

SL801

DNA 마커를 이용한 콩 분자유전육종

이 석 하
서울대학교 식물생산과학부

최근 DNA 마커 개발과 함께 분자유전자지도 작성이 활발하게 진행되고, 작물의 신품종 개발에 널리 이용되고 있다. 만주 및 한반도 일대가 원산지이고 지방 및 단백질의 주요 공급원인 콩에서도 분자유전자 지도를 이용한 질적 및 양적 형질 개량이 되고 있다. 국내에서 최근 여러 유용한 농업 형질 가운데, 콩 식품가공적성 및 내병성 향상에 대한 연구가 집중되고 있다. 나물용 및 두부용 콩 품종 개량을 위한 DNA 마커에 의한 양적형질 유전자좌(quantitative trait loci: QTL) 탐색이 푸른콩 x 진품콩 2호 집단에서 시도되었으며, 나물콩 수율에 밀접하게 관련된 마커는 연관군(LG) B1 과 LG G에 있었으며 이는 기존에 보고된 종자의 무게와 관련된 QTL로 알려져 있어, 과거 나물용 콩의 경우 소립 종자가 유리하다는 경험적 사실을 입증하였다. 한편 콩 종실의 단백질 함량을 높이기 위한 마커 탐색이 이루어졌는데, 우리나라에서 육성된 고단백 품종인 단백질콩과 미국 남부 지역의 장려 품종인 Benning과의 교배조합에서 탐색한 결과, LG I에 있는 Satt354 마커 부근에 밀접하게 연관되어 있는 단일 유전자의 도입에 의하여 종실의 단백질 함량을 약 3% 증가시킬 수 있는 QTL을 발견하였다. Multiple regression analysis에 의한 결과 이 QTL의 R²-value가 48.4%로서 주동유전자임을 알 수 있었으며, 향후 이 QTL은 두부용 혹은 두유용 콩 개발을 위한 marker-assisted selection에 이용될 것이다. 한편 국내에서 최근 불마름병 발생의 증가로 콩 수량 감소가 계속되고 있는데 수원 157호와 단백질콩의 교배집단을 대상으로 여섯종의 불마름병원균에 대한 저항성 반응은 온실에서 검정하였으며, 포장상태에서 세

종류의 병원균을 혼합하여 인위 접종한 결과, LG D2에 있는 주동 유전자에 의하여 지배되고 있음을 구명하고, 현재 우리나라에서 재배되고 있는 품종과 도입종 등이 유전자 부근의 DNA 변이를 조사하고 있다. 최근 신팔달콩 2호로부터 EMS 돌연변이에 의하여 국내에서 육성된 다량 뿌리혹 형성 콩 계통 SS2-2에 대한 유전 분석 결과 미국과 호주에서 개발된 초다 뿌리혹 형성 유전자와 동일한 것으로 LG H에 위치하여 있었다. 이 유전자좌에는 여러 개의 다른 대립인자가 있어 뿌리혹 형성 정도를 다르게 하는 것으로 생각되며, 향후 이 계통은 질소비료 절감 등을 통한 생산비 절감 및 친환경 생산을 위한 유전자원으로 이용될 것이다. 한편, 생물체의 게놈구조가 구명됨에 따라서 염기의 개체변이에 대한 연구가 집중적으로 이루어져 왔는데 특히 단일 염기 변이(single nucleotide polymorphism: SNP)가 대표적인 변이이다. SNP는 single base change에 의한 restriction fragment length polymorphism (RFLP) 뿐만 아니라, 제한효소에 의하여 감지될 수 없는 point mutation을 포함하기 때문에 생물체의 게놈에서 SNP의 출현율은 매우 방대하다. 우리나라 및 태국 콩품종과 야생콩의 특정부위의 염기서열 분석 결과, SNP 출현율은 비교적 높아서 향후 상기 유전자지도 집단의 세밀화과정을 통하여, 콩 육종 분야에서 다른 DNA 마커와 마찬가지로 QTL 탐색 및 유전적 마커로서 이용이 가능하게 하고 있다. 콩 육종시 marker-assisted selection 과정에 제한 요인이 되고 있는 DNA 분석 기술을 차세대 마커로 알려진 SNP 등 향상시키기 위한 방법을 최근의 연구에 대하여 이야기 하고자 한다.

SL802

RNA Duplex-mediated Temporal Down-regulation of *lin-14* in *Caenorhabditis elegans*

Ilho Ha* and Gary Ruvkun

Department of Molecular Biology,
Massachusetts General Hospital, Harvard
Medical School, Boston 02114, U.S.A.

*Present address: ARS Network Center, SKKU,
Suwon 440-746, Korea

Caenorhabditis elegans is one of the ideal organisms to study the heterochronic genes. A heterochronic gene in *C. elegans*, *lin-14*, generates a temporal gradient of the LIN-14 proteins to control stage-specific patterns of cell lineage during development. Down-regulation of LIN-14 is mediated by the *lin-14* 3' untranslated region (UTR), which bears seven sites that are complementary to the regulatory *lin-4* RNA. We found molecular and genetic evidence that RNA duplexes between the *lin-4* and *lin-14* RNAs form *in vivo* and are necessary for LIN-14 temporal gradient generation. Four of the seven *lin-4/lin-14* RNA duplexes are predicted to bulge a *lin-4* C residue, and three sites are predicted to form nonbulged RNA duplexes. Reporter genes bearing multimerized bulged C *lin-4* binding sites show almost wild-type temporal gradient formation, whereas those bearing multimerized nonbulged *lin-4* binding sites do not form a temporal gradient. Interestingly, *lin-4* RNA binds *in vitro* to nonbulged *lin-14* RNA more avidly than to the bulged *lin-14* RNA. This suggests that a specific secondary structure of *lin-4/lin-14* RNA duplex that may be recognized by an accessory protein, rather than an RNA duplex *per se*, is required *in vivo* for the generation of the LIN-14 temporal gradient. We are currently searching for the factors interacting with the RNA duplex.

SL803

Mitochondrial DNA Mutation Analysis Using Paraffin-embedded Muscle Tissues

Sang Ho Kim

Department of Biology, Taegu University,
Kyungsan 712-714

A variety of mitochondrial DNA (mtDNA) defects, ranging from point mutations and large-scale deletions to severe reduction in the overall quantity of mtDNA (mtDNA depletion), may be associated with human mitochondrial diseases. More than 50 pathogenic point mutations and a myriad of rearrangements (deletions, duplications, or both together) have been described over the past 12 years, after the first pathogenic mtDNA mutation was reported to be associated with human disease in 1988. In this disorder, the population of wild-type and mutant-type mtDNA molecules coexists, a situation known as "heteroplasmy". The exquisite sensitivity of PCR has afforded molecular studies of fixed paraffin-embedded tissue specimens, which comprise most archival clinical material. Detailed genetic studies are now becoming feasible using these archival materials. We extracted DNA from these paraffin blocks from MELAS and KSS patients and PCR was carried out to analyze the mtDNA mutations (point mutation in MELAS and large-scale deletion in KSS). We did PCR-RFLP (HpaII digestion) on MELAS which is an A → G transition at position 3243 in tRNA-Leu (UUR) gene and could find the heteroplasmic nature of this MELAS mutation. In the case of KSS patients,