A	G	A	G	C	A	T	C	
	KULP015	A	A	C	T	G	T	T	T	C	T	G	G	A	A	A	G	A	G	C	A	T	C	
	KULP016	A	A	C	T	G	T	T	T	C	T	G	G	A	A	A	G	A	G	C	A	T	C	
	KULP017	A	A	C	T	G	T	T	T	C	T	G	G	A	A	A	G	A	G	C	A	T	C	
	KULP018	A	A	C	T	G	T	T	T	C	T	G	G	A	A	A	G	A	G	C	A	T	C	
	KULP019	A	A	C	T	G	T	T	T	C	T	G	G	A	A	A	G	A	G	C	A	T	C	
	KULP020	A	A	C	T	G	T	T	T	C	T	G	G	A	A	A	G	A	G	C	A	T	C	
	KULP021	A	A	C	T	G	T	T	T	C	T	G	G	A	A	A	G	A	G	C	A	T	C	
	KULP022	A	A	C	T	G	T	T	T	C	T	G	G	A	A	A	G	A	G	C	A	T	C	
	KULP023	A	A	C	T	G	T	T	T	C	T	G	G	A	A	A	G	A	G	C	A	T	C	
	KULP024	A	A	C	T	G	T	T	T	C	T	G	G	A	A	A	G	A	G	C	A	T	C	
	KULP013	A	A	C	C	G	T	T	G	T	T	G	G	A	A	A	G	A	G	C	A	T	C	
	KULP014	A	A	C	C	G	T	T	G	T	T	G	G	A	A	A	G	A	G	C	A	T	C	
	China	KULP003	G	G	T	C	A	C	C	G	C	C	A	A	G	G	C	A	G	A	T	C	G	T
		KULP004	G	G	T	C	A	C	C	G	C	C	A	A	G	G	C	A	G	A	T	C	G	T
		KULP005	G	G	T	C	A	C	C	G	C	C	A	A	G	G	C	A	G	A	T	C	G	T
		KULP006	G	G	T	C	A	C	C	G	C	C	A	A	G	G	C	A	G	A	T	C	G	T
		KULP007	G	G	T	C	A	C	C	G	C	C	A	A	G	G	C	A	G	A	T	C	G	T
		KULP008	G	G	T	C	A	C	C	G	C	C	A	A	G	G	C	A	G	A	T	C	G	T

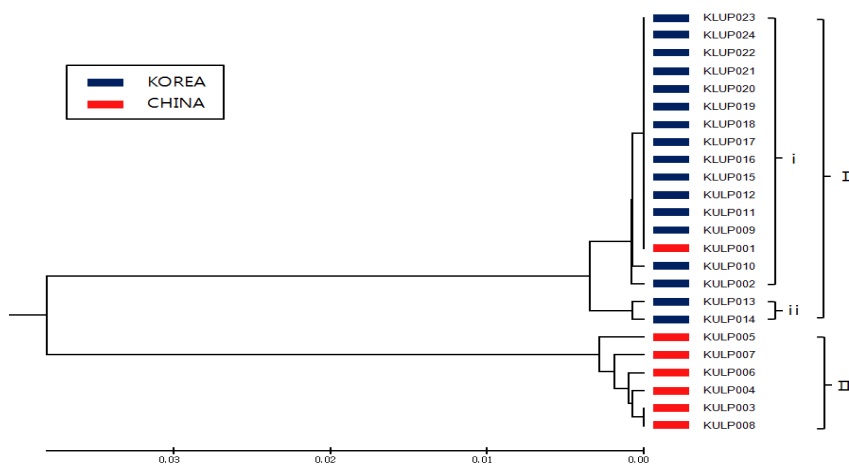


Fig 1. UPGMA dendrogram showing genetic relationships among the 24 genotypes collected from various parts of hub marketplace. The colored solid squares next to each genotype indicate the place of origin where the individuals were collected