

Amplified Fragment Length Polymorphism(AFLPs)분석을 이용한 고려인삼 (*Panax ginseng* C. A. Meyer) 종(species)내의 야생형(산삼)과 재배형(인삼)의 유전변이 연구

신은명*, 이상구

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

목 적

동양의학의 가장 중요한 생약재료인 고려인삼(*Panax ginseng* C. A. Meyer)의 야생형인 산삼과 재배인삼의 유전변이 연구를 통해 *Panax* 속 고려인삼 종 내(intra-specific)의 개체를 지문화하여 구별할 수 있는 유전적 표지자(Genetic marker)를 선발하고, 주요 유효 성분(active compounds, ginsenosides 등)의 생산과 연관된 유전적 표지자를 구명하여, 고려인삼종의 우수 품종육성을 위한 기초자료로 활용하고자 한다.

재료 및 방법

1. 재료

식물- *Panax ginseng* C. A. Meyer : ①산삼 6개체(100-120년 생), ②장뇌삼 5개체(안동, 풍기, 진안), ③재배인삼 17개체(전국 인삼협동조합 구매산지별)

2. 방법

Total DNA를 추출·정제하여 동량으로 조정한 후 ① Double Restriction enzyme digestion ② Ligation of adaptors ③ Pre-selective amplification ④ Selective amplification ⑤ Poly-acrylamide gel electrophoresis ⑥ Silver staining의 일련의 실험과정을 통해 최종적으로 전기적 분획산물의 다형성(polymerism) 비교분석을 통해 유전변이분석을 수행한다.

결과 및 고찰

분자유전학적 실험기법인 AFLPs(Amplified Fragment Length Polymorphisms) - Silver staining 분석방법을 이용하여 고려인삼(*Panax ginseng* C. A. Meyer)종에 대한 DNA 지문분석을 수행한 결과 재배인삼, 장뇌삼, 산삼의 유전적 표지자(Genetic markers)형을 확인하여 각 개체군을 구분할 수 있었다.

AFLPs 분석방법은 재배, 생육 및 환경의 차이를 배제한, 많은 수의 개체 고유의 차별적인 DNA fragment (polymorphism)를 제공함으로써 각 개체를 확인하는 방법을 제공할 수 있다는 점에서 기존의 RAPD, I-SSR(Inter-Simple Sequence Repeat) 또는 RFLP(Restriction Fragments Length Polymorphisms)등의 분석방법과 차별된다.

본 연구의 결과 산삼 개체의 DNA지문확인을 통한 개체 표지화(Genetic Marker)가 가능하였고, 고려인삼(*Panax ginseng* C. A. Meyer)의 야생형인 산삼과 일반재배형의 유전적 조성 차이를 물질분석자료와 연관 분석할 수 있는 분자유전학적 실험기법을 구축하게 되었다.

* Corresponding author. 신은명 TEL:031-638-9966, E-mail:eunmshin@hotmail.com