복숭아 Genomic DNA의 FT-IR 스펙트럼을 이용한 대목 육성용 야생종 복숭아의 다변량통계분석

송승엽 · 남은영 · 윤석규 · 김성종 · 권정현*

국립원예특작과학원 과수과

Multivariate Analysis of Wild Peach Accessions for Rootstock Breeding Using FT-IR Spectroscopy of Genomic DNA Data

Seung-Yeob Song, Eun-Young Nam, Seok-Kyu Yun, Sung-Jong Kim, and Jung-Hyun Kwon*

Fruit Research Division, National Institute of Horticultural & Herbal Science, Rural Development Administration, Wanju 55365, Republic of Korea

Abstract FT-IR spectroscopy, combined with multivariate analysis, was used to determine whether 67 different wild and rootstock peach accessions could be discriminated from each other. Genomic DNA was isolated from leaves, and the purified genomic DNA was analyzed by FT-IR spectroscopy in the spectral region from 1800 to 800 cm^{-1} . FT-IR spectra showed that typical spectral differences existed in the frequency regions of N-H stretching (amide I), C=O stretching vibrations (amide II), and PO_2^- ionized asymmetric and symmetric stretching. Principal component analysis (PCA) was able to discriminate three groups. The partial least squares discriminant analysis (PLS-DA) yielded more clear discrimination among the three groups of peach accessions. The FT-IR spectral differences might be directly related to subtle changes in the base functional group and backbone structures of genomic DNA. This technique could provide a research foundation for FT-IR spectral-based rapid diagnosis, selection, and discrimination of peach accessions for rootstock.

Keywords Wild peach, Rootstock, Principal component analysis (PCA), Partial least square discriminant analysis (PLS-DA), Genomic DNA

Received on October 22, 2019. Revised on October 25, 2019. Accepted on November 26, 2019.

* Corresponding Author (E-mail: kwon1101@korea.kr, Tel: +82-63-238-6734, Fax: +82-63-238-6705)

서 언

복숭아는 장미과, 자두나무속에 속하는 온대 낙엽성 과수로 중국이 원산지이다. 복숭아는 교배 육종, 돌연변이 등으로 많은 품종들이 존재하지만, 자가수분과 반복적인 모본의 사용 등으로 유전적 다양성이 낮은 편이다(Scorza et al. 1985). 복숭아의 유전적 다양성을 분석하기 위해서 형태적, 분자생물학적 방법이 쓰이고 있으며, 화기 모양, 과일 솜털의 유무, 과육색 등 다양한 질적 형질을 통해 복숭아의 형태적 분류가 가능하다(Kwon et al. 2015).

유전적 다양성을 분석할 수 있는 분자생물학적인 방법으로는 Randomly amplified polymorphic DNA (RAPD) (Warburton & Bliss 1996, Casas et al. 1999), Amplified fragment length polymorphism (AFLP) (Hu et al. 2005, Xu et al. 2006), Simple sequence repeats (SSR) (Yoon et al. 2006, Bouhadida et al. 2009, Cheng & Huang 2009), Sequence-related amplified polymorphism (SRAP) (Ahmad et al. 2004)와 같은 다양한 DNA마커들이 있다.

이러한 분자마커를 이용한 분석은 비교적 정확하지만, 정확한 염기서열 정보가 필요하기 때문에 정확하고 빠른 비파괴적인 분석법이 개발될 필요가 있다.

대사체 분석법인 Fourier transform ion cyclotron resonance mass spectrometry (FT-ICR MS)는 유전자 변화를 확인할 수 있는 기술이지만(Mungur et al. 2005), 비용이 높아 일반적으로 잘 사용되지 않는다(Lei et al. 2011). 이에 비해 Fourier transform infrared (FT-IR)은 분자 구조의 화학결합 형태를 확인할 수 있는 기술로 화학, 농업, 제약, 식품 산업 등 다양한 연구 분야에서 널리 사용되고 있는 방법이다.

분자내의 특징적인 화학 작용기의 진동에 따라 FT-IR의 스펙트럼이 다르게 나타나는데, 세포내의 지질, 단백질, 다당류, 그리고 핵산 등의 화학구조를 구체적으로 분석할 수 있다(Lee & Chapman 1986, Naumann et al. 1991). FT-IR을 이용한 분석법은 미생물(Ngo-Thi et al. 2003), 균류(Naumann et al. 2005, Fischer et al. 2006), 박테리아(Preisner et al. 2007, Sundaram et al. 2012)의

식별 연구, 생식 세포질의 대사 평가(Yesudas et al. 2013), 암과 같은 질병 진단(Argov et al. 2002, Malins et al. 2005, Sahu et al. 2008) 등에 다양하게 쓰이고 있다. 또한, 옥수수과 벼(Emura et al. 2006), 차나무(Song et al. 2017) 등의 식물체에서도 FT-IR 을 이용하여 DNA 수준에서의 유전적 차이를 분석한 바 있다.

국립원예특작과학원에서는 복숭아의 유전적 다양성을 확보 하기 위해 국내에 분포하고 있는 야생 복숭아를 수집하였으며, 이러한 계통들은 국내 환경 적응성이 뛰어나기 때문에 대목 육종의 소재로서 활용가치가 높을 것으로 보인다. 본 연구는 genomic DNA의 FT-IR 스펙트럼을 이용하여 야생 복숭아 계통 들의 다양성을 확인하고 유연관계를 분석함으로써 우량한 대목 계통을 선발할 수 있는 식별 시스템을 구축하고자 수행되었다.

재료 및 방법

복숭아 재료 및 DNA 분리

본 연구는 국립원예특작과학원 시험 포장에 재식 되어 있는 53점의 야생 복숭아 계통과 14점의 대목용 복숭아 품종을 이용하 였다(Table 1). 동결 건조된 잎 시료 10 mg을 DNeasy Plant Mini Kit (QIAGEN, Dusseldorf, Germany)를 이용하여 추출하였으며 NanoDrop 2000 (Thermo Scientific, Wilmington, DE, USA)을 이용하여 추출된 DNA의 농도와 순도를 확인하였다. AE buffer 를 이용하여 DNA 최종 농도를 20ng/μl로 조정하였으며 아가 로스 겔 전기영동을 통해 DNA를 확인한 후 -20℃에 보관하여 분석에 사용하였다(Song et al. 2014).

Table 1. List of 67 peach accessions used in this study.

Accession No	Origin	Collected year	Collected location
<i>Rootstock or variety</i>			
BY94p6050 OP2	USA		
BY94p6050 OP4	USA		
Heiligoutao	China		
Heiligoutao (Superior line)	China		
K157306 OP1	Pakistan		
Nemaguard	USA		
<i>P. davidiana</i>	China		
<i>P. ferganensis</i>	USA		
Paloro	USA		
Tukuba No.4	Japan		
Tukuba No.7	Japan		
Tukuba No.10	Japan		
Tzim Pee Tao	China		
Yaebenishidare	Japan		

Table 1. Continued

Accession No	Origin	Collected year	Collected location
<i>Wild peach</i>			
PH006	Korea	1982	Okcheon
PH008	Korea	1982	Hamyang
PH019	Korea	1984	Uiseong
PH020	Korea	1984	Danyang
PH032	Korea	1985	Goseong
PH040	Korea	1985	Seoul
PH046	Korea	1986	Unknown
PH048	Korea	1986	Unknown
PH058	Korea	2000	Jeju
PH062	Korea	2000	Jeju
PH065	Korea	2000	Jeju
PH066	Korea	2000	Jeju
PH067	Korea	2000	Seogwipo
PH068	Korea	2000	Seogwipo
PH069	Korea	2000	Seogwipo
PH070	Korea	2000	Seogwipo
PH078	Korea	2000	Yeongdong
PH079	Korea	2000	Yeongdong
PH080	Korea	2000	Okcheon
PH082	Korea	2000	Okcheon
PH090	Korea	2000	Wonju
PH097	Korea	2000	Inje
PH099	Korea	2000	Yanggu
PH101	Korea	2000	Yanggu
PH105	Korea	2000	Hapcheon
PH106	Korea	2000	Hapcheon
PH107	Korea	2000	Geochang
PH108	Korea	2000	Haman
PH114	Korea	2000	Geoje
PH115	Korea	2000	Geoje
PH118	Korea	2000	Ulsan
PH124	Korea	2000	Gyeongsan
PH128	Korea	2000	Hongcheon
PH132	Korea	2000	Jeongseon
PH142	Korea	2000	Uiseong
PH143	Korea	2000	Yecheon
PH144	Korea	2000	Danyang
PH147	Korea	2000	Sokcho
PH148	Korea	2000	Inje
PH156	Korea	2000	Namhae
PH169	China	2000	Imported seed
PH170	China	2000	Imported seed
PH176	China	2000	Imported seed
PH184	Korea	2001	Wanju
PH185	Korea	2001	Wanju
PH193	Korea	2001	Suncheon
PH197	Korea	2001	Yeosu
PH200	Korea	2001	Geochang
PH201	Korea	2001	Geochang
PH202	Korea	2001	Chungju
PH210	Korea	2001	Uljin
PH710	Korea	1986	Unknown
PH712	Korea	1986	Unknown

Genomic DNA의 FT-IR 스펙트럼 분석

FT-IR 스펙트럼 분석은 Tensor II (Bruker Optics GmbH, Ettlingen, Germany)를 사용하였고, deuterated triglycine sulfate (DTGS) 검출기로 분석하였다. 추출된 genomic DNA 시료 5 μ l를 384-well ZnSe plate에 분주하여, 37°C에서 약 20~30분간 건조하였다. 건조된 ZnSe plate에 Tensor II에 장착된 HTS-XT (Bruker Optics GmbH) 고효율 자동화 장치를 이용하여 스펙트럼을 조사하였다. 각 시료의 스펙트럼은 4 cm^{-1} 간격으로 4,000~400 cm^{-1} 범위에서 총 128회 반복 측정하였고, 측정된 스펙트럼의 평균 스펙트럼을 분석에 사용하였다. 각 시료의 FT-IR 스펙트럼은 통계적 분석을 위해 각각 3반복 측정하였다. FT-IR 스펙트럼 조사 및 데이터 변환에 사용된 프로그램은 Bruker에서 제공하는 OPUS Lab (ver. 7.0, Bruker Optics Inc.)를 사용하였다. IR 스펙트럼은 control plate 스펙트럼(background) 값을 뺀 후 샘플의 스펙트럼을 나타냈다. 다변량통계분석을 위해 기본 FT-IR 스펙트럼을 OPUS software (ver. 7.0)를 사용하여, baseline correction, normalization 그리고 smoothing을 실시하여 전처리 하였다. Python (ver. 2.7)을 통해 전처리 된 스펙트럼을 2차 미분을 하였으며 이를 이용하여 다변량통계분석을 실시하였다(Song et al. 2014).

FT-IR 스펙트럼의 다변량통계분석

다변량통계분석은 전체 스펙트럼에서 1,800-800 cm^{-1} 영역의 FT-IR 스펙트럼 데이터를 이용하여 principal component analysis (PCA), hierarchical clustering analysis (HCA) 그리고 partial least squares discriminant analysis (PLS-DA)을 실시하였다. 2차 미분된 FT-IR 스펙트럼 데이터는 R 통계 분석 프로그램 (ver. 3.1.2, Auckland, New Zealand)을 통해 분석되었다. PCA 및 PLS-DA는 non-linear iterative partial least squares (NIPALS) 알고리즘(Wold 1966)에 따라 R 프로그램(ver. 3.1.2)을 사용하여 분석되었다. PCA 및 PLS-DA에서 얻어진 값을 unweighted pair group method with arithmetic mean analysis (UPGMA)를 사용하여 Euclidean distance를 측정하고 각 시료의 유연관계를 HCA dendrogram으로 나타내었다.

결과 및 고찰

야생 복숭아의 FT-IR 스펙트럼 분석

복숭아 야생 계통과 대목 품종의 genomic DNA로부터 FT-IR 스펙트럼을 확인한 결과, 1,750-1,600, 1,550-1,400, 1,150-950 cm^{-1} 부위에서 특징적인 스펙트럼 변화를 볼 수 있었다(Fig. 1).

핵산의 FT-IR 스펙트럼은 그 구조와 상호작용에 의해 3개의 파장 범위에서 특징적으로 나타난다(Banyay et al. 2003, Gonzalez-Ruiz et al. 2011). 1,750-1,600 cm^{-1} 범위는 DNA의 염기 구조인 C=O, C=N 그리고 C=C 형태와 -NH_2 결합 형태를 나타내며(Brewer et al. 2002, Banyay et al. 2003), 1,550-1,400 cm^{-1} 범위는 퓨린과 피리미딘의 링 구조와 관련되어 있으며(Falk et al. 1963, Liquier et al. 1991, Zhou-Sun et al. 1997), 1,100-950 cm^{-1} 범위는 phosphodiester-deoxyribose backbone 내의 PO_2^- 그룹의 대칭적 또는 비대칭적 구조와 관련되어 있다(Falk et al. 1963, Zhou-Sun et al. 1997). 또한 이러한 3가지 주요 파장 범위에서 스펙트럼의 차이는 DNA구조의 backbone과 sugar pucker 사이의 base pairing, base stacking 그리고 glycosidic bond 회전과 밀접하게 연관되어 있다(Brewer et al. 2002, Gonzalez-Ruiz et al. 2011). 본 실험 결과의 해당 파장에서의 FT-IR 스펙트럼의 특징적 차이는 복숭아 야생 계통 간 genomic DNA의 구조적 차이가 있음을 의미하며, 이는 고유한 genomic DNA 특성에 나타날 수 있다는 것을 의미한다. 이는 대목용 복숭아와 야생 복숭아가 분류가 다르게 나타나도 genomic DNA가 고유한 스펙트럼을 갖고 있기 때문에 유사한 DNA 배열을 확인할 수 있음을 나타낸다. 따라서, FT-IR 스펙트럼 분석은 대목으로 사용되고 있는 복숭아와 유사한 DNA 스펙트럼을 나타내는 야생 복숭아 간의 분류를 통해 복숭아 대목을 선별하는

Fig. 1. Representative FT-IR (Fourier transform infrared) spectral from genomic DNA of wild peach. FT-IR spectral ranges showed quantitative information of N-H stretching (amide I) and C=O stretching vibrations (amide II) (1750-1600 cm^{-1}), purine and pyrimidine ring (1550-1400 cm^{-1}), and PO_2^- ionized asymmetric and symmetric stretching (110-950 cm^{-1}). BlaL: Heiligoutao (Sup), Bla: Heiligoutao, 8Mh: Yaebeishidare, 8Wh: Yaebeishidare (W).

새로운 도구로 적용 할 수 있는 것으로 보인다.

야생 복숭아의 FT-IR 스펙트럼 다변량통계분석

야생 및 대목 복숭아로부터 얻은 FT-IR 데이터를 이용하여 다변량통계 분석을 실시 하였다(Fig. 2). PC 1과 2의 변이량은 각각 94.0%와 4.1%의 설명력을 나타냈고 이는 전체 변이량의 약 98.1%에 해당하였다. PCA 분석을 통해 복숭아 계통이 3개의 그룹으로 나뉘는 것을 확인할 수 있었다. 좌측 그룹에는 Yaebenishidare (8Mh), BY94P6050 OP2 (BY94), BY94P6050 OP4 (BY9p), Nemaguard (Nem), Paloro (Pal), Tzim Pee Tao (TpO)와 Tsukuba No.7 (Zz7)가 분포하였으며, 우측 그룹에는 K157306 OP1 (KO1)가 분포하였다. 또한 하단 그룹에는 Heiligoutao (Bla)와 Heiligoutao (Sup) (BlaL), *P. davidiana* (Pdd)와 *P. ferganensis* (Fer)가 분포하였다. 이렇게 3 그룹으로 나뉘어진 대목 복숭아 그룹을 중심으로 야생 복숭아 계통들이 분포하는 것으로 나타났으며, 이를 통해 야생 복숭아가 복숭아 대목과 유사한 유전적 정보를 갖고 있는 것으로 확인되어 야생 복숭아 계통을 대목용으로 활용이 가능할 것으로 보인다.

PCA를 구분하는 중요한 요인을 확인하기 위해 loading value를 분석하였다. Loading value에서도 1,750-1,600, 1,550-1,400 그리고 1,150-950 cm^{-1} 의 세 범위에서 차이가 나타남을 알 수 있었다(Fig. 2B). 이 결과는 스펙트럼 결과와 마찬가지로 DNA의 염기 구조인 C=O, C=N 그리고 C=C 형태와 -NH₂ 결합 형태, 퓨린과 피리미딘 모델, 그리고 phosphodiester-deoxyribose backbone내에서 PO₂ 그룹의 대칭 또는 비대칭 구조가 품종 간 분류에 중요하게 작용함을 알 수 있었다.

PLS-DA score plot는 PCA 분석 보다 더욱 분명한 그룹 식별이 가능하였다(Fig. 3). PCA결과와 동일하게 Yaebenishidare (8Mh), BY94P6050 OP2 (BY94), BY94P6050 OP4 (BY9p), Paloro (Pal), Nemaguard (Nem), Tzim Pee Tao (TpO)와 Tsukuba No.7 (Zz7)이 함께 좌측 그룹에 분포하였고, K157306 OP1 (KO1)이 우측 그룹에 분포하였다. 하단 그룹에는 Heiligoutao (Bla)와 Heiligoutao (Sup) (BlaL), *P. davidiana* (Pdd)와 *P. ferganensis* (Fer)이 분포하였다(Fig. 3). 이 결과를 통해 대목 품종과 야생 복숭아 사이의 유전적 유사성을 판별할 수 있고, 추후 우수한 복숭아 대목 육성에 이용될 수 있을 것이다.

야생 복숭아의 유연 관계 분석

FT-IR 스펙트럼 데이터의 PCA로부터 얻은 HCA dendrogram은 Fig. 4와 같다. Paloro, Nemaguard, Tsukuba No.7, Yaebenishidare,

Fig. 2. PCA (principal component analysis) scores (A) and loading values plot (B) of PCA scores from FT-IR (Fourier transform infrared) data of wild peach.

Fig. 3. PLS-DA (partial least square discriminant analysis) score plot of FT-IR (Fourier transform infrared) data from wild peach.

Fig. 4. HCA (hierarchical clustering analysis) dendrograms from PCA (principal component analysis) of wild peach.

Fig. 5. HCA (hierarchical clustering analysis) dendrograms from PLS-DA (partial least square discriminant analysis) of wild peach.

BY94P6050 OP2, BY94P6050 OP4와 Tzim Pee Tao가 그룹을 형성하였고, Nemaguard, Tsukuba No.7, BY94P6050 OP4와 Yaebenishidare, BY94P6050 OP2와 Tzim Pee Tao의 유연관계가 각각 높은 것으로 나타났다. Heiligoutao와 Heiligoutao (Sup), Yaebenishidare, *P. davidiana* 그리고 *P. Ferganensis*이 그룹을 형성하였으며, Heiligoutao와 Heiligoutao (Sup)의 유연관계가 높은 것으로 나타났다. 또한, K157306 OP1 (KO1)이 그룹을 형성하였다. PLS-DA에서 얻은 HCA dendrogram에 의하면(Fig. 5), BY94P6050 OP4와 Yaebenishidare, Nemaguard와 Tsukuba No.7는 PCA결과와 마찬가지로 유연관계가 높았지만, BY94P6050 OP2와 Tzim Pee Tao는 다른 결과를 나타냈다. Heiligoutao와 Heiligoutao (Sup)는 동일한 유연관계를 나타냈다. 이상의 결과들을 통해 HCA dendrogram에서 대목 복숭아의 유전적 유사성을 확인 할 수 있었다.

기존 보고에서는 대목 복숭아와 야생 복숭아의 유전적 유사도가 0.370-0.978로 나타났고, 수집 지역에 따른 유전적 다양성이 낮은 것으로 확인되었다(Cho et al. 2012). FT-IR 스펙트럼 분석을 이용하여 genomic DNA 수준에서 야생 복숭아와 대목 복숭아 간의 유전적 유사성을 확인한 본 연구를 통하여, 대목 복숭아 품종과 유사한 야생 복숭아 계통을 선택할 수 있어서 빠르고 정확한 복숭아 대목 계통 선발에 이용될 수 있을 것이다.

적 요

복숭아 대목 14품종과 야생 복숭아 53계통의 genomic DNA를 이용하여 FT-IR 스펙트럼을 분석하고 다변량통계분석을 수행하였다. 핵산의 구조적 차이를 확인할 수 있는 세개의 주요 파장 범위($1,750-1,600\text{ cm}^{-1}$, $1,550-1,400\text{ cm}^{-1}$, $1,100-950\text{ cm}^{-1}$)에서 FT-IR 스펙트럼의 차이를 확인할 수 있었다. 이를 통해 야생 및 대목 복숭아의 DNA의 구조적 차이 및 유전정보의 차이가 있음을 알 수 있었다. 주성분분석(PCA)과 부분최소제곱분류법(PLS-DA)을 통해 대목 품종들이 세개의 그룹으로 분류되는 것을 확인하였고, 야생 복숭아 계통도 유사한 패턴으로 분포하였다. 이러한 결과는 복숭아 대목 육종 과정에서 우수 대목 계통 선발 시 유용하게 적용될 것으로 판단된다.

사 사

본 연구는 농촌진흥청 연구사업(세부과제번호: PJ01272501)의 지원에 의해 수행하였습니다.

REFERENCES

- Ahmad R, Potter D, Southwick SM. 2004. Genotyping of peach and nectarine cultivars with SSR and SRAP molecular markers. J Am Soc Hort Sci 129: 204-210.
- Argov S, Ramesh J, Salman A, Sinelnikov I, Goldstein J, Guterman H, Mordechai S. 2002. Diagnostic potential of Fourier transform infrared microspectroscopy and advanced computational methods in colon cancer patients. J Biomed Opt 7: 248-254.
- Banyay M, Sarkar M, Graslund A. 2003. A library of IR bands of nucleic acids in solution. Biophys Chem 104: 477-488.
- Brewer SH, Anthireya SJ, Lappi SE, Drapcho DL, Franzen S. 2002. Detection of DNA hybridization on gold surfaces by polarization modulation infrared reflection absorption spectroscopy. Langmuir 18: 4460-4464.
- Bouhadida M, Casas AM, Gonzalo MJ, Arús P, Moreno MA, Gogorcena Y. 2009. Molecular characterization and genetic diversity of Prunus rootstocks. Sci Hortic 120: 237-245.
- Casas AM, Igartua E, Balaguer G, Moreno MA. 1999. Genetic diversity of Prunus rootstocks analyzed by RAPD markers. Euphytica 110: 139-149.
- Cheng Z, Huang H. 2009. SSR fingerprinting Chinese peach cultivars and landraces (*Prunus persica*) and analysis of their genetic relationships. Sci Hortic 120: 188-193.
- Cho KH, Nam EY, Bae KM, Shin IS, Kim SH, Kim HR, Chung KH. 2012. Analysis of genetic diversity among wild peach germplasm using DNA markers. Korean J Breed Sci 44: 588-596.
- Emura K, Yamanaka S, Isoda H, Watanabe KN. 2006. Estimation for different genotypes of plants based on DNA analysis using near-infrared (NIR) and Fourier-transform infrared (FT-IR) spectroscopy. Breed Sci 56: 399-403.
- Falk M, Hartman KA, Lord RC. 1963. Hydration of deoxyribonucleic acid. III. A spectroscopic study of the effect of hydration on the structure of deoxyribonucleic acid. J Am Chem Soc 85: 391-394.
- Fischer G, Braun S, Thissen R, Dott W. 2006. FT-IR spectroscopy as a tool for rapid identification and intra-species characterization of airborne filamentous fungi. J Microbiol Methods 64: 63-77.
- Gonzalez-Ruiz V, Olives AI, Martin MA, Ribelles P, Ramos MT, Menendez JC. 2011. An overview of analytical techniques employed to evidence drug-DNA interactions. Applications

- to the design of genosensors. pp. 65-90. In: Komorowska MA, Olsztynska-Janus S (Eds.) Biomedical engineering, trends, research and technologies. In Tech, Rijeka, Croatia.
13. Hu D, Zhang Z, Zhang D, Zhang Q, Li J. 2005. Genetic relationship of ornamental peach determined using AFLP markers. Hort Sci 40: 1782-1786.
14. Kwon JH, Jun JH, Nam EY, Chung KH, Hong SS, Yoon IK, Yun SK, Kwack YB. Profiling diversity and comparison of Eastern and Western cultivars of *Prunus persica* based on phenotypic traits. Euphytica 206: 401-415.
15. Lee D, Chapman D. 1986. Infrared spectroscopic studies of biomembranes and model membranes. Biosci Rep 6: 235-256.
16. Lei Z, Huhman DV, Sumner LW. 2011. Mass spectrometry strategies in metabolomics. J Biol Chem 286: 25435-25442.
17. Liquier J, Coffinier P, Firon M, Taillandier E. 1991. Triple helical polynucleotidic structures: Sugar conformations determined by FT-IR spectroscopy. J Biomol Struct Dyn 9: 437-445.
18. Malins DC, Gilman NK, Green VM, Wheeler TM, Barker EA, Anderson KM. 2005. A cancer DNA phenotype in healthy prostates, conserved in tumors and adjacent normal cells, implies a relationship to carcinogenesis. Proc Natl Acad Sci 102: 19093-19096.
19. Mungur R, Glass ADM, Goodenow DB, Lightfoot DA. 2005. Metabolite fingerprinting in transgenic nicotiana tabacum altered by the escherichia coli glutamate dehydrogenase gene. J Biomed Biotechnol 2005: 198-214.
20. Naumann D, Helm D, Labischinski H. 1991. Microbiological characterizations by FT-IR spectroscopy. Nature 351: 81-82.
21. Naumann A, Navarro-Gonzalez M, Peddireddi S, Kues U, Polle A. 2005. Fourier transform infrared microscopy and imaging: detection of fungi in wood. Fungal Genet Biol 42: 829-835.
22. Ngo-Thi NA, Kirschner C, Naumann D. 2003. Characterization and identification of microorganisms by FT-IR micro-spectrometry. J Mol Struct 661-662: 371-380.
23. Preisner O, Lopes JA, Guiomar R, MacHado J, Menezes JC. 2007. Fourier transform infrared (FT-IR) spectroscopy in bacteriology: towards a reference method for bacteria discrimination. Anal Bioanal Chem 387: 1739-1748.
24. Sahu RK, Mordechai S, Manor E. 2008. Nucleic acids absorbance in mid IR and its effect on diagnostic variates during cell division: a case study with lymphoblastic cells. Biopolymers 89: 993-1001.
25. Scorza R, Mehlenbacher SA, Lightner GW. 1985. Inbreeding and coancestry of freestone peach cultivars of the eastern United States and implications for peach germplasm improvement. J Am Soc Hort Sci 110: 547-552.
26. Song SY, Jie EY, Ahn MS, Lee IH, Nou IS, Min BW, Kim SW. 2014. Fourier transform infrared (FT-IR) spectroscopy of genomic DNA to discriminate F1 progenies from their paternal lineage of chinese cabbage (*Brassica rapa* subsp. *pekinensis*). Mol Breeding 33: 453-464.
27. Song SY, Kim CH, Joung YB, Lim CK, Seong KC, Song KJ, Moon DG. 2017. Genomic DNA data of FT-IR spectroscopy using discriminate from different species in tea trees. J Kor Tea Soc 23: 45-51.
28. Sundaram J, Park B, Hinton A, Yoon SC, Lawrence KC. 2012. Identification and characterization of Salmonella serotypes using DNA spectral characteristics by Fourier transform infrared (FT-IR) spectroscopy. Proc SPIE-The International Society for Optical Engineering. Baltimore, USA.
29. Warburton ML, Bliss FA. 1996. Genetic diversity in peach (*Prunus persica* L. Batch) revealed by randomly amplified polymorphic DNA (RAPD) markers and compared to inbreeding coefficients. J Am Soc Hort Sci 121: 1012-1019.
30. Wold H. 1966. Estimation of principal components and related models by iterative least squares. pp. 391-420. In: Krishnaiah KR (ed.). Multivariate Analysis. Academic Press, New York, USA.
31. Xu DH, Wahyuni S, Sato Y, Yamaguchi M, Tsunematsu H, Ban T. 2006. Genetic diversity and genetic relationships of Japanese peach (*Prunus persica* L.) cultivars revealed by AFLP and pedigree tracing. Genet Resour Crop Evol 53: 883-889.
32. Yesudas CR, Bashir R, Geisler MB, Lightfoot DA. 2013. Identification of germplasm with stacked QTL underlying seed traits in an inbred soybean population from cultivars essex and forrest. Mol Breeding 31: 693-703.
33. Yoon JH, Liu DC, Song WS, Liu WS, Zhang AM, Li SH. 2006. Genetic diversity and ecogeographical phylogenetic relationships among peach and nectarine cultivars based on simple sequence repeat (SSR) markers. J Am Soc Hort Sci 131: 513-521.
34. Zhou-Sun B, Sun J, Gryaznov SM, Liquier J, Garestier T, Helene C, Taillandier E. 1997. A physico-chemical study of triple helix formation by an oligodeoxythymidylate with N34'-P5' phosphoramidate linkages. Nucl Acids Res 25: 1782-1787.