

AFLP 마커를 이용한 국내수집 염생식물 변형초 유전다양성 평가

전용삼 · 진용태 · 최서희 · 박누리 · 김인경 · 이기연 · 최종진 · 이금주

Genetic variation of halophyte New Zealand spinach (*Tetragonia tetragonioides*) accessions collected in Korea using an AFLP marker

Yongsam Jeon · Yong-Tae Jin · Seo-Hee Choi · Nuri Park · In-Kyung Kim · Ka Youn Lee · Jong-Jin Choi · Geung-Joo Lee

Received: 29 April 2016 / Revised: 22 May 2016 / Accepted: 22 May 2016
© Korean Society for Plant Biotechnology

Abstract This study was conducted to investigate the potential use of New Zealand spinach (*Tetragonia tetragonioides*) as a new vegetable crop which will be cultivated in salt-affected soils such as reclaimed areas. New Zealand spinach ecotypes native to Korea were collected across the Southern, Western and Eastern seashore regions of the Korean peninsula, among which fifty-five accessions were later further propagated and evaluated genetically by using an AFLP (amplified fragment length polymorphism) marker. Based on the AFLP analysis performed to uncover the genetic diversity of the collected ecotypes, enzymatic cleavage of the extracted DNA was implemented based on 12 *EcoRI* and *MseI* combinations. A total of 1,279 alleles (107 alleles per *EcoRI* and *MseI* enzyme combination) were successfully amplified, among which 62 alleles per enzyme combination were polymorphic (58%). The AFLP analysis

indicated that the rate of genetic dissimilarity was 29% among the New Zealand spinach collections, which were clustered into the 7 genetic diversity group. This is the first report on the genetic variation in the genus *Tetragonia*, and the basic information can be applied to select parental lines for enhancing the segregation spectrum of the new halophytic vegetable plant grown in salt-affected areas.

Keywords Halophyte, Leafy vegetable, New Zealand spinach, Genetic diversity, PCR marker

서론

지구온난화로 인한 해수면의 상승, 기존 생물종의 멸종 및 자연재해의 증가는 최근 여러 매체를 통해서 자주 접하는 내용이다. 이와 관련하여 농업분야의 큰 변화 중 하나는 신규 재배 작물종의 도입과 주산지 재배지역의 변동을 들 수 있겠다(Kurukulasuriya and Rosenthal 2003). 우리나라와 같이 농지면적이 좁고 산업화 및 도시화에 따른 기존 농업 생산지역의 점진적 감소가 불가피한 경우 새로운 간척지의 발생은 새로운 기회적 요소가 될 수 있다고 본다. 식물 생육 면에서 특이한 환경을 고려한 적극적인 대체 작물의 개발은 최근 기후변화의 대응과 함께 새로운 전략적 대응 방안이 될 수 있을 것으로 보인다. 식물은 극한 생육환경에서 생존을 위해 특이 대사산물의 생산을 통해 생리적 및 생화학적 대사기능을 완료하는 것으로 알려졌다(Sampaio et al. 2011). 따라서 기능성 물질의 탐색을 위해 이러한 특이 환경 적응 식물체의 연구 및 소재의 개발은 새로운 대응 전략으로 고려해 볼 수 있겠다.

Y. Jeon · Y.-T. Jin · S.-H. Choi · N. Park · G.-J. Lee (✉)
충남대학교 원예학과
(Department of Horticulture, Chungnam National University,
Daejeon 34134, Korea)
e-mail: gjlee@cnu.ac.kr

I.-K. Kim
목포대학교 원예학과
(Department of Horticulture, Mokpo National University, Muan
58554, Korea)

K. Y. Lee
한국한의학연구원,
(Korea Institute of Oriental Medicine, Daejeon 34054, Korea)

J.-J. Choi
충남농업기술원 화훼연구소
(Flower Research Institute, Chungnam Agricultural Research &
Extension Service, Yesan 32425, Korea)

본 연구실에서 간척지 후보 신규 자생식물로 연구를 해 오고 있는 번행초에 대한 농업적 측면의 재배 연구결과, 자생지는 비록 해안가 사구 또는 모래토양에서 자라고 있는 염생식물이지만(Myeong et al. 2011), 종자를 파종한 이후 약 2개월 동안 염농도 1.0%의 바닷물로 지속해서 관수를 하는 토양지역에서도 생육이 가능하다는 것을 알 수 있었다(Kim et al. 2011). 따라서 새만금과 같은 초기 간척지의 제염 및 소득 발작물로 활용이 가능한 자생식물이 될 수 있고, 기후변화에 따른 신규 업체류의 개발을 목적으로 할 경우 시금치와 같은 저온성 채소를 대체할 수 있는 후보 작물로 가능할 것으로 보여진다(Kim et al. 2008). 한편 국내에서 수집한 번행초 유전자원의 자생지 토양을 조사한 결과 다양한 토양산도(pH 4.4~8.8), 3~50%의 토양 유기물, 0.2~5.0 dS/m의 토양 염도, 그리고 양이온치환능력 3~39 cmol/kg의 토양조건에서 자생하고 있어 토양 적응력이 매우 높은 식물로 추정된다(Kim et al. 2011).

하지만 이러한 토양 적응성과 당노조절과 같은 약용기능(Aoki et al. 1982; Choi et al. 2008) 등 우수한 농업적 및 약리적 특성에 비하여 번행초의 유전적 다양성 등은 아직 보고된 적이 없다. 엽록체나 미토콘드리아 안에 있는 유전물질을 이용한 중간 다양성 평가와 달리 AFLP (amplified fragment length polymorphisms) 마커는 종내 핵 DNA가 가지고 있는 다양한 염기서열의 차이를 이용하여 제한효소로 하여금 타겟 서열을 절단하고 다양한 길이의 절편을 증폭함으로써 유전자원간의 유전적 변이를 평가하는데 유용하게 활용되고 있다(Arroyo-Garcia et al. 2001). AFLP 마커는 유사한 기능의 RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA)에 비하여 1 bp 정도의 짧은 길이 차이의 DNA 단편도 검출이 가능하고 재현성이 높은 장점을 가지고 있어 최근의 유전체 정보가 상대적으로 잘 알려지지 않은 자생 또는 야생식물의 유전적 다양성을 평가하는데 많이 이용되고 있다(Blears et al. 1998).

따라서 본 연구는 국내에 자생하는 수집된 번행초 유전자원들의 유전적 특성을 비교하고, 향후 유용한 내염성 유전자와 형질연관 분자마커가 개발될 경우 새로운 품종의 개발을 위한 분자육종의 기초를 마련하는 데 그 목적이 있다고 하겠다. 기후변화에 따른 새로운 대체작물의 개발과 염류지역에 적용이 가능한 염생식물의 활용이라는 측면에서 국내 자생 염생식물 중 일부지역의 민간에서 업체류로 오랫동안 활용이 되어왔던 번행초의 재배작물로서의 가능성은 크다고 볼 수 있다. 따라서 기존의 식물학적 및 농업재배적 측면의 다양한 특성 결과와 수집 유전자원 간의 유전적 변이 결과를 종합한다면 간척지 또는 장기간의 시설재배로 인한 토양 염류가 문제가 되는 국내외 여러 지역에서 저온성 업체류를 대체하기 위한 신규 자생식물의 개발에 크게 기여할 수 있을 것으로 기대된다.

재료 및 방법

번행초 수집 유전자원

본 연구의 식물 재료인 번행초 유전자원은 2010-2011년에 걸쳐 우리나라 동, 서 및 남해안 일대와 제주도의 해안가 및 사구 지역 등 Table 1에 보여주는 것처럼 총 12곳에서 총 55점을 유식물체 또는 종자상태로 수집한 것을 이용하였다(Kim et al. 2011). 수집한 종자를 온실 내 원예상토로 채워진 파종상자에 파종하여 발아된 어린 유식물체의 잎으로부터 DNA를 추출하여 AFLP 분석에 활용하였다.

DNA 추출 및 AFLP 분석

AFLP 분석에 앞서 DNA는 국내에서 수집된 전체 59개의 유전자원 중 종자가 발아된 55점의 유전자원으로부터 샘플당 약 1 g의 유식물체 잎을 이용하여 추출하였다. DNA 추출은 기존에 알려진 CTAB 방법을 변형하여 수행하였고(Keim et al. 1988), 추출된 DNA는 분광광도계(Jenway 6505, Essex, U.K.)를 이용하여 균일한 농도(50 ng/μl)로 정량한 후 digestion, ligation, preamplification 및 selective amplification 등 AFLP 분석과정을 AFLP 분석시스템 I (Invitrogen, Carlsbad, California)을 따라 수행하였다. 실험에 이용된 제한효소는 *EcoRI*과 *MseI*이었고, 최종 selective primer의 5' 말단에 Table 2에서처럼 VIC, NED, 그리고 PET 형광표지를 부착하여 자동화 염기서열 분석 시 여러 개의 조합을 동시에 분석할 수 있도록 하였다.

제한효소 *EcoRI*과 *MseI*을 이용하여 절단한 번행초 게놈 DNA 절편은 *EcoRI* 및 *MseI* adapter와 37°C에 2시간 반응시켜 각각의 제한효소에 의해 절단되는 단편의 말단에 결합시켰다. 이 들 DNA 단편은 TE 완충용액으로 1/10배 희석한 후 AFLP Pre-Amp Primer Mix I 키트(Invitrogen, Carlsbad, California)를 사용하여 먼저 증폭반응을 유도하였다. 1차 증폭은 72°C에서 2분 동안 열처리한 후 94°C에서 30초간 열변성, 65°C에 60초간 프라이머 결합, 그리고 72°C에서 60초간 DNA 합성을 반복하여 총 30회 증폭과정을 수행하였다. PCR 산물의 증폭 결과물을 확인하기 위해 1.5% agarose gel에 5 μl의 PCR 증폭 DNA를 사용하였고, 나머지는 TE 완충용액으로 1/10배 희석하여 보관하여 2차 증폭을 위한 주형(template)으로 이용하였다.

2차 선택적 증폭은 *EcoRI*에 형광 표지된 3개(각각 FAM, HEX, NED로 표지; Applied Biosystems, CA, USA)를 이용하여 총 12개 조합을 가지고 수행하였다(Table 2와 3). 선택적 증폭을 위한 PCR은 2 μl pre-amplified DNA, 1 μM *EcoRI* primer, 2.5 μM *MseI* primer, 10X buffer, 8 mM dNTP, 그리고 0.65 Unit *Taq* polymerase를 포함하여 전체 부피를 10 μl로 맞추어 수행하였다. 선택 프라이머를 이용한 2차 PCR은 touch-down PCR 방법(매회 0.7°C씩 온도 강하)을 이용하여 94°C에서 30초, 65°C에서 30초, 그리고 72°C에

Table 1 Collections of New Zealand spinach accessions from different locations in Korea

No.	Accession ID	Collection location ²⁾	No.	Accession ID	Collection location
1	CNU06A01		39	CNU06A39	
2	CNU06A02		40	CNU06A40	Sinan-gun,
3	CNU06A03		41	CNU06A41	Jeollanam-do
6	CNU06A06	Jeju-si,	22	CNU06A22	
8	CNU06A08	Jeju-do	23	CNU06A23	Haenam-gun,
10	CNU06A10		24	CNU06A24	Jeollanam-do
12	CNU06A12		25	CNU06A25	Boseong-gun, Jeollanam-do
14	CNU06A14		26	CNU06A26	
4	CNU06A04		27	CNU06A27	
7	CNU06A07		28	CNU06A28	
9	CNU06A09	Seogwipo-si,	29	CNU06A29	Jindo-gun,
11	CNU06A11	Jeju-do	30	CNU06A30	Jeollanam-do
13	CNU06A13		31	CNU06A31	
5	CNU06A05		32	CNU06A32	
15	CNU06A15		42	CNU06A42	
16	CNU06A16	Wando-gun,	43	CNU06A43	Namhae-gun,
17	CNU06A17	Jeollanam-do	44	CNU06A44	Gyeongsangnam-do
18	CNU06A18		45	CNU06A45	Yeongdo-gu, Busan
48	CNU06A48		46	CNU06A46	Gijang-gun, Busan
19	CNU06A19		47	CNU06A47	Ulju-gun, Ulsan
20	CNU06A20		54	CNU06A54	Goheung-gun,
21	CNU06A21		55	CNU06A55	Jeollanam-do
33	CNU06A33		56	CNU06A56	
34	CNU06A34	Sinan-gun,	57	CNU06A57	
35	CNU06A35	Jeollanam-do	58	CNU06A58	Yeosu-si,
36	CNU06A36		59	CNU06A59	Jeollanam-do
37	CNU06A37		60	CNU06A60	
38	CNU06A38				

²⁾Further information on the detailed geographical locations can be obtained from the previous reports (Kim et al. 2011; Kim et al. 2012)

Table 2 Combinations of preselective and selective *EcoRI* and *MseI* primers used in this study

Primer	Code	Sequence
<i>EcoRI</i> +A	E-A	GAC TGC GTA CCA ATT CA
<i>MseI</i> +C	M-C	GAT GAG TCC TGA GTA AC
<i>EcoRI</i> +3-ACC	E-ACC (VIC) ²⁾	GAC TGC GTA CCA ATT CAC C
<i>EcoRI</i> +3-ACG	E-ACG (NED)	GAC TGC GTA CCA ATT CAC G
<i>EcoRI</i> +3-AGC	E-AGC (PET)	GAC TGC GTA CCA ATT CAG C
<i>MseI</i> +3-CAA	M-CAA	GAT GAG TCC TGA GTA ACA A
<i>MseI</i> +3-CAC	M-CAC	GAT GAG TCC TGA GTA ACA C
<i>MseI</i> +3-CAG	M-CAG	GAT GAG TCC TGA GTA ACA G
<i>MseI</i> +3-CAT	M-CAT	GAT GAG TCC TGA GTA ACA T
<i>MseI</i> +3-CCA	M-CCA	GAT GAG TCC TGA GTA ACC A
<i>MseI</i> +3-CGA	M-CGA	GAT GAG TCC TGA GTA ACG A
<i>MseI</i> +3-CTA	M-CTA	GAT GAG TCC TGA GTA ACT A

²⁾Fluorescence labels are mentioned in a parenthesis to distinguish different alleles present in the same genotype

Table 3 Percentage of polymorphism among alleles of 55 accessions estimated by AFLP markers

Selective primer <i>EcoRI</i> and <i>MseI</i> combination	Total alleles	Polymorphic alleles	Polymorphism (%)
E-ACC/M-CAA	92	65	71
E-ACC/M-CAC	100	56	56
E-ACC/M-CAG	78	42	54
E-ACC/M-CAT	121	75	62
E-ACC/M-CCA	153	112	73
E-ACC/M-CGA	195	130	67
E-ACG/M-CAC	92	37	40
E-ACG/M-CAT	100	37	37
E-ACG/M-CCA	78	47	60
E-AGC/M-CAG	92	50	54
E-AGC/M-CAT	100	64	64
E-AGC/M-CCA	78	28	36
Total	1,279	743	-
Average	107	62	58

서 2분 동안 DNA 합성 단계를 반복하여 총 12회 실시한 후, annealing 온도를 56°C에 맞추어 추가로 30회 더 반복 진행하였다. 최종 PCR 산물은 ABI 3130xl genetic analyzer (Applied Biosystems, CA, USA)를 이용하여 절편의 유무와 크기를 결정하여 변형초 유전자원간의 유전자형 분석에 이용하였다.

자료분석

1, 2차 preamplification 및 selective amplification 과정을 거쳐 얻어진 PCR 결과물은 절편의 유무에 따라 각각 1 또는 0으로 데이터 코드를 구성하여 데이터 매트릭스를 작성하였다. 간단히 매칭된 계수를 기반으로 유전적 유사성을 추정하였고, 군집 분석은 NTSYSpc 프로그램(version 2.0; Rohlf 1998)을 이용하여 unweighted pair-group method arithmetic average (UPGMA) 방법으로 실시하였고 MEGA 4 프로그램을 이용하여 genetic tree를 도형으로 나타냈다 (Kumar et al. 2007). Polymorphic information content (PIC) value와 유전 다양성(genetic diversity)을 이용하여 변형초 유전자원간의 유전적 변이 정도를 결정하였고(Nei 1978), 이를 위하여 Powermarker (version 3.25) 프로그램을 이용하였다(Muse et al. 2005).

결과 및 고찰

변형초 우수 유전자원 선발 시 염류 토양에서는 높은 생육량(생체중 및 건물중)은 가지 수와 초장의 영향이 큰 것으로 나타났고, 일반 토양에서는 높은 엽면적 지표가 중요하다라는 것을 알 수 있었다(Kim et al. 2012). 이러한 결과

는 포장 선발 시 토양 내 염류의 집적 정도에 따라 영양생장 또는 생식생장으로의 발달이 달라질 수가 있어서 염류 변형초 작물의 개발을 위해서는 토양 환경에 영향을 받지 않고 생육 정도를 추정할 수 있는 관련 유전정보가 필요하다는 사실을 시사한다고 하겠다. 하지만 이들 유전자원간의 유전적 차이에 대한 정보는 아직 발표된 것이 없고, 그런 의미에서 본 연구는 국내 자생 변형초 수집 자원간의 유전적 차이를 보여주는 전 세계 최초의 결과라는 점에서 향후 활용가치가 높다고 할 수 있겠다.

유전다양성 평가는 유전정보가 잘 알려지지 않은 식물에 많이 적용된 AFLP 마커를 활용하여 수행하였다. 변형초 계놈의 특정부위를 절단하는 *EcoRI* (5'-G[▼]AATTC-3') 과 *MseI* (5'-T[▼]TAA-3') 제한효소 12개 조합을 이용하여 절단한 뒤 이러한 염기서열 특징을 보이는 절편을 선별적으로 골라낼 수 있는 Probe를 이용하여 총 1,279개의 절편을 확보할 수 있었고, 이는 계놈절편을 얻는데 활용한 제한효소 조합당 평균 107개의 절편 수에 해당한다(Table 3). 최근 콩과식물 *Mucuna* 속 식물 또는 화본과 Bermudagrass를 대상으로 동일한 제한효소를 이용한 AFLP 분석 결과 조합 당 각각 평균 134개와 78개의 절편을 얻을 수 있었던 보고와 비교해 볼 때 본 연구에서 분석에 이용된 절편의 수는 적은 숫자는 아니라고 할 수 있겠다(Kang et al. 2008; Sathyanarayana et al. 2011).

이 중 55개 변형초 유전자원들간에 차이를 나타내는 다형성 마커는 총 743개로 *EcoRI*과 *MseI* 제한효소 조합당 62개로 유전 다형성율은 58%로 나타났다(Table 3과 Fig. 1). 본 연구실에서 *Brachypodium* 속 식물을 대상으로 한 실험에서 자연수집 집단(66개체)의 경우에는 다형성율이 59%였고, 같은 속 식물을 감마선 처리를 통해 얻어진 인공

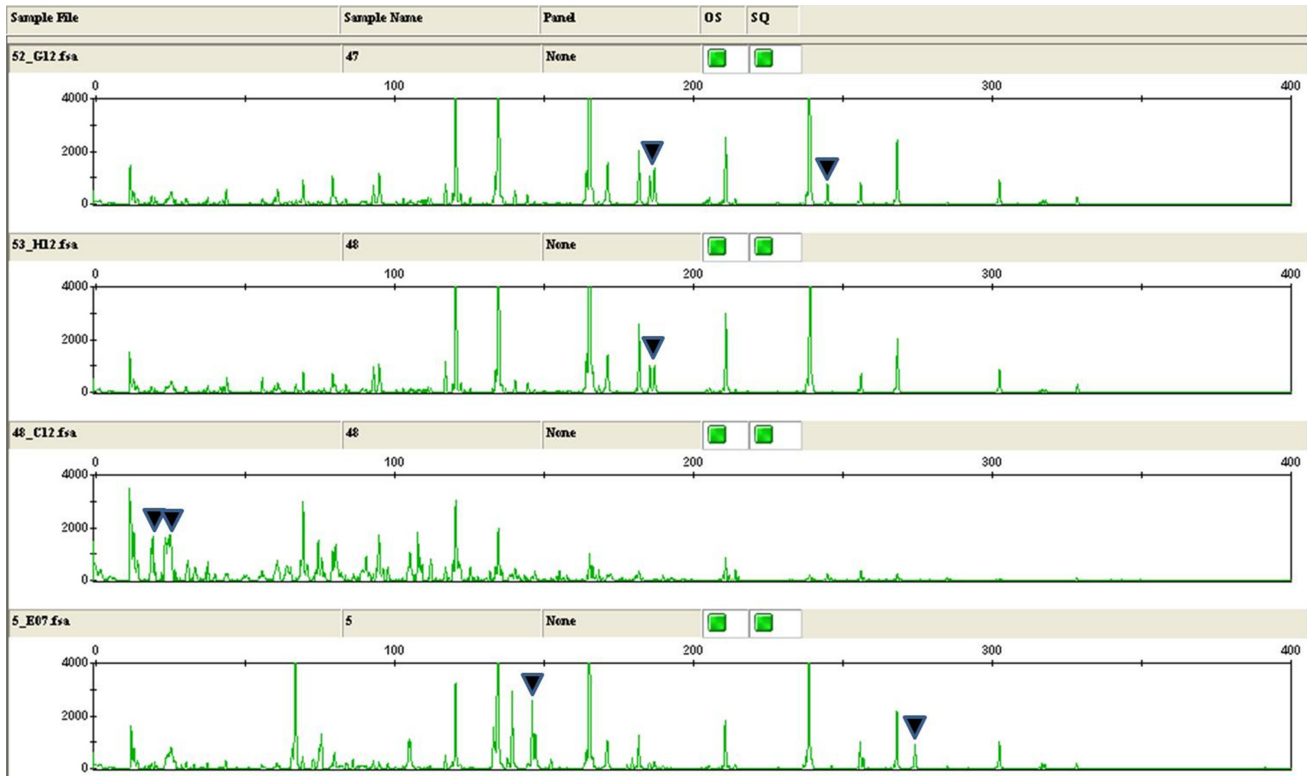


Fig. 1 Chromatogram of 4 representative accessions exhibiting allelic variations and size difference as marked in triangles (▼)

변이 집단(43개체)을 통해 얻어진 다형성율은 79%였다 (Zhang et al. 2012). 또한 앞에서 소개한 Bermudagrass 43개 자원을 대상으로 한 결과에서는 87.8%로 식물의 생식기 작(자식성 또는 타식성)에 따라 마커 다형성율에 차이를 보이고 있음을 알 수 있었다(Kang et al. 2008).

이러한 연구를 토대로 볼 때 타식성 작물이 *Brachypodium* 과 같이 자식성 작물보다 유전적 차이가 크고, 같은 집단의 경우 감마선 처리에서와 같이 인공적으로 돌연변이를 유도한 집단의 경우가 자연 수집 집단보다 높은 유전적 차이를 보인다는 사실을 알 수 있다. AFLP 분석을 통해서 얻어진 유전적 다형성율을 기초로 판단해 볼 때 자식성 식물인 *Brachypodium*과 유사한 결과(*Brachypodium* 59%와 변형초 58%)가 보여주는 사실은 변형초가 자식성 작물임을 간접적으로 보여준다고 할 수 있겠다(Grubben and Denton 2004).

Polymorphism information content (PIC) 값과 유전 다양성 (genetic diversity)을 추가로 계산하여 본 연구에 이용한 55개체 변형초 유전자원간의 유전적 변이를 결정하였다 (Muse et al. 2005). 그 결과 본 연구에 이용된 국내 자생 변형초 수집자원들의 유전다양성 값은 0.29를 보이는 것을 알 수 있었다. 그리고 제한효소에 의하여 생성된 절편들 중에서 약 79%가 게놈 전체에 다수로 존재하는 주요 단편(major alleles)들이었고, PIC값은 0.25로 자식성 작물인 *Brachypodium*에서 보였던 0.113보다 높았고, 유전다양

성 값 0.29는 타식성 작물인 bermudagrass에서 보였던 0.36 값의 유전 다양성에 비하여 낮게 나타났다(Kang et al. 2008; Zhang et al. 2012).

AFLP 절편에서 다형성을 보이는 마커(총 743개)를 이용하여(Table 3) 수집 변형초 55개체간 공유 대립유전자 빈도를 기초로 하고 Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean (UPGMA)을 적용하여(shared allele-based UPGMA cluster analysis) 군집분석을 실시하였다(Fig. 2). 그 결과 수집 자생 변형초는 7개의 유전적 다양성 집단으로 나눌 수 있음을 알 수 있었다. 그 중 군집 1, 2, 3에서 보여주는 것처럼 여수, 완도, 남해, 신안지역에서 수집한 변형초가 다른 지역 수집종에 비해 유전적으로 매우 큰 차이가 있다는 것을 알 수 있었다(Kim et al. 2011). 군집분석 결과와 비교해 볼 때 수집지역이 유사한 경우 유전 다양성 정도도 상대적으로 낮은 것으로 보이는데, 군집 4의 경우 경남북, 울주, 기장 및 부산지역 수집종들이고, 군집 6은 주로 제주지역 수집종, 그리고 군집 7은 전남 신안 또는 해남 등에서 수집한 종들이 그룹을 이루고 있다. 수집지가 다른 유전자원들간의 군집형성은 변형초가 해안가에서 서식하기 때문에 바닷물 조류를 따라 다른 지역으로 흘러들어가 유전다양성에 기여하는 것으로 유추해 볼 수 있다. 앞서 발표한 결과에 따르면 수집 변형초 유전자원 중 높은 수량을 보인 CNU06A01, CNU06A13, CNU06A26, CNU06A35, CNU06A38, 그리고 CNU06A55 변

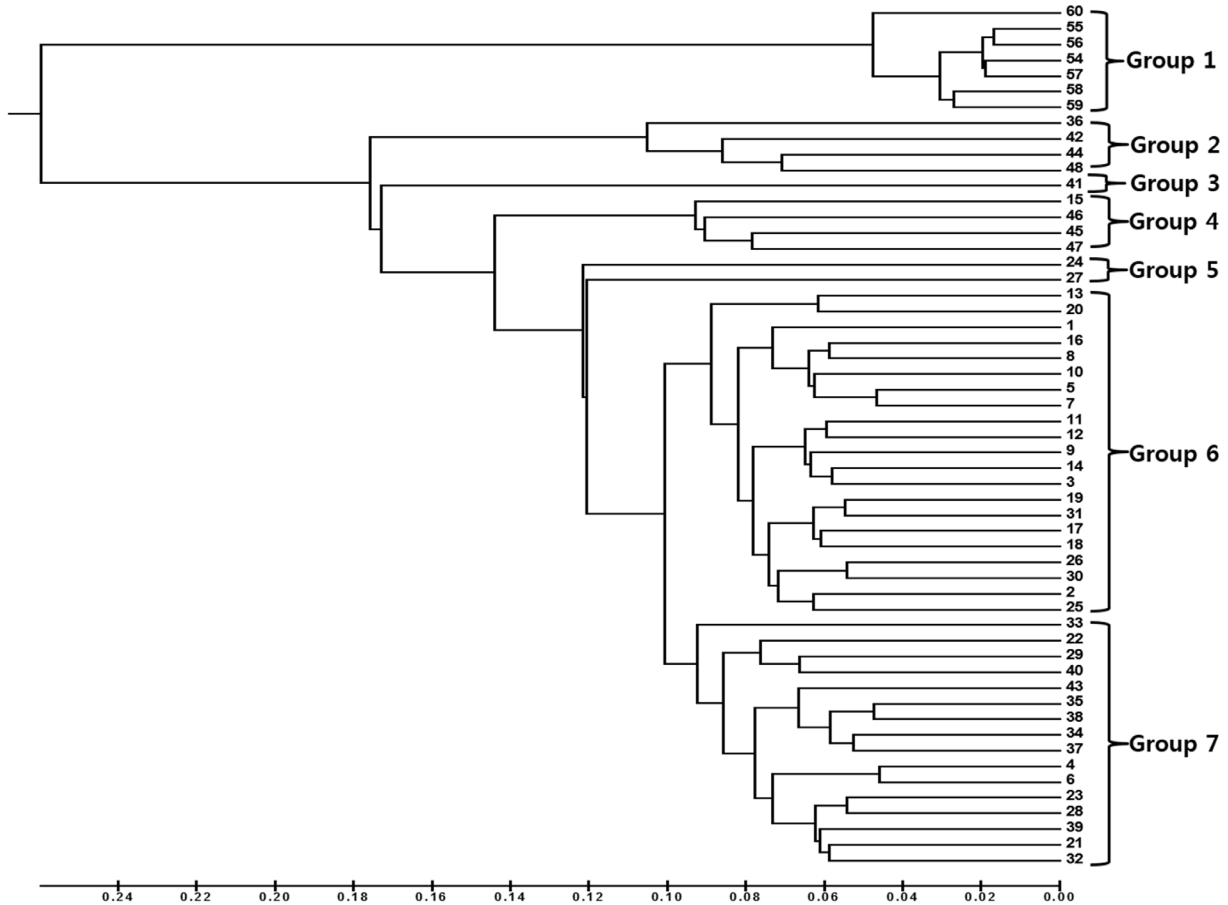


Fig. 2 A genetic dendrogram of the Korean New Zealand spinach accessions derived from cluster analysis (UPGMA) based on genetic similarity estimates from the AFLP marker analysis

행초 유전자원의 수집지역이 각각 제주, 전남 진도, 전남 신안 그리고 전남 고흥으로 나타났다(Kim et al. 2012). 계통도에 나타난 군집특성과 비교해 볼 때 군집이 다른 변행초 유전자원의 높은 수량성은 서식지 환경에 더 많은 영향을 받는 것으로 보여진다. 이와 같이 농업적으로 우수한 개체들은 본 연구에서 유전적 변이가 높은 자원들과 교배를 통해 형질면에서 훨씬 다양한 개체를 확보할 수 있을 것으로 기대할 수 있겠다.

본 연구결과는 기존 발표된 국내 수집 자생 변행초의 형태적 및 농업적 특성자료와 함께 유전적 특성분석을 제공함으로써 변행초 품종 육성을 위한 선발 또는 교배육종의 재료 측면에서 활용가치가 높을 것으로 여겨진다. 특히 변행초의 경우 국내 간척지는 물론이고, 급증하는 시설재배 지역에서 문제가 되고 있는 염류집적 토양에 적용이 가능한 새로운 엽채류로서 국내의 변행초 유전자원에 대한 농업적 및 유전적 평가자료가 부족한 상황에서 본 연구 결과는 여름철 시금치 등 엽채류를 대체할 수 있는 채소 작물 개발에 유용한 정보를 제공할 수 있을 것이다.

적 요

본 연구는 국내 동, 서 및 남해안 바닷가 근처 사구지역에서 자생하는 변행초 55개체를 수집하여 AFLP 마커 시스템을 적용하고 이들 유전자원들간의 유전다양성 차이를 알아보기 위하여 실시하였다. 우선 전체 게놈의 특이적 부위를 절단하기 위하여 제한효소로 *EcoRI*과 *MseI* 12개 조합을 활용하였고, 그 결과 총 1,279 절편을 확보할 수 있었다. 이 결과는 제한효소 조합당 평균 107개의 절편이 생산된 것으로 이 중 평균 62개(약 58%)가 유전자원간에 다형성을 나타냈다. 이와 같이 유전자원간에 다형성을 보인 게놈 절편을 대상으로 유전다양성을 분석한 결과 조사된 55개체 변행초 유전자원 집단은 29%의 유전적 차이를 보이는 것을 알 수 있었다. 또한 군집분석을 통해 유전적 차이를 보이는 그룹을 분류한 결과 국내 자생 변행초 유전자원은 총 7개의 집단으로 나누어짐을 알 수 있었다. 본 연구에서 국내외 최초의 변행초 유전 다양성 평가 정보는 향후 품종 육성을 위한 교배친의 선발에 적용하여 다양한 유전적 차이를 보이는 분리집단을 확보

하는 데 활용이 가능할 것으로 생각된다.

사 사

본 연구는 충남대학교 연구과제사업의 지원으로 수행되었습니다.

References

- Aoki T, Takagi K, Hirata T, Suga T (1982) Two naturally occurring acyclicditerpene and norditerpene aldehydes from *Tetragonia tetragonoides*. *Phytochemistry* 21(6):1361-1363
- Arroyo-Garcia R, Martinez-Zapater JM, Fernandes Prieto JA (2001) AFLP evaluation of genetic similarity among laurel populations (*Laurus L.*). *Euphytica* 122:155-164
- Bleas MJ, de Grandis SA, Lee H, Trevors JT (1998) Amplified fragment length polymorphism (AFLP): a review of the procedure and its applications. *Indian J Microbiol Biotechnol* 21:99-114
- Choi HJ, Kang JS, Jeong YK, Choi YW, Joo WH (2008) Inhibitory activity on the diabetes related enzymes of *Tetragonia tetragonoides*. *Korean J Biotechnol Bioeng* 23(5):419-424
- Grubben GJH, Denton OA (2004) Plant resources of tropical Africa 2. Vegetables. Backhuys Publishers, Wageningen, The Netherlands
- Kang SY, Lee GJ, Lim KB, Lee HJ, Park IS, Chung SJ, Kim JB, Kim DS, Rhee HK (2008) Genetic diversity among Korean bermudagrass ecotypes characterized by morphological and cytological and molecular approaches. *Mol Cell* 25:163-171
- Keim P, Olson TC, Shoemaker RC (1988) A rapid protocol for isolating soybean DNA. *Soybean Genetics Newsletter* 15: 150-152
- Kim JH, SS Park, CK Song (2008) Cultivation limit of *Vitex rotundifolia*, *Tetragonia tetragonoides* and *Glehnia littoralis* at coastal area and physiological vitality of RAW 264.7 cell and HL-60 cell. *Korean J Med Crop Sci* 16(1):44-50
- Kim SK, Kim IK, Lee GJ (2011) Growth responses of New Zealand spinach [*Tetragonia tetragonoides* (Pall.) Kuntze] to different soil texture and salinity. *CNU J Agric Sci* 38: 631-639
- Kim IK, Lee KY, Kim SK, Kim BW, Choi WY, Lee GJ (2012) Preliminary screening of leafy vegetable New Zealand spinaches (*Tetragonia tetragonoides*) native to Korea. *CNU J Agric Sci* 39:515-523
- Kumar S, Tamura K, Dudley J, Nei M (2007) MEGA4: Molecular evolutionary genetics analysis (MEGA) software version 4.0. *Mol Biol Evol* 24:1596-1599
- Kurukulasuriya P, Rosenthal S (2003) Climate change and agriculture. A review of impacts and adaptations. Climate change series No.91. The World Bank Environment Department
- Muse SV, Liu KJ (2005) Powermarker: An integrated analysis environment for genetic marker analysis. *Bioinformatics* 21:2128-2129
- Myeong HH, Lee JS, Jeon JY, Song MS (2011) Study on creation method of green space for port ecosystem using the halophytes. *Kor J Soc Coastal Ocean Engineers* 23(1):50-56
- Nei M (1978) Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genet* 89:583-590
- Rohlf FJ (1989) NTSYS-pc numerical taxonomy and multivariate analysis system, version 1.50. Exeter Publications. New York, USA
- Sampaio BL, Bara MTF, Ferri PH, Santos SC, Paula JR (2011) Influence of environmental factors on the concentration of phenolic compounds in leaves of *Lafloensia pacari*. *Revista Brasileira de Farmacognosia* 21:1127-1137
- Sathyanarayana N, Leelambika M, Mahesh S, Jaheer M (2011) AFLP assessment of genetic diversity among Indian *Mucuna* accessions. *Physiol Mol Biol Plants* 17:171-180
- Zhang L, Jeon YJ, Kang SY, Lee GJ (2012) Genetic diversity of natural and artificial populations of model grass *Brachypodium* species evaluated by AFLP markers. *Hort. Environ. Biotechnol* 53:143-150