

고려인삼 신품종 Expressed Sequence Tags(ESTs)로부터 Single Nucleotide Polymorphism (SNP)의 확인

손화, 인준교¹⁾, 이범수¹⁾, 박종산, 양덕춘*
 경희대학교 생명과학대학 한방재료가공학과, ¹⁾(주)바이오피아

Discovery of Single Nucleotide Polymorphism (SNP) from Expressed Sequence Tags(ESTs) in New *Panax ginseng*

Hwa Son, Jun-Gyo In¹⁾, Bum-Soo Lee¹⁾, Jong-San Park, Deok-Chun Yang*
 Oriental Medicinal Material & Processing, College of Life Science, Kyung Hee University, Yongin, 449-701, Korea; ¹⁾BioPia Co., Ltd., Yongin, 449-598, Korea.

ABSTRACT

만병통치의 상약으로 널리 알려지고 있는 인삼은 전통적인 명성과 약효에 자극되어 세계 여러 곳에서 인삼이 활발히 재배되고 있으며 인삼을 상업적으로 재배, 생산하는 나라는 우리나라를 비롯한 중국, 일본, 미국, 캐나다, 유럽 일부 지역이다. 인삼은 보통 4년 1회 종자를 채취하는 것을 원칙으로 하기 때문에 육종기간이 매우 길어 신품종의 육성이 어렵다. 그동안 인삼에서 신품종 천풍, 연풍, 고품이 개발되었으며, 이미 중국과 일본등지에 퍼져있는 상태이고, 조만간에 이런 신품종이 오히려 국내로 밀려올 상황에 있다. 인삼은 보통상태에서는 형태적으로는 구분할 수 있지만 식품첨가물이나 분말의 형태로 유통될 때는 품종을 확인할 수 있는 방법이 거의 없다. 또한 같은 종간의 미세한 구별은 일반 PCR (Polymerase chain reaction)방법으로 안되므로 이러한 문제를 해결하기 위하여 SNP(Single nucleotide polymorphism) 라는 높은 정확도 및 해상도로 계놈의 개체간의 차이를 해독할 수 있는 기술이 필요하다. SNP(single nucleotide polymorphism)의 비교연구는 종간의 진화나 계통연구에 새로운 돌파구를 제시하고 있으며, 또한 SNP는 질병저항성에 대한 다양성의 원인으로 작용한다는 것이 알려져 있다. 이러한 SNP의 유용성을 활용하면 근연관계에 있는 식물체들의 유연관계를 규명할 수 있고 또한 특정한 식물체의 종간 및 품종간의 구별에도 활용할 수 있다. 하지만 이러한 SNP를 찾아내는 것은 결코 쉬운 일은 아니다. 본 연구에서는 고려인삼의 품종들에서 EST(expressed sequence tag)분석을 통하여 대량으로 확보한 cDNA sequence data에 대하여 BioEdit 프로그램을 사용하여 99% 상동성 있는 sequence data만을 수집한 후 그 중에서 SNP로 추정되는 sequence를 NCBI의 Blast 검색을 통하여 인삼 SNP를 탐색한 결과 천풍에서 특이 SNP를 확인 하였다.