

큰줄방제비꽃(*Viola kusanoana*)의 엽록체 염기서열 분석

고아름¹, 유기억^{2*}

강원대학교 생명과학과 ¹대학원생, ²교수

The chloroplast genome sequence of *Viola kusanoana*

Ah-reum Go¹ and Ki-Oug Yoo^{2*}

¹Graduate Student and ²Professor, Department of Biological Sciences, Kangwon National University, Chuncheon 24341, Korea

큰줄방제비꽃(*Viola kusanoana*)의 엽록체 DNA 염기서열을 밝히고자 차세대염기서열분석법(NGS)을 이용하여 분석하였다. 재료는 경상북도 울릉군 나리분지에 자생하는 개체의 잎을 사용하였다. 염기서열 분석결과, 총 길이는 158,644 bp 였고, GC함량은 36.3%로 분석되었다. 구간별로는 LSC (Large single copy)지역이 86,999 bp (GC content: 33.9%)였고 SSC (Small single copy)지역은 17,439 bp (GC content: 29.9%)으로 분석되었으며 IR (Inverted repeats)지역은 27,103 bp (GC content: 42.2%)로 확인되었다. 유전자는 protein coding gene 77개, tRNA gene 30개, rRNA 4개 등 총 111개로 이는 선행 연구된 제비꽃속 8개 분류군과 유전자의 순서와 방향이 모두 일치하였다. 이를 통해 제비꽃속의 엽록체 게놈의 유전자는 상당히 보존되어 있음을 확인하였다.

Key words: *Viola*, *Viola kusanoana*, NGS, 엽록체, genome

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