A203 등대시호(산형과)에서 ribosomal DNA의 클로닝과 특성분석

김창균*, 최홍근
아주대학교 생명과학전공

본 연구는 산형과(Apiaceae)에 속한 등대시호(Bupleurum euphorbioides)의 rDNA를 클로닝하고 제한지도를 작성하여 rDNA의 특성을 비교 및 분석하기 위하여 수행되었다. 등대시호의 genomic DNA를 HindIII/EcoRI으로 절단하여 생긴 DNA 절편들을 ligation한 후에, 이 DNA 절편들을 circularization하였다. rDNA의 ITS(= internal transcribed spacer)내의 5S 부위에 homologous한 primer를 4개 제작하여 DNA 절편을 증폭시키는 방법(IPCR)을 이용하였다. 증폭된 PCR 생성물을 elution하고 pT7 Blue-3Blunt 벡터(Noagen Co.)에 결합시켰다. 위 pT7 벡터로 competent cell을 형질전환시키고 X-gal/IPTG plate에서 white colony만 택하여 PCR 산물이 클로닝된 플라스미드 벡터로 선별하였다. 이와 같이 얻어진 플라스미드 DNA와 벼의 rDNA (pRR 217) 또는 등대시호의 ITS 부위와 DNA hybridization을 시킴으로서 클로닝된 DNA 절편이 등대시호의 rDNA임을 확인하였다. 또한 등대시호의 rDNA를 여러 가지의 제한효소로 절단하여 제한지도를 작성하고 이의 특성을 비교한다.

A204 *Fallopia*속(마디풀과) 식물의 핵 rDNA의 ITS 염기서열과 계통

원효식*, 박종욱
서울대학교 자연과학대학 생물학과

*Fallopia*속은 분류학적으로 많은 문제점이 누적되어 있는 분류군으로 현재 19종이 포함되어 있다. 본 속 식물은 생육특성, 줄기, 주두, 화서의 형태, 털의 형태 및 분포 양상 등에 의해 *"Fallopia(=Bilderdykia)"* group, *"Parogonum"* group, *"Pleuropterus"* group, 및 *"Reynoutria"* group 등의 종집단으로 구분되나, 주요 식별형질의 종간 변이 및 종집단간의 중복현상으로 인해 본 속 및 이들 종집단의 한계 및 유연관계 해석에 있어 혼란이 나타나고 있다. 따라서 본 연구에서는 본 속 식물의 핵 rDNA의 ITS 염기서열을 분석하여 본 속 종집단의 분류학적 타당성 및 유연관계를 밝히고자 하였다. 본 속 식물은 ITS1의 길이가 191-216 bp, ITS2의 길이가 189-202 bp로 다른 현화식물에 비해 비교적 짧으며, G+C 비율은 ITS1이 68.1-74.5%, ITS2는 72.3-80.4%로 현재까지 조사된 현화식물 중 가장 높은 것으로 밝혀졌다. ITS 염기서열의 분지분석 결과 본 속은 *"Pleuropterus"* group의 *F. multiflora-F. ciliinervis* clade, *"Pleruopterus"* group의 *F. koreana-F. baldschuanica* clade, *"Fallopia"+"Parogonum"* clade, *"Reynoutria"* clade 등 4개의 clade로 구분되었다. 이러한 결과는 본 속의 기존 분류체계와 일부 일치하나, 과거 하나의 절로 인식되어온 *"Pleuropterus"* group은 2개의 분리된 clade로 구분되면서 단일계통분류군을 형성하지 않는 것으로 나타났다. 또한, *"Parogonum"* group의 *F. cilinodis*는 *"Fallopia"* group과 하나의 큰 clade를 형성하였으나, ITS의 길이, G+C 비율, 염기변이율 등에 있어 *"Fallopia"* group을 포함한 본 속의 다른 분류군과 현저한 차이를 나타내었다. 한편, 본 속 식물의 ITS 염기서열은 종 또는 종하위분류군의 한계설정 및 이들간의 유연관계를 밝히는 데 있어서도 매우 유용한 것으로 나타났다.