

녹조류 *Chlamydomonas reinhardtii*의 Simple Sequence Repeat DNA다형현상

강태진*, Marvin Fawley¹⁾, 양덕춘²⁾

충남농촌진흥원 원예과, ¹⁾미국노스다코다주립대학교 식물학과,

²⁾한국인삼연초연구원 유전생리부

Simple sequence repeats(SSR)는 진핵생물체에 널리 산재되어 있으며, 큰 다형현상을 나타내고, polymerase chain reaction(PCR)으로 쉽게 분석된다. 이 연구의 목적은 서로 다른 *Chlamydomonas reinhardtii* 계통간의 다형현상과 *Chlamydomonas*의 SSR 좌위에서의 유전양상을 결정하는데 있었다. *C. reinhardtii*의 genomic DNA library를 만들어 ³²P로 라벨링한 (AC)_n probe를 이용하여 (CA/GT)_n 반복서열을 가지는 clone을 선택하기 위해 screen하였다. 선택된 clone을 sequencing하여 (CA/GT)_n sequence에 인접한 polymerase chain reaction(PCR) primer set를 제조하였다. PCR은 여러 *C. reinhardtii* 계통의 SSR좌위를 증폭하기 위하여 사용하였다. 그 좌위는 몇몇 *C. reinhardtii* 계통에서 다양현상을 보였다. 그러나 그 좌위에서 *C. reinhardtii* 의 6계통중 4계통만 DNA가 PCR증폭을 하였고 2계통을 증폭을 하지 않았다. *C. reinhardtii*와 *C. smithii*의 교배로 생긴 4배체에서 2:2의 분리비를 보여주었는데 이는 단순한 멘델의 유전현상은 *Chlamydomonas*의 개체 식별, 개체군 연구, 연쇄분석, 그리고 유전자 지도 작성을 하는데 유용할 것이다.