

# ITS영역 분석을 이용한 인삼근부병 관련 미생물의 다양성 비교분석

이준원<sup>1</sup>, 조영철<sup>1</sup>, 김선기<sup>1</sup>, 양덕춘<sup>\*</sup>

경희대학교 생명과학대학 한방재료가공학과, <sup>1</sup>경기도 농업기술원 제2농업연구소

## Polymorphism Analysis of Microbes Related Panax Ginseng Root Rot Using the ITS rDNA Regions

**Jun-Won Lee, Young-Cheol Jo<sup>1</sup>, Seon-Ki Kim<sup>1</sup> and Deok-Chun Yang<sup>\*</sup>**

Oriental Medicinal Material & Processing, College of Life Science,  
Kyung Hee University, Yongin, Korea

<sup>1</sup>Gyeonggi Do agricultural Research and Extension services, Yeoncheon, Gyeonggi, Korea

\*E-mail. dcyang@khu.ac.kr

인삼은 여러 가지 효능을 가진 세계적인 약재로서 점차적으로 수요가증가하고 있으며 재배면적도 점차로 증가하고 있다. 그러나 오랫동안 인삼을 재배해온 한국은 경작지의 한계성과 초작지의 고갈이라는 근본적인 문제에 봉착해 국제 경쟁력이 약해져가고 있다. 이러한 문제는 인삼의 재배적인 특성에서 기인하는 문제로, 제작지 및 예정지관리가 잘못된 곳에 인삼을 재배할 경우 각종 연작재해 및 병해가 발생하게 되는데, 이러한 증상들은 수확량을 감소시킬 뿐만 아니라 심지어 조기 폐포로 이어진다. 이것은 인삼이 한번 식재후 4~6년 동안 한곳에서 재배하는 동안 비가림 시설로 인한 토양 순환 억제 및 동일 농약의 반복사용으로 인한 재배 토양중의 미생물의 다양성 및 군집 변화에서 기인하는 피해라고 예상되어진다. 따라서 예정지 선택 및 기작지의 재배지속 여부의 기준 마련을 위한 기초연구로서 건진 인삼뿌리의 토양과 이병인삼뿌리 주변 미생물의 다양성과 군집 비교분석을 수행하였다.

다양성 및 군집분석은 이병과 정상을 각각 4개의 sample을 취하여 sample내의 곰팡이(Fungi)를 동등하게 비교분석하기 위하여 total DNA를 뽑아 primer (ITS1F, ITS4)를 이용하여 곰팡이 ITS영역만을 증폭하였다. 다양성 군집분석을 위한 기법으로 전통적인 cloning 방법을 이용하였으며, 분석된 염기서열은 NCBI gens bank를 이용해 ITS영역 500bp이상, 상동성 98%이상 일치하는 염기서열만 1차로 동정하여 분석하였다. DNA BioEdit를 이용해 Clustering한 후 Mega3.1 프로그램을 이용하여 유연관계분석을 하였다.

분석결과 242개의 염기서열중에 122개의 염기서열을 1차적으로 분리하였다. 122개의 DNA를 분석한결과 24개종의 곰팡이로 분류되었으며, 그 중 정상토양과 뿌리에서는 *Plectosphaerella* sp 가 21개로 가장 많이 분리되었으며, 이병토양에서는 *Sclerotium sclerotiorum* 이 21개로 가장 많이 분류 되었다. 또한 이병인삼의 근면에서는 그동안 주로 oat root에서 주로 발견된 Uncultured Fungus가 13개 분리되었다. 그동안 근부병의 주된 원인균으로 알려진 *Cylindrocarpon* sp.는 정상시료와 이병시료에서 각각 6개와 5개가 분리되었다. 따라서 *Cylindrocarpon* sp.대한 병증을 확인하기 위하여 더 많은 병증별 시료에 대한 다양한 분석이 요구되어지며, 또한 동일 시료로부터의 곰팡이 분리를 계속 시도하여 새로운 병원균일 가능성이 높은 Uncultured Fungus에 대한 연구가 요구되어진다.