

국내 감자 유전체 연구를 위한 SNP (Single nucleotide polymorphism) 마커 패널 개발

조승호^{1*}, 조광수¹, 조지홍¹, 임주성¹, 최장규¹, 장동철¹, 원홍식¹, 박영은¹

¹고령지농업연구소, 강원도 평창군, 국립식량과학원, 농촌진흥청

[서론]

감자는 동형4배체(Autotetraploid)로 고밀도 SNP chip을 이용해서 한꺼번에 많은 수의 분자마커를 정확하게 분석하기가 이배체(diploid) 작물에 비해 어려움이 많다. 또한 SOLCAP (The Solanaceae Coordinated Agricultural Project) SNP genotyping 분석 기준이 정해져 있기는 하지만 가변적이지 못한 분석방식으로 인해 이 방식을 국내외 새로운 다양성 계통에 직접 이용하는 데에는 한계가 있다. 따라서 본 연구는 고밀도 SNP chip을 이용하여 국내 우수 감자 계통의 유전체를 연구하는 방법을 개발하고 이를 통해서 안정적인 마커 패널을 개발해서 새로운 유용유전자원을 선별하고 유전정보를 검증하고자 수행되었다.

[재료 및 방법]

SOLCAP 다양성 표본 중에서 국내에서도 널리 재배되고 있는 수미 (Superior), 대서(Atlantic) 남작 (Irish cobbler)을 포함한 36개 국내 우수 계통과 Infinium Potato SNP 8K chip 데이터를 Genome Studio polyploid genotyping module을 이용하여 genotyping을 결정하였다. 또한 국내 유전자원을 유전체 분석을 위한 재현성이 높은 SNP 분석 방법을 개발하였다.

[결과 및 고찰]

총 8303개의 SNP 마커 중에서 5748개가 36개 국내 대표 계통의 유전변이를 안정적으로 설명하는 것으로 확인되었고, 이들 중에서 3190개의 마커는 SOLCAP 다양성 표본에 의해서 이용가능성이 확인된 마커이며 나머지는 국내 우수 계통을 이용해서 새롭게 확인된 유용한 마커이다. 36개 국내우수 계통에서 수집한 고밀도 SNP 데이터의 신뢰도는 Taqman qPCR을 이용하여 실험적으로 재검증되었다. 유전집단 분석결과 36개 국내우수계통은 모두 3개의 유전그룹 (두백, 하령, 대서, 새봉 등으로 대표되는 Q1, 수미, 조풍, 서흥 등으로 대표되는 Q2, 홍선, 홍영, 대지 등으로 대표되는 Q3) 으로 구분되었고, 각각의 연관그룹은 조속도, 재배 및 상품특성과도 관련이 있는 것으로 판단되었다. 253개 국외 우수 감자계통으로 구성된 SOLCAP 유전다양성 표본의 SNP 데이터와 비교해 볼 때, 국내외 유전다양성 집단은 총 5개의 대표적인 유전연관그룹으로 분리되며, 대부분의 국내 우수 계통이 5개중 2개의 연관그룹에 속하는 것으로 나타났다. 국내 유전자원만으로는 개선이 어려운 내병성과 가공성 등의 특성을 개선하기 위해서는 국내외의 새로운 유전자원의 유전체 변이를 보다 쉽고 빠르게 검색할 수 있는 실험법이 필요하다. 이를 위해서 8303개의 마커 중에서 실험적으로 안정적이면서도 전 세계 유전 다양성을 대표할 수 있는 소수의 마커를 선별하여 유전연관연구에 이용하는 것이 효과적이다. 이를 위해서 8303개의 마커를 대표할 수 있는 96개 내외의 마커 패널을 제작 중인데, 이렇게 구성된 마커 패널은 새로운 유전자원의 유전변이 검색과 유전자원과 신품종의 순도 및 계통 검증 등에 활용될 계획이다.

[사서]

본 연구는 농촌진흥청 아젠다 사업 (과제번호: PJ0125402018) 및 2018년도 농촌진흥청 국립식량과학원 전문연구원 과정 지원 사업에 의해 이루어진 것임

*주저자: Tel. 033-330-1612, E-mail, seungho_cho@hotmail.com