

Cox I gene sub-unit 증폭을 통한 고려인삼(*Panax ginseng* C. A. Meyer)과 화기삼(*P. quinquefolius* L.)의 구별법

신은명*, 이상구

(주)네오바이오 중앙기술연구소 경기도 이천시 대월면 사동 1리 26-1번지

목 적

미토콘드리아 genome의 *Cytochrome c oxidase* sub-unit I (Cox I)의 PCR증폭을 통한 고려인삼(*Panax ginseng*.)과 화기삼(*Panax quinquefolius*.)의 구별방법을 제공한다.

재료 및 방법

1. 재료

식물 - 고려인삼 - *Panax ginseng* C. A. Meyer (대한민국)
화기삼 - *Panax quinquefolius* L. (미국, 일리노이주)

2. 방법

Total DNA를 추출·정제하여 동량으로 조정 한 후 5' primer(5'-TTA TTA TCA CTT CCG GTA CT-3')와 3' primer(5'-AGC ATC TGG ATA ATC TGG)를 이용하여 중합효소 연쇄반응(PCR)하여 얻어진 결과물을 agarose gel 상에서 전기적으로 분획 시킨 후 Ethidium Bromide 용액에 침지·염색한 후 자외선 광 조건에서 gene sub-unit 증폭산물로 비교·분석한다.

결과 및 고찰

미토콘드리아(Mitochondria)내에서 전자를 최종적으로 산소에 전달하는 시토크롬 c 산화효소(*Cytochrome c oxidase*)의 sub-unit I (Cox I)을 중합효소 연쇄반응을 통해 증폭한 결과 고려인삼(*Panax ginseng*.)과 화기삼(*Panax quinquefolius*.)의 중간 구별이 용이한 DNA fragment를 확인하였다. 증폭된 sub-unit의 크기는 고려인삼(*Panax ginseng*.)에서는 일반적인 712 bp(base pair)이었으나, 화기삼(*Panax quinquefolius*.)의 경우에는 약 1.7 Kb(kilo base pair)로 크게 차별되었다. 중합효소 연쇄반응에 사용한 primer의 염기조성이 각 증폭산물의 양끝에 위치하는 것을 감안한다면, 화기삼(*Panax quinquefolius*.)의 경우 약 1 Kb에 상당하는 insert가 존재한다고 판단된다. 진화계통학적연구에 주로 사용되어온 엽록체와 미토콘드리아 genome상의 여러 유전자 부위 중 본 연구에서는 *rbc L*, *16S*, *orf25*, *psb A*, *psb D*, *Trn K*, *frx C*, *Cox I* 및 *Cox III*의 sub-unit을 PCR증폭하였으며, 산물의 크기비교에서는 *Cox I*을 제외한 모든 유전자 sub-unit 산물에서 고려인삼(*Panax ginseng*.), 화기삼(*P. quinquefolius*.), 전칠삼(*P. notoginseng*.), 죽절삼(*P. japonicum*.)이 동일한 결과를 나타내어 *Cox I*이 *Panax* 속내의 인삼 종의 구별에 가장 유리한 실험적 방안을 제시한다고 판단된다.