

콩 바코드화 시스템의 주요 분자표지 탐색 및 신규 품종 정보 갱신

전재범^{1*}, 진민아¹, 정남희¹, 최만수¹, 김둘이¹

¹전북완주군이서면혁신로 181 농촌진흥청 국립식량과학원 작물기초기반과

[서론]

콩 바코드 시스템(Mycrops)은 27개의 콩 분자표지를 이용하여 147개의 품종 및 계통을 구분할 수 있는 어플리케이션이다. 이 원리는 NGS 기법으로 전장유전체의 염기서열을 읽어 203개의 Indel 마커를 탐색하고 27개의 품종판별 마커를 선별하였다. 이에 27개 마커 중 주요한 마커를 탐색하고 2012년 이후 신품종에 대한 마커 정보를 보충하기 위해 본 실험을 실시하였다.

[재료 및 방법]

주요 27개 마커에 대한 147개 품종 및 계통에 대한 유전자형 데이터를 확보하여 빈도수를 기준으로 정렬하고 마커에 따른 147개의 그룹핑을 수행하였다. 2012년 이후 콩 신품종은 19 품종이 존재하며, 태광, 대원, 풍산, 신화, 연풍을 추가하여 24 품종의 기본식물을 확보하였다. DNA 추출은 Biosprint96을 이용하여 각 품종 당 24 샘플을 추출하였으며, 콩 바코드 시스템에서 사용한 마커 27개를 우선 적용했다.

[결과 및 고찰]

콩 바코드 시스템에서 확보된 유전자형 데이터로 빈도수를 기준으로 27개의 마커를 정렬한 결과 50% 빈도에 근접하는 마커는 Sindel_01_19, Sindel_02_13 등 10개가 추출되었다. 이 10개 마커로 147개를 그룹핑한 결과 116개의 그룹으로 나누어지며 이는 27개 중 10개의 마커로 상당수를 구분할 수 있다는 점을 보여준다. 그리고 나머지 17개 마커는 특정 그룹의 마커를 구분하는 역할로 볼 수 있다. 또한 Biosprint96의 DNA 추출 후 pooling하여 PCR을 수행할 예정이며, 순도가 높은 기본식물이므로 변이는 크게 발견되지 않을 것이라 추정한다. 앞으로 PCR 반응을 통해 PCR 산물을 확인하고 주요 마커 중 필수적인 마커를 업데이트 하며, 최근까지 개발된 콩 품종을 판별하는 기술을 확보하여 혼입 여부, 순도 관리 등에 활용할 수 있도록 바코드 시스템을 갱신할 계획이다.

[사사]

본 연구는 농촌진흥청 아젠다 사업 (과제번호: PJ013613022018)의 지원에 의해 수행되었다.

*주저자: Tel. 063-238-5325, E-mail. jbchun01@korea.kr