

F817

Primer Selection and Use of Predigested Template for Arbitrarily Primed PCR(AP-PCR) Analysis in the Silkworm(*Bombyx mori*)

이 진성<sup>\*</sup>, 황 재삼, 강 현아, 이 상몽<sup>1</sup>, 황 석조, 서 동상<sup>2</sup>  
<sup>\*</sup>농촌진흥청 잠사곤충연구소, <sup>1</sup>농촌진흥청 연구관리국, <sup>2</sup>성균관대학교 유전공학과

As the first step for the genetic analysis in the silkworm, associations between GC content of primer and detectable amplification products using AP-PCR were investigated. PCR products were not detected in the random primer of 40% GC content level. In the 50% level, amplification strength was 75.5%(bad amplification), 11.1%(poor amplification) and 11.1%(good and excellent amplification). According to increasing GC content of random primer, however, PCR products showing polymorphisms increased highly to 22.5%, 50% and 91.6% in the 60%, 70% and 80% GC content, respectively. And by digesting the template, prior to performing PCR, with four and six base cutter, RAPD profiles from certain primers were not affected by this pretreatment of the template, but other primers produced distinct profiles from each of several restriction endonuclease assayed. From these results, we estimate that random primers of above 60% GC content and predigested template will be selected in considering of time and cost of primer to study identification, linkage mapping and genetic variation in the silkworm using AP-PCR.

F818

RAPD-PCR 분석에 의한 누에의 유전적 유연관계 및 주요 건사충의 유전적 변이 분석

황 재삼<sup>\*</sup>, 이 진성, 강 현아, 이 상몽<sup>1</sup>, 황 석조, 서 동상<sup>2</sup>  
<sup>\*</sup>농촌진흥청 잠사곤충연구소, <sup>1</sup>농촌진흥청 연구관리국, <sup>2</sup>성균관대학교 유전공학과

본 연구는 RAPD-PCR에 의해 잠사곤충연구소에서 계대보존하고 있는 N32등 4개의 일본종계통, C3등 4개의 중국종계통, 유럽종인 호잠(zebra) 및 가잠의 선조로 보고된 멧누에를 공시하여 RAPD-PCR 실험조건 및 유전적 유연관계를 추정하였고, 주요 건사충인 누에, 멧누에, 천잠, 작잠, 거미의 유전적 변이를 분석하였기에 다음과 같이 보고하는바이다. 누에의 RAPD-PCR을 위한 적정 반응 조건은 전체용량 25ul로 할 경우 주형 DNA 15-30ng, dNTP mixture 200nM, primer 200uM, Taq DNA polymerase 1unit로 판단되었다. 공시한 10개 품종에 대해서 polymorphic한 26개의 primer로 PCR을 수행하여 얻은 137개의 RAPD에 의해 유전적 유연관계를 분석한 결과 10개의 품종간의 유전적 유연계수의 범위는 0.416에서 0.776사이였으며, 유전적 유연계수가 가장 높은 것은 C5와 C42 품종간이었고, 가장 낮은 것은 멧누에와 집누에의 갈원 품종간이었다. 가잠의 선조형으로 보고된 멧누에는 공시한 9개의 품종들간의 평균 유전적 유연계수가 0.496으로 가장 낮아 야생누에로서의 특이성이 인정되었다. 한편, 주요건사충인 누에, 멧누에, 천잠, 작잠, 거미의 RAPD-PCR에 의한 유전적 변이는 공시한 primer에 의해 다양한 변이를 보였다.