

P73. SNP 및 SSR 마커에 의한 원연 콩의 분류

Tanya Patcharin², Peerasak Srinives², 하보근¹, 배정숙¹, 이석하¹

¹서울대학교 농업생명과학대학, ²Kasetsart Univ.

Evaluation of Genetic Relationship among Soybean genotypes from diverse genetic bases

T. Patcharin², P. Srinives², B.K.Ha¹, J.S.Bae¹, S.H.Lee¹

¹Division of Plant Science, Seoul National Univ., Suwon

²Kasetsart Univ., Thailand

실험목적

원연관계에 있는 태국콩, 한국콩, 야생콩간에 SSR과 SNP마커를 이용하여 유전적 거리를 분석, 비교하고자 실시하였다.

재료 및 방법

1. 공시품종 : 한국 5품종, 태국 8품종, 야생종 3품종
2. SSR 분석 : Soybean SSR primer 20개 이용
Genotyper 2.0에 의한 PCR products 분석
3. SNP 분석 : 콩에서 4쌍의 primer 제작 이용
PCR fragment를 pT-Adv vector에 클로닝하고 ABI377를 이용하여
염기서열을 분석함
4. Cluster분석 : UPGMA에 의한 dendrogram

결과 및 고찰

1. 공시된 16 품종에 대한 SSR 다양성 분석에 의하면, 20 SSR마커에 대하여 20 loci가 나타났으며, SNP 분석에서는 1412 염기서열중에서 263 loci의 다양성을 보이고 있는 것으로 나타났다.
2. 단일염기서열의 변이에 의한 다양성 분석 결과와 SSR마커를 이용한 유전적인 유사도 분석결과를 종합한 결과 그림 1에서와 같은 품종간 유전적 거리를 보였으며, 이때 클러스터 되는 유형들은 재배되는 지역과는 관계없이 임의적으로 clustering dendrogram이 형성되었으며, 이는 SNP가 SSR보다 상대적으로 많은 loci가 고려되어 나온 결과로 추정됨.

Table 1. Primers selected from consensus sequence regions on disease resistance protein homolog genes were used SNP detection.

Primer code	Forward primer(5' → 3')	Reverse primer(5' → 3')
SRGA5	TGCTAGAAAAGTCTATGAAG	TCAATCATTCTTTGCACAA
SRGA6	AGCCAAAGCCATCTACAGT	AACTACATTCTTTGCAAGT
SRGA7	AGTTTATAATTCCATTGCT	CCGAAGCATAAGTTGCTG
SRGA8	AGCGAGAGTTGTATTTAAG	AGCCACTTTTGACAAGTGC

Table 2. Result of SSR analyses and SNP sequence data

Marker	No. of markers/primers	No. of loci	No. of Polymorphic loci
SNP	4	1412	263
SSR	20	20	20

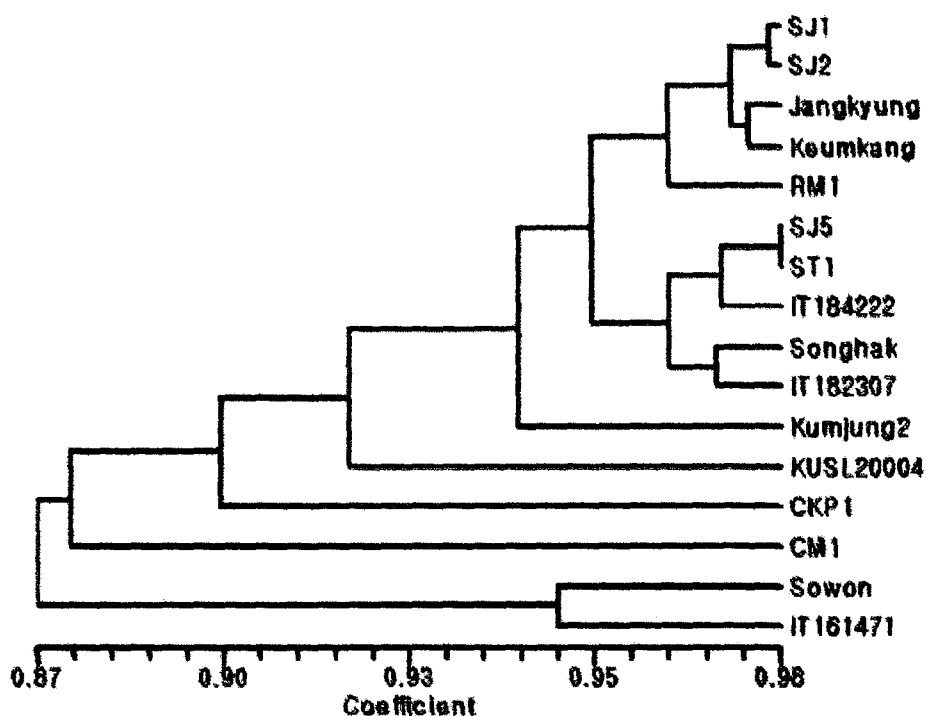


Fig 1. Dendrogram on cluster analysis of genetic similarity estimates for 16 soybean genotypes.