

국내 유통국화 품종에 대한 SSR마커 기반 유전적 다양성 및 집단구조분석

한정윤¹, 김정분¹, 박하승², 김태성^{1*}

¹서울특별시 종로구 대학로 한국방송통신대학교 농학과

²충청남도 예산군 오가면 충서로 충남농업기술원 화훼연구소

[서론]

국내 국화산업의 활력을 위해 우량 국화품종개발과 육성된 품종의 보호체계가 절실히 필요하지만, 국화는 배수성 등 유전체의 복잡성 정도가 높아, 재현성이 높고 효과적인 분자표지마커 개발에 비용과 노력이 많이 든다. 특히 SSR(simple sequence repeat)은 다른 작물에서 효율적으로 사용되고 있지만, 국화에서는 잘 활용되지 못하고 있는 실정이다. 본 연구는 염기서열을 기초로 하여 대량으로 SSR을 발굴하였으며, 그 중 국내 국화 품종의 다형성평가와 품종 구별 등에 활용할 수 있는 분자표지마커의 선발을 실시하였다.

[재료 및 방법]

국내에서 유통되는 스탠다드 국화 ‘정운’과 ‘세이노이세이’ 품종을 기반으로 SSR(Simple Sequence Repeat) 서열을 cDNA library에서 대량동정 하고, 발굴된 SSR들 중 50개의 SSR을 대상으로 flanking region의 염기서열을 대상으로 프라이머를 디자인을 하여, 후보 SSR마커를 선정하였다. 또한 분자표지의 마커로서의 활용성을 검증하기 위해 실제 국내에서 유통되는 국화 60 품종을 대상으로 PCR 증폭여부와 PIC(Polymorphic Index Content) 등 집단 내 다형성을 조사하였다.

[결과 및 고찰]

Short read assembly, Polymorphic SSR sequence 추출 및 확인을 위해서 정운과 세이노이세이의 잎 조직으로 total RNA 샘플을 이용하여, 서열해독을 진행해서 총 238,635,903 basepair(bp)를 생산하였다. 그리고 정운과 세이노이세이 RNA sampl을 각 각 Hiseq2500으로 sequencing을 수행 한 후 두 dataset을 pooling 하여, 280,434개의 unigene이 생산이 되었고, 평균 unigene의 길이는 851bp하였다. 이렇게 발굴된 unigene sequence를 기반으로 31,121 SSR(Simple sequence repeat)를 발굴하였다.

본 연구는 우리나라 국화 품종 육성과 품종판별에 대한 활용도를 높이는 기초자료를 제공하고, 기존에 개발되었던 SSR마커의 결과를 보완하여, 국내 유통국화의 유전적 다양성과 집단구조분석 등 연구결과의 정확도를 높이는데 기여할 것이다.

[사사]

본 연구는 농림식품기술기획평가원 수출전략기술개발사업(과제번호 : 117033-03-1-HD030)의 지원에 의해 수행되었음.

주요 키워드: 국화, SSR, cDNA, PCR, 분자표지, 분자유종

*주저자: Tel. 02-3668-4638, E-mail. kts117@knou.ac.kr