

## 콩 꼬투리 성숙 QTL영역 유전체 분석을 통한 성숙기 분류용 분자표지 선발

박명렬<sup>1\*</sup>, 서민정<sup>1</sup>, 이종기<sup>1</sup>, 윤홍태<sup>1</sup>

<sup>1</sup>경기도 수원시 서둔동 국립식량과학원 중부작물부 중부작물과

### [서론]

콩 꼬투리 성숙 QTL영역의 유전체 분석결과를 활용하여 콩투리 성숙기관련 콩 계통선발에 활용 가능한 분자표지를 선발하기 위해 본 실험을 실시하였다.

### [재료 및 방법]

미국의 콩 유전체 연구 database인 Soybean breeder's toolbox (<https://soybase.org/>)를 통해 30개 콩 교배조합의 7,738 계통을 통해 작성된 콩투리 성숙관련 178개 QTL 영역의 유전체를 분석하였고, 콩 성숙기 분류용 SSR형 분자표지를 개발하기 위해 QTL 영역안의 Soybase database(DB)에 등록된 SSR 분자표지와 일본의 작물 분자표지 DB인 kazusa marker database (<http://marker.kazusa.or.jp/>)에 등록된 EST-SSR 분자표지를 분석하였다. 분자표지의 대립유전자 표지 가능성 분석을 위해 콩 품종 중 성숙 생태형별로 선발하여 조생종(OT89-05, OT93-26, OT93-28), 중생종(검정새울, 흑성콩, 조양콩), 만생종(만리콩, 풍원콩, 진풍) 총 9개 품종을 이용하였고, 콩 성숙기 분류용 분자표지 선발을 위해 성숙기가 이미 알려진 진풍, 대풍, 선유를 비롯한 100개 콩 품종 및 계통을 이용하였다.

### [결과 및 고찰]

콩 꼬투리 성숙관련 178개 QTL 중 4개 이상의 교배조합에서 공통적으로 나타나는 QTL영역을 분석한 결과 콩의 전체 20개 염색체중 6번, 7번, 14번, 18번, 19번 염색체내 32개 영역이 공통된 영역으로 분석되었다. 기존에 보고된 8,037종의 SSR 분자표지 중 공통된 32개 QTL 영역내 231종(SSR 16종, EST-SSR 215종)의 분자표지가 존재함을 확인하였다. PCR 단편증폭 방법을 이용하여 선발된 231종 분자표지의 대립유전자 표지 가능성을 분석한 결과 18번 염색체상의 Glyma.18G224900.1 영역의 AAG<sub>15</sub> 반복서열을 표지하는 GMES6840를 비롯한 51종의 분자표지는 품종에 따라 증폭단편의 크기가 다른 3종 이상의 대립유전자를 표지할 수 있음을 확인하였다. 대립유전자 표지가 가능한 것으로 확인된 51종의 분자표지 중 콩 성숙기 분류용 분자표지 선발시험을 실시하였다. 시험된 분자표지 중 GMES4789의 경우 6번 염색체에서 AC<sub>14</sub> 반복서열을 포함하는 144bp 크기의 증폭단편을 중심으로 각 품종 및 계통에 따라 크기가 다른 5종의 대립유전자를 증폭시켰고, Satt202(ATT<sub>15</sub>)와 Satt307(ATT<sub>12</sub>)는 6번 염색체에서 각 3종과 5종의 대립유전자를 표지하였다. 특히, Satt277(ATT<sub>40</sub>)의 경우 235bp 단편을 비롯하여 크기가 다른 5종의 대립유전자가 증폭되었는데 단편의 크기와 콩의 성숙기가 상당히 일치하는 경향을 보였다. 이런 분석을 통해 GMES4789등 28개는 대립유전자 3종 이상을 증폭하는 분자표지임을 확인할 수 있었고, 이들 중 대립유전자의 크기와 성숙기가 높게 연관된 Satt277(ATT<sub>40</sub>)등 8개는 콩의 성숙기 분류용 분자표지로 활용 가능할 것으로 확인되었다.

### [사사]

본 연구는 농촌진흥청 아젠다 사업(과제번호: PJ012548032017)의 지원에 의해 수행되었다

\*주저자: Tel. 031-695-4047, E-mail. park5260@korea.kr