

## 콩 전장 유전체 기반 Indel 마커를 활용한 여교배 계통의 유전적 회복도 분석

서민정<sup>1\*</sup>, 박명렬<sup>1</sup>, 윤홍태<sup>1</sup>, 황태영<sup>2</sup>, 김윤희<sup>3</sup>, 박향미<sup>1</sup>

<sup>1</sup>경기도 수원시 권선구 수인로 126 농촌진흥청 국립식량과학원 중부작물부 중부작물과

<sup>2</sup>충청남도 천안시 서북구 성환읍 신방1길 114 농촌진흥청 국립축산과학원 축산자원개발부 초지사료과

<sup>3</sup>강원도 평창군 대관령면 경강로 5481 농촌진흥청 국립식량과학원 고령지농업연구소

### [서론]

콩의 일장에 대한 민감성은 그 품종의 특정 위도 범위에 대한 적응성을 결정한다. 따라서 개화와 성숙시기는 경제적인 콩 생산에 결정적인 요소이며, 콩의 재배지역을 북쪽으로 확장하려고 할 때 조기 개화성숙특성은 매우 중요하다. 본 실험은 여교배를 통해 만생종 콩 품종에 조기 개화 조절 유전자를 도입하고 후대에서 반복친으로의 회복정도를 확인하기 위하여 실시하였다.

### [재료 및 방법]

일장 반응에 대한 근동질(NILs) 계통을 개발하기 위하여 국내 만생종 콩 품종인 신화를 반복친으로 하고 조기 개화유전자를 보유한 3개의 유전자원(A, B, C)을 각각 1회친으로 활용하여 연속적으로 4회의 인공교배를 수행하였다. 여교배를 통해 양성된 3개의 집단(집단 I: 신화/A, 집단 II: 신화/B, 집단 III: 신화/C)에서 BC<sub>3</sub>F<sub>5</sub> 161 계통을 육성하였다. 계통들의 유전적 회복도를 확인하기 위하여 콩의 전장 유전체 기반 Indel 마커 202종을 대상으로 모부분에 대한 다형성 검정을 실시하였고, 집단 I, 집단 II, 집단 III에 적용 가능한 마커를 각각 78, 79, 78개 선발하였으며, 계통별 유전자형을 분석하였다.

### [결과 및 고찰]

이전 실험에서 국내 만생종 콩 품종인 '신화'는 E1E2E3E4의 유전자형을 보유하는 것으로 나타났다. 여기에 각기 다른 개화조절유전자 조합으로 구성된 자원(A, B, C)을 교배하여 3개의 집단을 육성하였다. A에서는 e1e2e3 유전자를, B에서는 e2e3를, C에서는 e2e4를 목표로 여교배를 진행하였고, 각 집단에서 세대별로 목표유전자의 일부 혹은 전체가 도입된 계통을 선발하여 다음 세대 육성을 위해 교배를 진행하였다. BC<sub>3</sub>F<sub>2</sub>에서 목표유전자의 보유 여부를 확인 한 후 BC<sub>3</sub>F<sub>5</sub>까지 세대를 진전시켰고 3집단에서 161 계통을 확보하였다. 콩의 전장 유전체를 분석하여 SNP의 변이가 밀집된 영역(dense variation block, dVB)에서 개발된 202개 Indel 마커 중 3개 집단에 활용 가능한 마커는 각각 78, 79, 78개로 염색체당 평균 3.9개 정도였다. 집단 I에서 78개 Indel 마커 분석 결과, 유전적 회복도는 75.6~100%의 범위로 분포하였는데, 분석된 마커 모두에서 신화와 동일한 밴드 패턴을 보인 계통은 1계통이 있었다. 집단 II에서는 79개 Indel 마커 분석 결과 회복도가 가장 낮은 계통은 82.3%, 가장 높은 계통은 94.9%로 나타났다. 집단 III에서는 78개 Indel 마커 분석결과, 반복친으로의 회복도가 92.3~98.7%의 범위로 나타났다. 이론적으로는 4회의 교배를 통해서 육성되는 BC<sub>3</sub> 세대에서 유전체의 93.75%가 반복친으로 회복되어야 하지만 본 실험에서 육성된 계통을 분석한 결과 3개 집단의 22.4%를 차지하는 36계통만이 93.75%이상 회복도를 보이는 것으로 나타났다. 본 실험에서 육성된 계통은 향후 수량성을 확인할 예정이며, 고위도 지역에서 생육이 가능할 것으로 기대된다.

### [사사]

본 연구는 농촌진흥청 아젠다 사업(과제번호: PJ009330022017)의 지원에 의해 수행되었다.

\*주저자: Tel. 031-695-4048, E-mail. mjseo77@korea.kr