

## DNA 바코드를 활용한 사삼(沙蔘)의 종 감별

김민경, 이우규, 김재림, 이기호, 최유래, 김종환, 강일현, 강주혜\*

식품의약품안전평가원

### Genetic Analysis of Medicinal Plants in *Adenophorae Radix* Using DNA Barcode

Minkyoung Kim, Wookyu Lee, Jaelim Kim, Kiho Lee, Yoorae Choi,  
Jonghwan Kim, Ilhyun Kang and Juhye Kang\*

Herbal Medicine Research Division, National Institute of Food and Drug Safety Evaluation,  
Ministry of Food and Drug Safety, Osong 28159, Korea

사삼(沙蔘, *Adenophorae Radix*)은 「대한민국약전외한약(생약)규격집(KHP)」에 잔대 *Adenophora triphylla* var. *japonica* Hara 또는 사삼(당잔대, *A. stricta* Miq.)의 뿌리로 수재되어 있으나, 형태학적으로 유사한 제니(모시대, *A. remotiflorus* Miquel), 층층잔대(운엽사삼, *A. tetraphylla* (Thunb.) Fisch), 더덕 *Codonopsis lanceolata* (Sieb. et Zucc.)과 오·혼용 우려가 있어 이들을 구별하기 위한 종 감별법이 필요하다. 본 연구에서는 ‘사삼’과 오·혼용 우려가 있는 종들을 구별할 수 있는 유전자 마커 개발을 위하여 DNA 바코드로 활용되고 있는 유전자 부위를 분석하여 ITS (25%), *atpB-rbcL* (15%), *atpF-atpH* (14%), *rpl16* (13%), *trnL-F* (10%), *matK* (9%), *rpoC1* (7%)에서 변이율(percent of variable sites)을 확인하였다. 또한, 분석한 유전자 부위 중 중간 차이를 확인하기 용이한 *matK* 구간을 활용해 기원종인 잔대, 당잔대와 형태적으로 유사하여 오·혼용될 우려가 있는 층층잔대, 모시대 및 더덕을 감별 할 수 있는 유전자 마커를 개발하였다. 본 연구를 통해 얻어진 염기서열과 분자 마커는 ‘사삼’의 품질관리에 유용하게 활용 가능할 것으로 사료된다.

**주요어:** *Adenophorae Radix*, DNA barcoding, *matK*

[본 연구는 2019년도 식품의약품안전평가원의 연구개발비(19171한생약195)로 수행되었으며 이에 감사드립니다.]