

뫼제비꽃(*Viola selkirkii*)의 엽록체 DNA 염기서열 분석

고아름¹, 이윤순¹, 김경아², 천경식³, 유기억^{4*}

¹강원대학교 생명과학과, 대학원생, ⁴교수, ²강원대학교 환경연구소, 연구교수,
³상지대학교 생명과학과, 조교수

The Complete Chloroplast DNA Sequences of *Viola selkirkii*

Ah-Reum Go¹, Yun-Sun Lee¹, Kyung-Ah Kim², Kyeong-Sik Cheon³, Ki-Oug Yoo^{4*}

¹Graduate Student and 4)Professor, Department of Biological Sciences,
Kangwon National University, Chuncheon 24341, Korea

²Research professor, Institute of Environmental Research, Kangwon National University.
Chuncheon 24341, Korea

³Assistant Professor, Department of Biological Science, Sangji University, Wonju 26339, Korea

뫼제비꽃(*Viola selkirkii*)의 엽록체 DNA 염기서열을 차세대염기서열분석법(NGS)을 이용하여 분석하였다. 재료는 강원도 화천군 일산과 제주도 한라산의 2개체를 사용하였다. 분석결과, 염기서열의 길이는 일산의 뫼제비꽃이 156,774 bp (GC content: 36.30%), 한라산의 뫼제비꽃이 157,451 bp(GC content: 36.30%)로 한라산 개체가 길게 분석되었다. 구간별로 LSC(Large single copy)지역은 한라산 개체(85,950 bp)가 일산 개체(85,930 bp)보다 20 bp 길었으며, SSC(Small single copy)지역은 한라산 개체(17,261 bp)보다 일산 개체가 17,982 bp로 길게 분석되었다. IR(Inverted repeat)지역은 한라산 개체가 27,120 bp로 일산 개체(26,431 bp)보다 길게 분석되었다. 이러한 염기서열 길이의 차이는 종내 개체 간 빈번하게 발생하는 현상으로 IGS와 intron 구간에서 확인된 단순반복서열의 일부 누락과 IR지역 내의 수축과 확장에 의한 것으로 판단된다. 뫼제비꽃 2개체의 엽록체 게놈을 구성하는 유전자 수는 총 111개로 동일하였으며, protein coding gene 77개, tRNA(transfer RNA) gene 30개, 그리고 rRNA (ribosomal RNA) gene 4개로 구성되어 있었다. 이는 기 발표된 엽록체 DNA 전체 염기서열이 밝혀진 제비꽃속(*Viola*) 종류들과 동일한 결과이다.

Key words: 제비꽃속, 뫼제비꽃, 일산, 한라산, 엽록체 DNA, NGS, 염기서열

[이 성과는 정부(과학기술정보통신부)의 재원으로 한국연구재단의 지원을 받아 수행된 연구임(No. 2019R1F1A1059552).]

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