

SSR 마커 set을 이용한 국내 재래종 매실의 유연관계 분석 및 판별

공주대학교 : 박재완, 라원희, 권순욱, 박용진*

Discrimination and relationship annalysis of Korean native *Prunus Mume* using SSR markers set

College of Industrial Sciences, Kongju National University

Jae-Wan Park, Won-Hee Ra, Soon-Wook Kwon, and Yong-Jin Park*

실험목적 (Objectives)

본 연구는 우리나라에서 수집된 지역 재래 매실유전자원에 대한 유전적 다양성, 유연관계 및 집단의 구조 분석을 통하여 향후 육종을 위한 소재로 활용할 수 있는 기초 정보를 제공하고자 한다.

재료 및 방법 (Materials and Methods)

○ 실험재료

공주대학교 보존유전체 생명공학실험실에서 수집하여 보유중인 국내재래종 매실 중 선발된 총 69점을 본 실험에 사용 하였고, SSR 분석은 공주대학교 보존유전체 생명공학 실험실에서 디자인한 15쌍의 primer를 사용하였다.

○ 실험방법

국내 재래종 매실 69점에 15개의 SSR 마커를 이용하여 한국 재래종 매실에 대한 품종판별을 실행 하였고, 최소한의 마커set을 이용한 매실의 품종 판별을 위하여 15개의 마커 중, allele 수, GeneDiversity의 값 그리고 PIC값이 가장 높은 마커를 선발하여 UPGMA tree를 작성하여 1차적으로 품종 판별 분석을 실행 하였으며 구분되지 않은 품종들은 이들을 구분지어 줄 수 있는 특정 allele을 가지고 있는 마커를 단계별로 추가하여 매실 품종을 판별하였다.

실험결과 (Results)

매실 69종의 다양성 분석을 위해 선발된 15개의 SSR 마커의 분석결과로 관찰된 allele수, GD값과 PIC값을 기준으로 값이 가장 높게 나온 KUPM-170 마커를 포함하여 선발된 7개의 마커를 KUMP-170, KUMP-161, KUMP-63, KUMP-143, KUMP-104, KUMP-47, KUMP-34의 순서로 마커를 추가하여 총 7step에 걸쳐 매실 69종의 유연관계를 분석한 결과 step1에서는 69개의 품종 중 9점을 판별 하였고, step2에서는 25점이 판별 되었으며, step3에서는 18 점이 판별 되었다. 이후 step4, 5, 6에서 각각 5, 4, 6점이 판별 되었고, step7에서 2개 품종의 판별을 끝으로 69품종을 모두 판별하였다.

주저자 연락처 : 박용진 E-mail : yjpark@kongju.ac.kr Tel : 041-330-1201

Table 1. Characterization of 15 SSR in Korean native *Prunus mume*.

Primer name	Size range (bp)	M _{AF}	N _A	Gene Diversity	H _o	PIC
KUPM-004	212-250	0.333	11	0.744	0.561	0.704
KUPM-034	120-270	0.427	6	0.621	0.835	0.543
KUPM-041	208-230	0.585	8	0.615	0.121	0.586
KUPM-047	251-273	0.724	6	0.452	0.430	0.428
KUPM-063	206-236	0.365	8	0.745	0.342	0.705
KUPM-079	169-175	0.630	2	0.466	0.450	0.357
KUPM-087	185-197	0.602	3	0.484	0.718	0.374
KUPM-107	270-320	0.661	9	0.531	0.405	0.503
KUPM-112	310-325	0.898	6	0.189	0.175	0.183
KUPM-143	199-225	0.521	7	0.640	0.527	0.590
KUPM-150	201-207	0.869	3	0.235	0.164	0.222
KUPM-161	281-321	0.297	10	0.804	0.680	0.778
KUPM-169	277-310	0.456	6	0.649	0.549	0.583
KUPM-170	224-280	0.188	14	0.866	0.44	0.852
KUPM-181	221-279	0.630	8	0.578	0.507	0.558
Mean	-	0.5463	6.08	0.5751	0.4116	0.5315

N_A : Number of alleles, M_{AF} : Major allele frequency, H_o : Observed heterozygosity, PIC : polymorphic information content

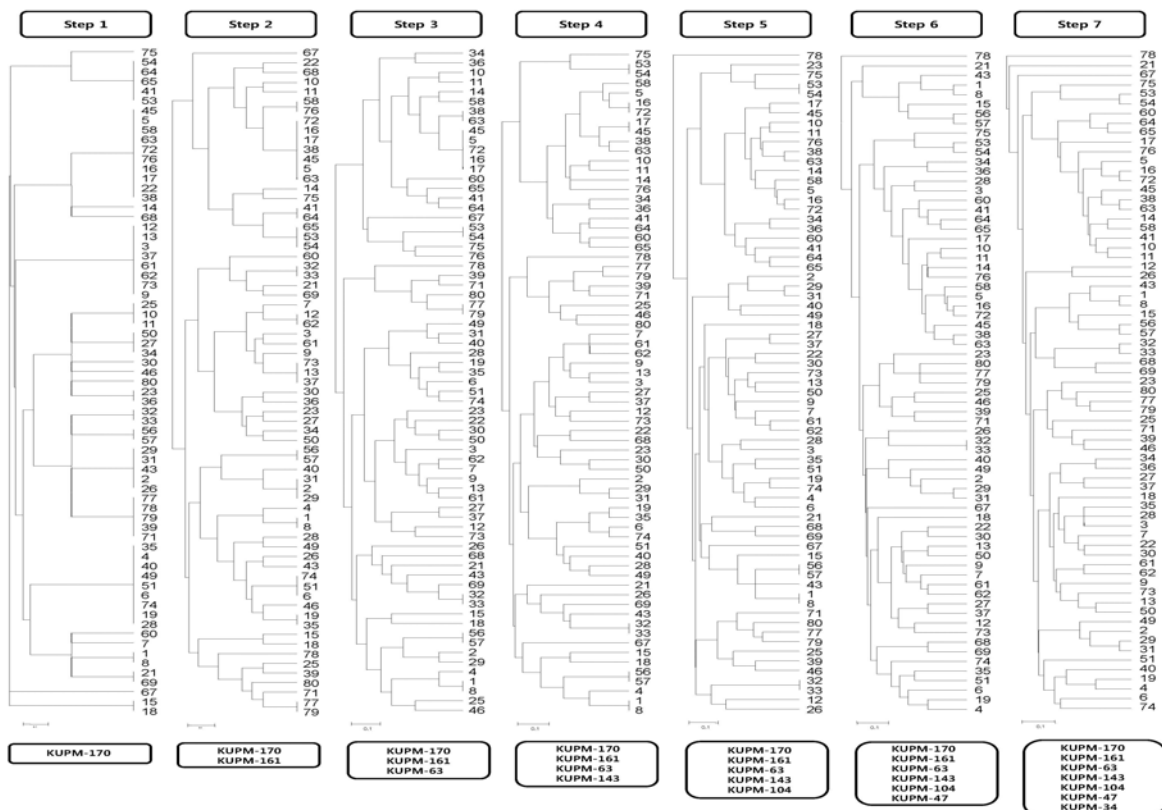


Fig. 2 Digrammatic display of cultivar discrimination by phylogenetic trees using 69 Korean native *Prunus mume* at each step by seven SSR marker.