

조속·내탈립 콩 품종개발을 위한 연관 SNP 발굴

김경혜¹, 김경륜¹, 김은실¹, 고희민¹, 이주석², 강성택^{1*}

¹충청남도 천안시 단대로 119 단국대학교 생명자원과학대학 식량생명공학과

²충북 청주시 연구단지로 30 한국생명공학연구원 바이오평가센터

[서론]

최근 콩의 작부체계 다양화를 위해 여러 일장환경에 적응하는 품종개발에 대한 요구가 증가하고 있다. 그러나 국내조속종 콩은 대부분 탈립성이 강해 재배에 어려움이 있으면 육종과정에서 저항성 계통을 선발하기 위해서는 번거로운 특성검정 과정이 필요하므로 육종과정에서 초기세대에 선발에 제약이 있다. 따라서 본 연구에서는 내탈립 조속 콩 품종개발에 활용 가능한 분자마커를 개발하고 이를 활용하기 위한 연구를 수행하였다.

[재료 및 방법]

본 실험에서는 극조속종인 큰올콩과 중생종인 실팔달콩 후대 F8:12세대(115계통)를 활용하여 탈립성 및 조속성 연관 분자마커를 개발하였다. 개화기 및 탈립성검정은 2001년 밀양, 2006년 천안 에서 실시하였고, 계통에 대한 SNP Genotyping은 Axiom®180K SoyaSNP array를 이용하였으며 유전자 지도 작성은 Join mapping을 이용하였다. QTL 분석은 MapQTL6를 이용하였고 후보유전자 탐색은 Soybase Jbrowse (Wm82.a2.v1)를 이용하였다. 후보유전자의 변이를 확인하고자 큰올콩과 Williams82 외 국내 재래종을 Sanger 방법을 이용하여 후보유전자를 sequencing하고 염기서열 변이를 확인하였다.

[결과 및 고찰]

본 연구에서는 콩에서 탈립성 및 조속 연관 주요유전자를 탐색하고, 이를 통하여 연관 단일염기다형성(Single Nucleotide Polymorphism, SNP)을 개발기 위해 수행하였다. 중속이며 내탈립성인 실팔달콩과 조속이며 탈립에 대하여 감수성인 큰올콩을 인공교배하여 만들어진 F8:12 재조합근교계통(Recombinant Inbred Line, RIL)집단을 2001년 밀양과 2015년 천안에서 개화기 및 탈립성 표현형 조사를 하였고, 166,279개의 SNP marker로 구성된 180K Axiom® SoyaSNP이용하여 지도의 총 거리는 약 3.313 cM, marker간 평균거리가 0.51 cM인 고밀도 유전자 지도를 작성하였다. 양적 형질 유전자좌(Quantitative Trait Loci, QTL) 분석을 통해 QTL이 16번 chromosome에서 LOD 값이 22.7로 높은 비율의 표현형 변이를 설명하는 콩의 탈립성 연관 QTL을 발견하였고, 10번 염색체에서 LOD 값은 5.12이고 PVE는 18.5%인 개화기 연관 QTL을 확인하였다. 이후 RIL 계통을 이용한 association을 통해 연관 QTL의 범위를 좁히고, Soybase의 콩 물리지도에 근거하여 각 형질별로 후보유전자를 확인하여 개화기 7개, 탈립성 3개의 후보유전자를 확인하였다. 확인된 후보유전자중 유전자가 관여하는지 확인하기 위하여 각 유전자의 exon부분만을 타겟으로 하여 염기서열을 확인한 결과 탈립성은 11개의 SNP, 개화기는 4개의 SNP를 선발하였다. 최종적으로 선발된 SNP중 아미노산변화가 있는 SNP에 대해 국내 품종을 활용하여 표현형과 유전형이 완벽하게 일치하는 SNP를 형질별로 최종 선발하였다. 본 연구결과 얻어진 콩 탈립성 및 조속성 연관 주요유전자 및 marker를 금후 탈립성 조속종 콩 품종 개발에 효과적으로 활용될 수 있을 것이다.

*주저자: Tel. 041-550-3624, E-mail. kangst@dankook.ac.kr