PB-40

Intergenic Regions-Based Effective DNA Barcodes for Authentication of Triticum Species

김성훈[1], 세바스찬 라벤더[1], 현도윤[1], 왕샤오한[1,3], 이기안[2], 신명재[1], 이정로[1], 이수경[1], 이경준[1], 한세희[1,4], 조규택[1]*

[1]농업유전자원센터, 국립농업과학원, 농촌진흥청
[2]연구운영과, 연국정책국, 농촌진흥청
[3]경북대학교 농업생명과학대학 식물생명과학과
[4]충북대학교 농업생명환경대학 특용식물학과

[서론]
DNA 바코드는 종 구분을 위한 기준이 되는 DNA 절편이며, 유전적 다양성 탐색과 모니터링, 분자 계통 발생과 진화를 이해하는데 유용한 도구이다.
핵의 리보솜 RNA 유전자에 존재하는 Internal Transcribed Spacer(ITS) 부위와 Chloroplast genome의 Short intergenic regions(IGR) 유전자가 식물 종 판별을 위한 바코드 유전자 후보로 이용되고 있다. 이들 유전자를 이용한 식물 분류 체계 확립 및 종간 유연관계 분석을 위한 분자계통학적 연구가 활발히 진행되고 있으며, 식물유전자원의 보존과 이용을 위해서는 정확한 종 구분이 필수적이다. 농업유전자원센터에서 저장하고 있는 *Triticum* 속의 정확한 종동정 및 DB 구축을 통해 수요자에게 정확한 정보를 제공하는 것을 목적으로 본 연구를 수행하였다.

[재료 및 방법]
Triticum 속 16종 104자원을 대상으로 IGR 영역의 DNA 바코드를 적용하였다. Chloroplast genome의 trnfM-trnT와 matK-rps16 부위로 PCR과 시퀀싱을 수행하였고, 유전자 서열들을 비교하기 위해 ClustalW를 이용하였다. 계통발생학적 분석은 IGR 영역의 서열을 이용하여 수행했다.

[결론 및 고찰]
rnfM-trnT, matK-rps16, rnfM-trnT와 matK-rps16를 동시에 적용하여 multiple sequence alignment analysis을 수행한 결과 9개, 2개 13개의 variable region을 확인하였고 Tajima`s test를 수행하여 -0.056455, 0.423338, 0.108157의 값을 각각 얻었다. 특히 rnfM-trnT와 matK-rps16를 동시에 적용하여 consistency index 0.248276, retention index 0.682678, composite index 0.210222의 값을 확인하였다. 이들 마커들의 조합 결과 *Triticum* 속 16종 104자원은 5개의 그룹으로 구분되었다. 향후 *Triticum* 속내 종들의 명확한 구분을 위하여 추가적으로 바코드 마커를 적용할 필요가 있다.

[사사]
본 연구는 농촌진흥청 연구사업(세부과제번호: PJ012580022019)의 지원에 의해 이루어진 결과로 이에 감사드립니다.

*주저자: Tel. 063-238-4881, E-mail. gtcho@korea.ac.kr