

E-E3-25

국내 자생 천년초 선인장의 ITS, *psbA* 및 *rbcL* 유전자 분석을 통한 기원연구

인준교*, 이범수, 김종학, 한승호¹, 김길수², 손화³, 양덕춘³
(주)바이오피아, ¹충남농업기술원, ²경북대학교, ³경희대학교

*Opuntia*속 천년초 선인장의 기원 규명을 목적으로 ITS, *psbA* 및 *rbcL*를 분리하여 유전적 염기서열 분석을 실시하였다. 천년초, 백년초, 전라도 선인장과 더불어 외국산 *Opuntia*속 선인장을 수집하고 이들로부터 DNA를 추출하여 각각의 primer를 사용하여 ITS, *psbA* 및 *rbcL* 유전자를 cloning한 후 염기서열 분석을 통하여 685 bp의 ITS, 1,007 bp의 *psbA*와 1,426 bp의 *rbcL* 염기서열정보를 얻었다. 국내 자생하는 천년초, 전라도, 백년초 선인장과 *Opuntia*속 10종 *O. Humifusa*, *O. rufida*, *O. invicta*, *O. basilaris*, *O. erinacea v. ursina*, *O. molesta*, *O. basilaris v. bractglada*, *O. basilaris XO. Violacea v. Sauta Rita*, *O. violacea 'Gd Bush clnie'*, *O. Stuopectala* 등으로부터 염기서열을 분석하여 비교하였다 그 결과 ITS 영역은 18S rRNA, ITS1, 5S rRNA, ITS2, 26S rRNA의 coding gene이 직렬적인 배열로 연결되어 있는 구조로 18S rRNA가 54 bp, 162 bp의 5S rRNA, 26S rRNA는 56 bp 구성되어 있고, 이들 사이에 스페이서 영역인 193 bp의 ITS1과 220 bp의 ITS2로 구성되어 있었다. 천년초의 ITS 영역을 다른 선인장과 비교한 결과 천년초는 형태적으로 매우 유사한 *O. humifusa*와 99%의 매우 높은 유사도를 나타내었고, 국내 자생종인 전라도 선인장 백년초, *O. rufida* 등과도 마찬가지로 99%의 높은 유사도를 보였다. 또한 *rbcL*의 염기서열을 비교한 결과 천년초는 백년초 선인장과 99% 이상의 매우 높은 유사도를 보였으며, *psbA* 유전자는 *O. violacea 'Gd Bush clnie'*와 100%의 유사도를 나타내었고, 국내 자생종인 전라도 선인장 및 *Opuntia* 속의 다른 선인장과도 99%의 높은 유사도를 보였다.

*인준교 031-281-5435 jgin@ibiopia.com

E-E3-26

Discrimination of the Medicinal Plant *Schizonepeta tenuifolia* Briquet (Hyung-Gae) Using Molecular Technique (Multiplex-PCR)

Hong-Tao Wang, Jung-Min Lee, Myung Kyum Kim, Baigalmaa Jigden, In-Soo Na, Joo-Young Lee, Deok-Chun Yang

Korean Ginseng Luxuriating Center & Ginseng Genetic Resource Bank, Kyung Hee University, 1 Seochen, Kihung Yongin, Kyunggi 449-701

In the genus *Schizonepeta*, *S. tenuifolia* and *S. multifida*, only one species *S. tenuifolia* has been used for medicinal purposes. So, Hyung-Gae always a possible target for fraudulent labeling in many countries including China, Japan, Korea, USA For the first time, tRNA coding sequence (*trnL-F*) in chloroplast DNA of the medicinal plant *S. tenuifolia* were PCR-amplified using universal primers and sequenced. In the phylogenetic tree constructed using the neighbor joining method and the parsimony method, the *trnL-F* sequences of *S. tenuifolia* were closely clustered with those of *S. multifida* indicating that the genus *Schizonepeta* is monophyletic and that they are related closely to each other. With the alignment results of the *trnL-F* sequences of *Schizonepeta* and related genera, specific primer can be designed to identify and discriminate the medicinally meaningful *S. tenuifolia* species. Specific PCR primers were designed from this polymorphic site within the sequence data, and were used to detect true plants via multiplex PCR. The genera *Hyssopus* and *Agastache* were turned out to be closest to the genus *Schizonepeta* and other morphologically similar plants can be easily mis-used as material of fraud commercial products of *S. tenuifolia*.

The multiplex PCR has important implications in both the production and sale of the medicinal products, allowing for the prevention of fraud, and also revealing the possible presence of other, cheaper plant material.

This research was supported by a grant (07092KFDA335) from Korea Food & Drug Administration in 2007.

*주저자: 왕홍도 Tel. 031-201-2688, e-mail: dcyang@khu.ac.kr