

AFLP 분자마커를 이용한 우리나라에서 수집한 조 계통들의 유전적 다양성

김은지* · 사규진* · 이주경*,**†

*강원대학교 농업생명과학대학 식물자원응용공학과, **강원대학교 한방바이오연구소

Genetic Variation of Foxtail Millet [*Setaria italica* (L.) P. Beauv.] Among Accessions Collected From Korea Revealed by AFLP Markers

Eun Ji Kim*, Kyu Jin Sa*, and Ju Kyong Lee*,**†

*Department of Applied Plant Sciences, College of Agriculture and Life Sciences, Kangwon National University, Chuncheon, 200-701, Korea

**Bioherb Research Institute, Kangwon National University, Chuncheon, 200-701, Korea

ABSTRACT AFLP markers were employed to detect genetic diversity and genetic relationship among 26 accessions of foxtail millet collected from Korea. Analysis of 26 accessions of foxtail millet with nine AFLP primer set combinations detected a total of 170 bands, of which 145 (85.3%) showed polymorphic at the species level. The phenotypic diversity (H_s) calculated for the nine primer combinations ranged from 1.84 to 6.8, with an average of 3.85. The average phenotypic diversity values were 3.39 and 2.99 for accessions collected from Gangwon province (Group 1), and accessions collected from the other areas including Gyeonggi province (Group 2), respectively. In the cluster analysis of 26 accessions, two major groups were recognized at 73% genetic similarity. Group I includes 13 accessions, which were collected in Gangwon province, and 1 accession, which was collected in Gyeonggi province, with genetic similarity of 76.8%. Group II includes two accessions, which were collected in Gangwon province, and 10 accessions, which were collected in the other areas with genetic similarity of 78.9%. The presenting data on the assessment of genetic diversity and genetic relationships among Korean accessions of foxtail millet will be helpful for efficient collection or conservation strategy of foxtail millet germplasm in Korea.

Keywords : AFLP, genetic diversity, genetic relationship, foxtail millet, germplasm conservation

조[*Setaria italica* (L.) P. Beauv.]는 인류 농경이 시작된 이래 지금까지 재배되어 온 가장 오래된 작물 중 하나로 우리나라를 비롯한 중국, 일본, 인도, 파키스탄 등의 아시아 지역과 아프리카 및 유럽 지역에서 폭넓게 재배 및 이용되고 있다(Marathee, 1993; Sakamoto, 1987). 조는 일년생 자식성 작물로 우리나라에 많이 자생하고 있는 강아지풀(*Setaria viridis* (L.) P. Beauv.)이 야생 선조종으로 여겨지고 있으며 (Kihara & Kishimoto, 1942; Li *et al.*, 1942; Lu, 2002), 조의 기원 중심지에 대해서는 여러 가지 설이 있지만 일반적으로 중국 기원이 정설인 것으로 여겨지고 있다(Li & Wu, 1996; Vavilov, 1926). 그러나 Sakamoto(1988)는 수집된 유전자원의 유전적 다양성을 근거로 인도, 파키스탄, 아프가니스탄 등의 지역을 조의 기원 중심지로 제안하였으며, 또한 Harlan(1995)은 중국과 유럽에서 수집한 계통들의 분자유전학적 연구를 근거로 두 지역에서 각각 독립적으로 발달했을 것이라고 제안하였다.

현재까지 많은 연구자들은 조의 지리적 기원 및 유전적 다양성 연구를 위해서 고고학, 형태학, 세포학 및 생화학적 분석기법 등을 이용하여 재배종과 야생종 사이에서의 유전적 다양성 및 계통유연관계 등을 연구하여 왔다(De Wet *et al.*, 1979; Jusuf & Pernes, 1985; Kawase & Sakamoto, 1984; Li *et al.*, 1995). 그러나 형태적, 세포학적 및 생화학적 분석법 등에 의한 평가방법은 대상 형질이 환경의 영향을 받기 쉽고, 또한 분석용 마커 수의 제한 등으로 인하여 유전적으로 가까운 근연종들 내에서는 사용이 제한적이다(Chen & Nelson, 2004). 오늘날 분자생물학의 발전과 더불어 조 작

†Corresponding author: (Phone) +82-33-250-6415 (E-mail) jukyonglee@kangwon.ac.kr

<Received 26 October, 2011; Revised 8 November, 2011; Accepted 11 November, 2011>

물에서도 RFLP(restriction fragment length polymorphism), SSR(simple sequence repeats), AFLP(amplified fragment length polymorphism) 등 DNA 분석기술을 이용하여 재배종 및 야생 근연종 계통들에 대하여 유전적 다양성 및 계통유연관계 그리고 유전자지도 작성 등의 연구가 수행되고 있다(Fukunaga *et al.*, 1997, 2002; Jia *et al.*, 2009; Le Thierry d'Ennequin *et al.*, 2000; Li *et al.*, 1998; Schontz & Rether, 1998, 1999). 특히 이들 분석기법들 중에서 AFLP 마커는 PCR(polymerase chain reaction)을 이용한 분석기법으로 재현성이 뛰어나고, AFLP primer 조합당 많은 수의 대립유전자를 증폭할 수 있기 때문에 유전적으로 가까운 작물의 품종 또는 계통들의 유전적 특성을 분석하는데 효율적이다(Cho *et al.*, 1998; Garcia-Mas *et al.*, 2000; Zhao *et al.*, 2005).

오늘날 아시아와 유럽지역에서 조의 재배 및 이용은 식용작물인 벼, 밀, 옥수수 등의 중요작물과 비교하여 급격히 감소하고 있는 추세이며, 우리나라의 경우도 1960년대까지는 중요한 식량작물 중 하나로 재배되었지만, 그 이후 조의 생산과 이용이 급격히 줄어들어 지금은 소재배 작물(minor crop)로 취급되고 있다(Kim *et al.*, 2009). 특히 육종기술의 발달과 더불어 신품종이 개발 보급되면서 이제까지 그 지역에서 재배되어 온 많은 재래종들이 사라지고 있는데, 이러한 현상은 조와 같은 소재배 작물들에서 더욱 현저하게 나타나고 있다.

어떤 작물의 유전자원 보존과 품종개발을 성공적으로 수행하기 위해서는, 먼저 그 작물의 유전자원 수집과 탐색 그리고 수집된 유전자원들에 대한 유전적 변이의 다양성을 평가하고 이해하는 것이 무엇보다 중요하다. 따라서 본 연구는 우리나라에서 수집된 재래종 조 계통들에 대한 유전적 변이성을 이해하기 위해서 강원도에서 수집된 계통들과 타 지역에서 수집된 계통들에 대하여 분자생물학적 분석법인 AFLP 분자마커를 이용하여 유전적 다양성을 분석하였다.

재료 및 분석방법

식물재료 및 DNA추출

본 연구에 이용된 재료는 1998년 10월 26일부터 11월 14일까지 전국 농가를 방문하여 각 지역별로 재배되고 있는 재래종 조 26계통을 수집하였으며, 강원도 지역에서 15계통을 그리고 경기도를 포함한 그 밖의 지역에서 11계통을 수집하였다(Table 1, Fig. 1). 수집 당시 우리나라에서 조를 가장 많이 재배하는 곳은 강원도 지역이었으며, 그 밖의 지역에서도 조의 재배농가들이 있었다. 본 연구에서 분석에

이용된 이들 계통들은 2006년에 농촌진흥청 농업유전자원 센터에 기증하였다. 분석용 조 계통들에 대한 DNA 추출은 Dellaporta *et al.*(1983)의 방법에 따라 파종 후 약 1개월째인 신선한 어린잎에서 추출하였다.

AFLP 및 silver-staining 분석

AFLP 분석은 Zabeau & Vos(1993)과 Vos *et al.*(1995)의 방법을 약간 변형시켜 수행하였다. 조 계통들의 genomic DNA(100 ng)는 제한효소인 *EcoRI*(Promega)을 20 unit를 사용하여 37°C에서 12시간 처리를 하여 genomic DNA를 절단하였다. *MseI* 처리는 *EcoRI* 처리와 동일하게 수행하였다. Adaptor ligation은 5 unit의 T4 DNA ligase(Promega)와 10 μM의

Table 1. Accessions of foxtail millet used in this study.

Accession no.	Source of material	
	Village, town or city	Country
K1	In jie, Gangwon-do	Korea
K2	In jie, Gangwon-do	Korea
K3	In jie, Gangwon-do	Korea
K4	Hwa Cheon, Gangwon-do	Korea
K5	Hwa Cheon, Gangwon-do	Korea
K6	Yeong wol, Gangwon-do	Korea
K7	Hong cheon, Gangwon-do	Korea
K8	Hong cheon, Gangwon-do	Korea
K9	Sam cheok, Gangwon-do	Korea
K10	Yang yang, Gangwon-do	Korea
K11	Yang yang, Gangwon-do	Korea
K12	Cheor won, Gangwon-do	Korea
K13	Tea baek, Gangwon-do	Korea
K14	Go seong, Gangwon-do	Korea
K15	Pyeong chang, Gangwon-do	Korea
K16	An dong, Gyeongsangbuk-do	Korea
K17	An dong, Gyeongsangbuk-do	Korea
K18	Kang jin, Jeollanam-do	Korea
K19	Kang jin, Jeollanam-do	Korea
K20	Chang sung, Jeollabok-do	Korea
K21	Tae an, Chungcheongnam-do	Korea
K22	Eum seong, Chungcheongbuk-do	Korea
K23	Yang pyeong, Gyeonggi-do	Korea
K24	Ga pyeong, Gyeonggi-do	Korea
K25	Ga pyeong, Gyeonggi-do	Korea
K26	Po cheon, Gyeonggi-do	Korea

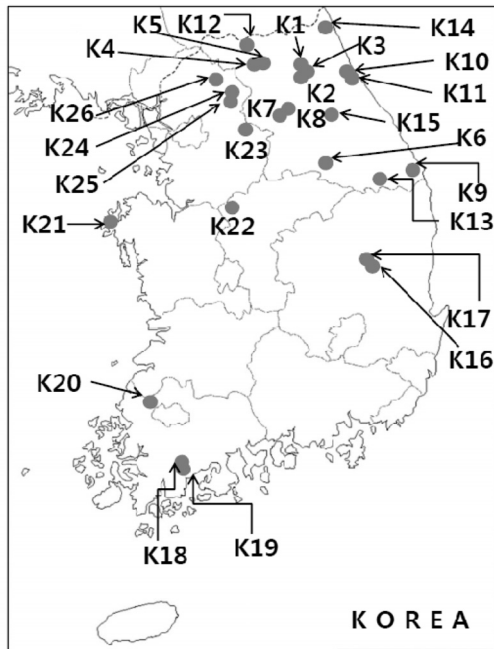


Fig. 1. Collection sites of 26 accessions of foxtail millet in Korea. See Table 1 for the code numbers.

EcoRI/MseI adaptor를 첨가한 후 22°C에서 12시간 동안 ligation 시켰다. Ligation 된 DNA는 pre-amplification을 하기 위한 재료로 사용하였으며, Pre-amplification PCR 조건은 BioRAD® thermal cycler를 이용하여 94°C/30초, 60°C/1분, 72°C/1분을 1 cycle로 최종 20회 반복하고 반응을 종료하였다. Pre-amplification PCR 산물을 1 : 50으로 희석하여 Selective amplification을 수행하였는데, PCR 조건은 최초 94°C에서 30초, 65°C에서 30초, 72°C에서 1분을 첫 cycle로 시작하여 다음 cycle부터는 annealing 온도를 1°C씩 감소시키면서 11cycle을 반복한 후 마지막으로 94°C에서 30초, 56°C에서 30초, 72°C에서 1분을 23회 반복하여 반응을 종료하였다. 증폭된 반응물은 6% denaturing polyacrylamide gel[acrylamide : bisacrylamide(19:1), 7.5M Urea, 1X TBE (0.89M Tris-HCl pH8.3, 0.89M boric acid, 0.02M EDTA pH8.0)]에서 전기영동한 후 Silver staining으로 결과를 확인하였다(Fig. 2)

Data 분석

국내에서 수집된 재래종 조 계통들에 대한 유전적 다양성 분석을 위해서 AFLP primer 조합들에서 증폭된 DNA 단편들은 각 계통들에서의 증폭 여부에 따라 유(1) 또는 무(0)로 표시하여 분석에 이용하였다. 본 연구에서 분석에 이용된 AFLP primer 조합들은 *EcoRI*과 *MseI*의 3염기의 조합들 중

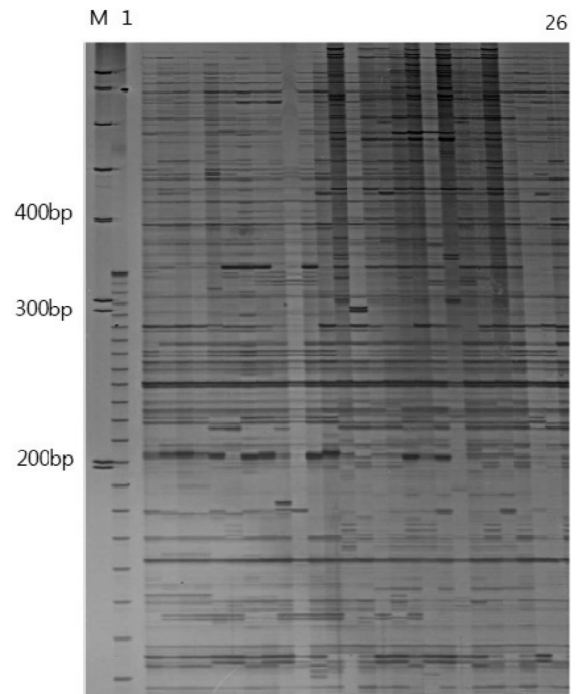


Fig. 2. An example of AFLP profile with primer pair E-ACG +M-CTT in 26 accessions of foxtail millet.

에서 예비실험에서 우리나라 재래종 조 계통들에서 DNA 단편들의 증폭양상이 비교적 명확히 나타나는 9개의 AFLP primer 조합들을 선발하였다(Table 2). 그리고 이들 AFLP primer 조합들에서 증폭된 DNA 단편들 중 500 bp 이상의 DNA 단편들은 각 계통들 사이를 명확히 구분하는 것이 어려워져 분석에서는 주로 100~400 bp 크기의 DNA 단편들을 이용하였다. 유전적 다양성(phenotype diversity) 분석은 Shannon's information index를 이용하여 다음과 같이 수행하였다(Browman *et al.*, 1971). 즉 $H_s = -\sum P_i \ln P_i$, 여기서 H_s 는 그룹 S의 유전적 다양성 값이며, P_i 는 그룹 S에서 i번째 AFLP 다양성 빈도이다. 유전적 다양성 값은 Wachira *et al.*(1995)에 의해 설명된 방법으로 계산하여 그룹들 간에 비교하였다. 즉 각 그룹에 대한 평균 다양성은 $H_{avg} = 1/n \sum H_s$ 로, 전체 그룹에서의 유전적 다양성은 $H_T = -\sum P \ln P$ 로 계산하였으며, 여기서 P는 전체그룹에서 얻은 AFLP 다양성 빈도이다. 그리고 그룹 내 다양성은 H_{avg}/H_T 로, 그룹 간 다양성은 $(H_T - H_{avg})/H_T$ 로 계산하였다.

본 연구에서 AFLP 분석에서 증폭된 단편들에 대한 유전적 유사성(genetic similarity) 분석은 Dice similarity index(Dice, 1945)를 이용하여 계산하였으며, 계통유연관계는 NTSYS-pc v2.1 프로그램을 이용하여 UPGMA 방법에 따라 dendrogram (SAHN-Clustering)을 작성하였다(Rohlf, 1998).

Table 2. Number of AFLP fragments generated with nine primer combinations among 26 accessions of foxtail millet.

Primer	Polymorphic /total	Number of polymorphic bands		% of polymorphic fragments
		Group1(n=15)	Group2(n=11)	
E-AAC+M-CTA	13/14	13	12	92.9
E-AAG+M-CTT	10/14	10	5	74.4
E-ACT+M-CAC	17/18	14	15	94.4
E-ACC+M-CAA	13/17	12	12	76.5
E-ACG+M-CTT	15/20	14	13	80
E-ACT+M-CTT	26/29	26	22	89.7
E-ACT+M-CTA	15/16	16	10	93.8
E-AGC+M-CTT	16/20	20	9	85
E-AGG+M-CAC	20/23	23	18	87
Total	145/170	148	117	
Avg.	16.1/18.9	16.4	13	84.5
% polymorphism		85.3	87.1	68.8

결과 및 고찰

우리나라 조 계통들의 AFLP 다형성

본 연구는 우리나라에서 재배되고 있는 조 작물에 대한 유전적 변이성을 이해하기 위해서 강원도 지역에서 수집된 계통들(Group 1)과 그 밖의 지역에서 수집된 계통들(Group II)에 대하여 AFLP분석을 수행하였다. Group 1과 Group 2의 계통들에서 9개의 AFLP primer 조합별로 증폭된 총 DNA 단편 수와 다형성 단편 수는 Table 2에 나타내었다. 그 결과, 9개의 AFLP primer 조합들에서 발견된 DNA 단편의 수는 26계통들에서 총 170개가 관찰되었으며, 그 중에서 145(85.3%)가 다형성 단편을 나타냈다. 그리고 각 primer 조합들에서 증폭된 DNA 단편 수는 14개(E-AAC+M-CTA, E-AAG+M-CTT)에서부터 29개(E-ACT+M-CTT)의 범위로 나타났으며, 또한 다형성 단편 수는 10개(E-AAG+M-CTT)에서부터 26개(E-ACT+M-CTT)의 범위로 나타났다. 따라서 9개의 primer 조합들에서 관찰된 다형성 단편의 빈도는 74.4%(E-AAG+M-CTT)에서부터 94.4%(E-ACT+M-CAC)의 범위로 나타나, 평균 84.5%를 나타내었다(Table 2, Fig. 2).

본 연구에서 관찰된 AFLP primer 조합 당 증폭된 DNA 단편의 수는 일반적으로 AFLP 분석에서 관찰되는 DNA 단편 수(약 50~100개)보다 비교적 적게 관찰되었는데, 본 실험에서는 각 계통들 사이에서 증폭된 DNA 단편들에 대하여 정확한 자료 분석을 위해서 주로 100 bp에서 500 bp 사이의 명확한 DNA 단편들에 대해서만 분석에 이용하였고, 그 밖의 희미하거나 명확하지 않은 DNA 단편들은 자료 분

석에서 제외시켰다. 따라서 본 연구에서 AFLP 분석에 이용한 9개의 AFLP primer 조합들은 우리나라 조 계통들에서 비교적 높은 다형성 단편들을 나타내는 것으로 나타났다. 지금까지 많은 연구자들은 작물들의 재배종 및 야생종들에 대한 유전적 다양성 및 계통유연관계 분석을 위해 AFLP 분석을 수행하였다(Cho *et al.*, 1998; Garcia-Mas *et al.*, 2000; Jump *et al.*, 2007; Wu & Tanksley, 1993; Zhao *et al.*, 2005). 특히 AFLP 분석기술은 AFLP primer 조합 당 많은 수의 DNA 단편들과 다형성 단편들을 나타내기 때문에 유전적으로 가까운 작물의 품종 또는 계통들의 유전적 특성을 분석하는데 효율적인 것으로 보고되고 있다(Vos *et al.*, 1995).

따라서 본 연구에서 분석에 이용한 9개의 AFLP primer 조합들과 이들 primer 조합들에서 증폭된 다형성 단편들은 우리나라에서 수집한 재래종 조 계통들에 대한 유전적 변이성 및 계통유연관계를 분석하는데 충분한 것으로 생각되었다.

우리나라 조 계통들의 유전적 다양성

국내에서 수집한 재래종 조 계통들에 대한 유전적 변이성을 이해하기 위해서 2개의 그룹, 즉 강원도 지역에서 수집된 15계통(Group 1)들과 경기도를 포함하여 타 지역에서 수집한 11계통(Group 2)들에 대하여 유전적 다양성 분석을 수행하였다. 그 결과, 9개의 AFLP primer 조합들에서 계산된 평균 유전적 다양성(H_s) 값은 1.84(E-AAG+M-CTT)에서 6.80(E-ACT+M-CTT)의 범위에서 평균 3.85값을 나타내었다. 특히 분석에 이용한 9개의 AFLP primer 조합들 중에서 E-ACT+M-CTT 조합(6.8)과 E-AGG+M-CAC 조합(5.23)

Table 3. Estimates of phenotypic diversity (H_s) among 26 accessions of foxtail millet.

Primer	Group1	Group2	H_t	H_{avg}/H_t	$(H_t-H_{avg})/H_t$
E-AAC+M-CTA	3.00	3.46	3.37	0.96	0.04
E-AAG+M-CTT	1.56	1.46	1.84	0.82	0.18
E-ACT+M-CAC	3.87	2.47	3.85	0.82	0.18
E-ACC+M-CAA	2.62	3.11	3.68	0.78	0.22
E-ACG+M-CTT	3.08	2.96	3.42	0.88	0.12
E-ACT+M-CTT	5.62	4.43	6.80	0.74	0.26
E-ACT+M-CTA	3.11	2.39	3.25	0.85	0.15
E-AGC+M-CTT	3.22	2.31	3.18	0.87	0.13
E-AGG+M-CAC	4.41	4.33	5.23	0.84	0.16
Avg.	3.39	2.99	3.85	0.84	0.16

H_{avg}/H_t = within-group variation; $(H_t-H_{avg})/H_t$ = between group variation

은 국내 재래종 조 계통들에서 비교적 높은 유전적 다양성 값을 나타내었다. 한편 강원도 및 타 지역에서 수집한 조 계통들에 대한 유전적 다양성 분석에서는 강원지역에서 수집한 계통(Group 1)들은 9개의 AFLP primer 조합들에서 평균 3.39의 유전적 다양성 값을 나타내었으며, 경기도 등 타 지역에서 수집한 계통 (Group 2)들은 평균 2.99의 유전적 다양성 값을 나타내었다(Table 3). 그리고 이들 그룹들에서의 유전적 다양성 값은 그룹 내에서의 다양성 값(84%)이 그룹 간 다양성 값(16%)보다 매우 높게 나타났다.

본 연구에서 Group 1과 Group 2의 경우 비록 분석에 이용된 계통들의 수가 동일하지는 않지만, 본 연구결과에 의하면 우리나라에서 재배되고 있는 조 계통들의 경우 강원도 지역이 가장 높은 유전적 변이를 나타내고 있는 것으로 관찰되었다. 이러한 결과는 앞으로 우리나라에서 조 계통들에 대한 유전적 다양성 이해 및 유전자원 보존 등에 유용한 정보를 제공할 것으로 기대가 된다. 특히 우리나라에서 강원도 지역의 경우는 타 지역에 비하여 산간지역이 많고, 또한 논 작물 보다는 밭 작물의 재배면적이 넓어서 소재배 작물이며 잡곡 중 하나인 조의 경우 강원도 지역이 타 지역에 비하여 비교적 높은 유전적 변이성을 지니고 있는 것으로 생각되었다.

우리나라 조 계통들의 계통유연관계

국내에서 수집된 재래종 조 26계통들에 대한 계통유연관계 및 유전적 유사성을 밝히기 위하여 9개의 AFLP primer 조합들에서 증폭된 다형성 단편들을 이용하여 UPGMA 방법에 따라 dendrogram(SAHN-Clustering)을 작성하였다(Fig. 3). 그 결과, 국내에서 수집된 재래종 조 26계통들은 유전적 유사성(genetic similarity, GS) 73%에서 크게 두 개의 그룹

(Group I과 Group II)으로 구분되었다. 즉 Group I에서는 유전적 유사성 76.8% 수준에서 강원도에서 수집한 대부분의 계통(13계통)들과 타 지역에서 수집한 1계통(K24)이 포함되어 있었으며, 반면에 Group II에서는 유전적 유사성 78.9% 수준에서 타 지역에서 수집한 대부분의 계통(10계통)들과 강원도에서 수집한 2계통(K9, K13)이 포함되어 있었다. 한편 Group I의 경우 유전적 유사성 82.1% 수준에서 다시 2개의 sub group으로 구분되었는데, 첫 번째 sub group에는 4개의 계통(K1, K2, K4, K6)들이 포함되어 있었으며, 두 번째 sub group에는 10개의 계통(K3, K5, K7, K8, K10, K11, K12, K14, K15, K24)들이 포함되어 있었다. 반면에 Group II의 경우는 유전적 유사성 82.4% 수준에서 다시 3개의 sub group으로 구분되었는데, 첫 번째 sub group에는 3개의 계통(K9, K23, K26)들이, 두 번째 sub group에는 7개의 계통(K16, K17, K18, K19, K20, K22, K21)들이, 그리고 세 번째 sub group에는 2개의 계통(K13, K25)들이 각각 포함되어 있었다.

이상의 결과에 의하면, 강원도에서 수집된 대부분의 재래종 조 계통들은 타 지역에서 재배되고 있는 계통들보다 유전적으로 가깝게 연관되어 있는 것으로 나타났다. 그러나 강원도 삼척 및 태백지역에서 수집한 2개의 계통(K9, K13)들은 경기도 양평에서 수집한 1계통(K23)과 그리고 경기도 가평에서 수집한 1계통(K25)과 가깝게 연관된 것으로 나타났으며, 또한 경기도 가평에서 수집한 1계통(K24)은 강원도 홍천지역에서 수집한 1계통(K8)과 가깝게 연관된 것으로 나타났다. 더욱이 Group II에서도 경기도, 경상북도, 충청남도 및 충청북도, 그리고 전라남도 및 전라북도 각 지역에서 수집한 조 계통들의 경우도 경상북도 안동지역에서 수집한 2계통(K16, K17)들과 전라남도 강진군에서 수집한 2계통

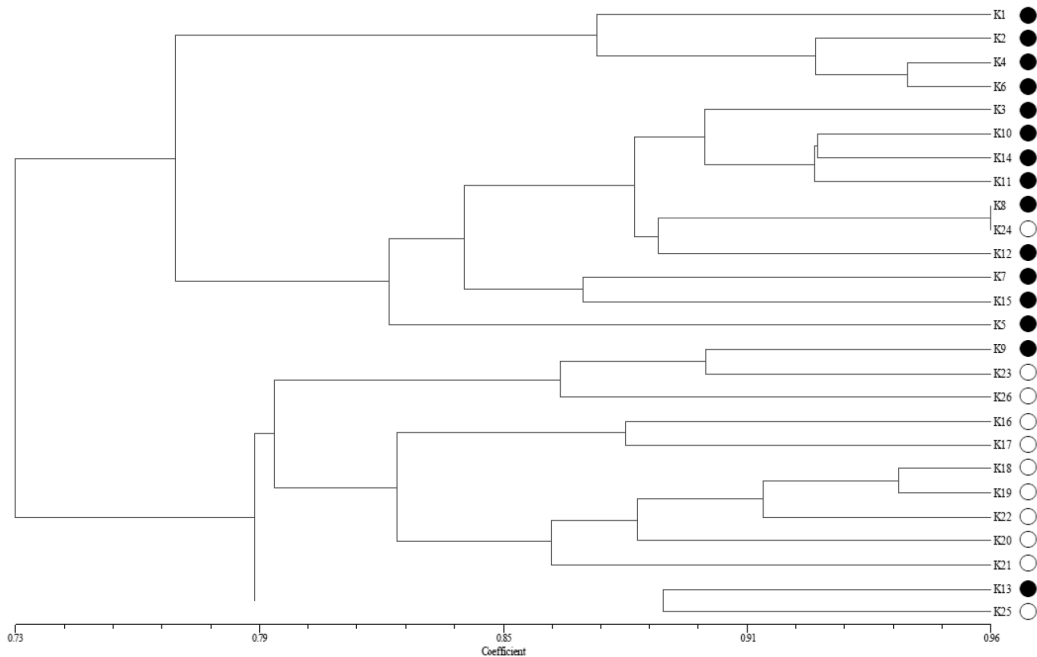


Fig. 3. UPGMA dendrogram based on the AFLP markers. The accessions of foxtail millet are showed in Table 1. ● : accessions collected from Gangwon province; ○ : accessions collected from the other areas

(K18, K19)들을 제외하면, 지리적 분포를 명확히 나타내지 못하고 있었다. 이러한 결과는 우리나라에서 조 작물의 재배 역사가 오래 된 것처럼 국내에서 조 작물의 재배 및 전파가 다양한 경로를 통하여 일어나고 있는 것으로 생각되었다.

이상과 같이 본 연구에서는 AFLP 분자마커를 이용하여 우리나라에서 재배되고 있는 재래종 조 계통들에 대하여 강원도 지역 및 그 밖의 지역에서 수집한 계통들에 대하여 유전적 변이성 및 계통유연관계에 대하여 분석을 수행하였다. 본 연구결과는 강원도 지역 및 그 밖의 지역에서 수집한 계통들에 대하여 유전적 변이성 및 계통유연관계를 이해하는데 유용한 정보를 제공하였으며, 이러한 결과는 앞으로 우리나라에서 재래종 조 계통들에 대한 유전자원 수집 및 보존에 유용하게 이용될 것으로 기대가 된다.

적 요

우리나라에서 수집한 재래종 조 26계통들에 대하여 9개의 AFLP primer조합을 사용하여 유전적 다양성 및 계통유연관계를 분석한 결과는 다음과 같다.

1. 분석에 이용한 9개의 AFLP primer조합들은 국내에서 수집한 조 26계통들에서 총 170개의 DNA단편을 나타내었고, 이중에서 145개의 단편(85.3%)들은 다형성을

나타내었다. 9개의 AFLP primer조합들에서 측정된 유전적 다양성 값(H_s)은 1.84에서 6.80의 범위로 나타나, 평균 3.85값을 나타내었다. 강원지역에서 수집한 조 계통(Group 1)들은 평균 3.39의 유전적 다양성 값을 나타내었고, 경기도 등 타 지역에서 수집한 조 계통들(Group 2)은 평균 2.99의 유전적 다양성 값을 나타내었다.

2. 국내에서 수집된 재래종 조 26계통들은 유전적 유사성 73% 수준에서 크게 두 개의 그룹으로 구분되었다. Group I은 유전적 유사성 76.8% 수준에서 강원도에서 수집한 13계통들과 경기도에서 수집한 1계통을 포함하고 있었으며, Group II는 유전적 유사성 78.9% 수준에서 강원도에서 수집한 2계통들과 타 지역에서 수집한 10계통들을 포함하고 있었다. 본 연구결과는 우리나라에서 수집한 재래종 조 계통들에 대한 유전적 다양성 및 계통유연관계 이해 그리고 이들 자원의 수집 및 보존 등에 유용한 정보를 제공할 것으로 기대된다.

사 사

본 연구는 농촌진흥청 농업유전자원관리기관운영 및 지역전략작목산학연협력사업(PJ007878)의 연구비 지원에 의해 이루어진 것임.

인용문헌

- Bowman, K. D., K. Hutcheson, E. P. Odum and L. R. Shenton. 1971. Comments on the distribution of indices of diversity. *Stat. Ecol.* 3 : 315-359.
- Chen, Y. and R. L. Nelson. 2004. Genetic variation and relationships among cultivated, wild and semiwild soybean. *Crop sci.* 44 : 316-325.
- Cho, Y. S., S. K. Hong, M. T. Song, H. P. Moon, J. H. Lee, and N. S. Kim. 1998. Comparison of genetic variation among rice varieties detected by RAPD, AFLP and SSRP. *Korea J. Genetic* 20 : 117-127.
- De wet J. M. J., L. L. Oestry-Stidd and J. I. Cubero. 1979. Origins and evolution of foxtail millets (*Setaria italica*) J. *Agric. Trop. Bot. Appl. [JATBA]* 26 : 53-64.
- Dellaporta S. L., J. Wood and J. B. Hicks. 1983. A plant DNA miniprep: Version II. *Plant Mol. Biol. Rept.* 1 : 19-21.
- Dice L. R. 1945. Measures of the amount of ecologic association between species. *Ecology* 26 : 297-302.
- Fukunaga K., E. Domon and M. Kawase. 1997. Ribosomal DNA variation in foxtail millet, *Setaria italica* (L.) P. Beauv. and a survey of variation from Europe and Asia. *Theor. Appl. Genet.* 95 : 751-756.
- Fukunaga K., Z. M. Wang, K. Kato and M. Kawase. 2002. Geographical variation of nuclear genome RFLPs and genetic differentiation in foxtail millet, *Setaria italica* (L.) P. Beauv. *Genet. Resour. Crop. Evol.* 49 : 95-101.
- Garcia-Mas, J., M. Oliver, H. Gomez-Paniagua, and M. C. de Vicente. 2000. Comparing AFLP, RAPD and RFLP markers for measuring genetic diversity in melon. *Theor. Appl. Genet.* 101 : 860-864.
- Harlan J. R. 1995. *The living fields: our agricultural heritage.* Cambridge University Press, Cambridge.
- Jia, X., Z. Zhang, Y. Liu, C. Zhang, Y. Shi, Y. Song, T. Wang and Y. Li. 2009. Development and genetic mapping of SSR markers in foxtail millet (*Setaria italica* (L.) P. Beauv.). *Theor. Appl. Genet.* 118 : 821-829.
- Jusuf M. and J. Pernes. 1985. Genetic variability of foxtail millet (*Setaria italica* (L.) P. Beauv): Electrophoretic study of five isozyme systems. *Theor. Appl. Genet.* 71 : 385-391.
- Kawase M and S. Sakamoto. 1984. Variation, geographical distribution and genetic analysis of esterase isozymes in foxtail millet, *Setaria italica* (L.) P. Beauv. *Theor. Appl. Genet.* 67 : 529-533.
- Kihara H. and E. Kishimoto. 1942. Bastarde zwischen *Setaria italica* and *Setaria viridis*. *Bot. Mag.* pp62-67.
- Kim S. K., E. Y. Sohn and I. J. Lee. 2009. Starch properties of native foxtail millet, *Setaria italica* Beauv. *J. Crop. Sci. Biotech.* 12(1) : 59-62.
- Le T. D., O. Penaud, B. Toupance and A. Sarr. 2000. Assessment of genetic relationships between *Setaria italica* and its wild relative *S. viridis* using AFLP marker. *Theor. Appl. Genet.* 100 : 1061-1066.
- Li C. H., W. K. Pao and H. W. Li. 1942. Interspecific crosses in *Setaria* II, Cytological studies of interspecific hybrids involving : 1, *S. faberi* and *S. italica*, and 2, a three way cross, F2 of *S. italica* × *S. viridis* and *S. faberi*. *J. Hered.* 33 : 351-355.
- Li, Y., Y. S. Cao, S. Z. Wu and X. Z. Zhang. 1995. A diversity analysis of foxtail millet (*Setaria italica* (L.) P. Beauv) landraces of Chinese origin. *Genet. Res. Crop. Evol.* 45 : 279-285.
- Li, Y., J. Jia, Y. Wang and S. Wu. 1998. Intraspecific and interspecific variation in *Setaria* revealed by RAPD analysis. *Genet. Res. Crop. Evol.* 45 : 279-285.
- Lu, T. L. D. 2002. A green foxtail (*Setaria viridis*) cultivation experiment in the middle Yellow River valley and some related issues. *Asian Perspect.* 41 : 1-14.
- Marathee, J. P. 1993. Structure and characteristics of the world millet economy. p. 159-178. In: *Advances in small millets* (Riley KW, Gupta SC, Seetharam A, Mushonga JN, eds.). Oxford & IBH press, New Delhi, India.
- Rohlf, F. J. 1998. NTSYS-pc numerical taxonomy and multivariate analysis system, version 2.02. Exeter Software, Setauket, New York.
- Sakamoto, S. 1987. Origin and dispersal of common millet and foxtail millet. *JARQ* 21(22) : 84-89.
- Sakamoto, S. 1988. Zakkoku no kita michi (The road of Millets): Eurasia no minzoku shokudutsu-gaku kara (from the ethnobotanical study in Eurasi). Japan Broadcast Publishing, Tokyo (in Japan).
- Schontz, D. and B. Rether. 1998. Genetic variability in foxtail millet, *Setaria italica* (L.) P. Beauv. RFLP using a heterologous rDNA probe. *Plant Breed.* 117 : 231-234.
- Schontz, D. and B. Rether. 1999. Genetic variability in foxtail millet, *Setaria italica* (L.) P. Beauv. : Identification and classification of lines with RAPD markers. *Plant Breed.* 118 : 190-192.
- Vavilov, N. I. 1926. Studies on the origin of cultivated plants. *Inst. Appl. Bot. Plant Breed.* 16 : 1-248.
- Vos, P., R. Hogers, M. Bleeker, M. Reijans, T. van de Lee, M. Hornes et al. 1995. AFLP: a new technique for DNA fingerprinting. *Nucleic Acids Res.* 23 : 4407-4414.
- Wachira, F. N., R. Waugh, W. Powell, and C. A. Hacket. 1995. Detection of genetic diversity in tea (*Camellia sinensis*) using RAPD markers. *Genome* 38 : 201-210.
- Zabeau, M. and P. Vos. 1993. Selective restriction fragment amplification: a general method for DNA fingerprinting. European Patent Application 92402629.7 (Publ. No. 0534858 A1).
- Zhao, J., X. Wang, B. Deng, P. Lou, J. Wu, R. Sun, Z. Xu, J. Vromans, M. Koornnef, and G. Bennema. 2005. Genetic relationship within *Brassica rapa* as inferred from AFLP fingerprints. *Theor. Appl. Genet.* 110 : 1301-1314.