분자생물학적 기법을 이용한 인삼근권미생물의 다양성 및 군집 비교분석

이준원, 조영철[1], 김선기[1], 양덕춘*
경희대학교 생명과학대학 한방재료가공학과, [1]경기도 농업기술원 제2농업연구소

Using of Molecular Tool for Fungal Diversity and Community Analysis of Ginseng Root Area

Jun-Won Lee, Young-Cheol Jo[1], Seon-Ki Kim[1], Deok-Chun Yang*
Oriental Medicinal Material & Processing, College of Life Science, Kyung Hee University, Yongin 449-701, Korea;
[1]Gyeonggi Do Agricultural Research and Extension services, Yeoncheon, Gyeonggi 486-833, Korea

ABSTRACT

옛부터 인삼은 최고의 약재로 여겨져 왔으며, 최근 여러가지 효능이 과학적으로 입증되어짐에 따라 전 세계적으로 주목받고 있는 세계적인 약용작물이다. 오랫동안 인삼을 재배해온 한국은 경작지의 한계성과 초작지의 고갈이라는 근본적인 문제에 봉착해있으며, 이러한 문제는 제작지 및 예정지관리가 잘못된 곳에 인삼을 재배할 경우 각종 연작재해 및 병해가 발생하게 되는데, 이러한 증상들은 수확량을 감소시킬 뿐만 아니라 심지어 조기 폐포로 이어지기 때문이다. 이것은 인삼이 한번 식재후 4~6년 동안 한곳에서 재배하는 동안 비가림 시설로 인한 토양 순환 억제 및 동일 농약의 반복사용으로 인한 재배 토양중의 미생물의 다양성 및 군집 변화에서 기인하는 피해라고 예상되어진다. 따라서 예정지 선택 및 기작지의 재배지속 여부의 기준 마련을 위한 기초연구로서 건전인삼뿌리의 토양과 이병인삼뿌리주변 미생물의 다양성과 군집 비교분석을 수행하였다.

다양성 및 군집분석은 sample내의 곰팡이(Fungi)를 동등하게 비교분석하기위하여 total DNA를 뽑아 primer (ITS1F, ITS4)를 이용하여 곰팡이 ITS영역만을 증폭하였다. 다양성 군집분석을 위한 기법으로 TRFLP(temınal restriction fragment length polymorphism)를 이용하기위하여 형광 라벨이 부착된 primer를 이용하였다. PCR purification kit을 이용하여 정제된 PCR 산물을 8시간동안 restriction enzyme으로 처리하고, Quaquick nucleotıde removal kit (Qıagen)를 이용하여 탈염과정을 거친뒤 Appled Bıosystems PRISM 3100 genetıc Anaiyzer 를 이용하여 분석을 수행하였다. 분석결과 정상시료와 이병시료에서 몇 가지 유의할만한 결과를 보였다. 그러나 TRFLP 분석결과만으로는 미생물의 다양성과 점유율에 대한 비교만 가능할뿐 어떠한 미생물인지는 알 수가 없었다. 따라서 이병인삼과 정상인삼의 미생물다양성의 차이를 구체화하고 실용화하기위하여 미생물의 염기서열을 분석하는 방법을 통해서 유의성균주의 동정이 필요한 것으로 생각되어진다.