구두발표-5

제비꽃종류에서 나타나는 엽록체 DNA 게놈의 특이 유전자 특징

고아름[1], 유기억[2]*

[1]강원대학교 생명과학과 대학원생, [2]교수

The Specific Gene Characteristics of Chloroplast Genome in *Viola*

Ah-reum Go[1] and Ki-Oug Yoo[2]*

[1]Grauate Student and [2]Professor, Department of Biological Sciences, Kangwon National University, Chuncheon 24341, Korea

제비꽃속 34분류군의 61개체를 대상으로 엽록체 DNA 게놈 특이 유전자의 특징을 알아보고자 하였다. 61개체의 엽록체 게놈 전체 길이는 155,535~158,940 bp 로 모두 전형적인 사분할 구조였다. 지역별로는 LSC 지역이 84,826~87,250 bp, SSC 지역이 16,338~18,654 bp, 그리고 IR 지역이 26,029~27,192 bp 였다. 유전자 개수는 131개로 84개 protein coding-gene, 37개 tRNA 유전자, 8개 rRNA유전자, 그리고 2개의 유사유전자인 *ψrps19, ψycf1*으로 구성되어 있었다. LSC/IRa 경계에 위치한 *rps19* 유전자 길이는 279 bp로 모든 분류군에서 동일하였으며, *ψrps19*의 길이는 다양했으나 유전자 개수에는 영향을 미치지 않았다. SSC/IRb 경계에 위치한 *ycf1* 유전자 길이는 약 5,600 bp 였으나, *V. japonica* (MZ151699) 1개체에서는 다른 종에 비해 약 1,000 bp 위치에서 발생한 점돌연변이로 인해 종결 코돈이 나타나는 특징을 보였다. 한편 13분류군의 23개체에서는 *ψycf1*의 길이가 650 bp 정도 짧은 것을 확인하였는데, 이 종류들은 원예종인 *V. tricolor* (ON262802) 이외에는 모두 줄기가 없는 분류군들로 IR 지역의 확장과 SSC 지역의 수축에 의한 것으로 판단된다. *ndhF*는 대체로 SSC 지역에 위치하나, *V. inconspicua* (MZ065354), *V. mongolica* (MW802534, ON548135), *V. yunnanfuensis* (MW802541) 등 4개체에서는 IRa/SSC 경계에 위치하면서 유사유전자가 발생하였고, 그 결과 다른 제비꽃 종류에 비해 유전자 개수가 132개로 차이를 보였다. 또한, *V. collina* (OP271831), *V. mirabilis* (MH256000), *V. tricolor* (ON262802) 등 3분류군에서는 SSC 지역이 inversion 되어 엽록체 이성질체가 존재함을 확인하였다. 이상의 결과를 종합하면, 제비꽃속 엽록체 게놈 61개체의 *ycf1*, *ψycf1*, *ndhF*, *ψndhF* 등은 유전자 길이와 개수 등에 차이를 보이는 것으로 나타났으며, 제비꽃속에서도 엽록체 이성질체가 존재함을 확인할 수 있었다.

[본 연구는 한국연구재단 기본연구지원사업(사업번호: 2022R1F1A10673421222182102130102)의 지원에 의해 이루어진 결과로 이에 감사드립니다.]

*(Corresponding author) yooko@kangwon.ac.kr, Tel: +82-33-250-8531