

메타전사체 분석을 통한 지역별 콩 감염 바이러스 분석

이봉춘^{1*}, 최수연¹, 김상민¹, 최낙중¹, 조원정²

¹전북 완주군 이서면 혁신로 181 국립식량과학원 작물기초기반과

²서울시 관악구 관악로 1 농업생명과학대학 응용생물화학부

[서론]

우리나라는 콩의 원산지로부터 발생하는 바이러스의 종류도 다양하다. 콩에 발생하는 바이러스는 세계적으로 33종이 보고되어 있으며 우리나라에서는 *Soybean mosaic virus* (SMV), *Soybean dwarf virus* (SbDV), *Cucumber mosaic virus* (CMV), *Cowpea mosaic virus* (CPMV), *Soybean yellow mottle mosaic virus* (SYMMV), *Soybean yellow common mosaic virus* (SYCMV), *Alfalfa mosaic virus* (AMV), *Peanut stunt virus* (PSV)와 *Peanut mottle virus* (PeMoV) 9종이 보고되어 있다. 본 연구에서는 콩을 감염하는 새로운 바이러스병의 발견 및 지역별 우점바이러스를 동정하고자 실시하였다.

[재료 및 방법]

국내 콩 주요 생산지를 중심으로 총 172개의 바이러스 감염 콩 샘플을 채취하여, 메타전사체 분석(Next Generation Sequencing, NGS)을 실시하였다. 지역별로 샘플들을 pooling한 후 총 8개의 라이브러리를 제작하고 추가적으로 4개의 단일 식물 샘플에 대한 라이브러리도 제작하였다. Hiseq 2500 sequencer로 염기서열을 분석 후 Trinity 프로그램을 이용하여 contig를 de novo assembly 하였다. BLASTN을 이용하여 기존 식물바이러스 데이터베이스에 blast 하여 바이러스를 동정하였다.

[결과 및 고찰]

총 12개의 콩 전사체를 조립한 후 blast를 수행하여 다양한 바이러스를 동정하였다. 총 9개의 바이러스가 동정되었으며, 새로운 신종 바이러스도 동정하였다. TSWV와 BCMNV의 경우 국내 콩에 감염되었다는 것을 처음으로 확인하였다. 동정된 콩 바이러스의 복제량 비교 및 감염 빈도 비교를 실시하였다. Read수는 각 바이러스와 관련된 sequencing된 숫자로 바이러스 복제량을 알 수 있었으며, 지역별 개별시료의 우점인 바이러스가 다른 것을 확인하였다. Read수를 바탕으로 지역별 우점 바이러스를 확인해본 결과 강원도, 경기도, 경북의 경우 SMV가 우점 바이러스이며, 충북, 충남, 전북, 전남, 경남의 경우 SYMMV가 우점인 것을 확인하였다. 동정된 콩 바이러스를 진단하기 위하여, 얻어진 염기서열을 바탕으로 RT-PCR 프라이머를 제작하였다. 제작된 프라이머를 바탕으로 8개 지역별 NGS 동정 결과를 RT-PCR로 확인하였다. SMV와 SYMMV는 대부분의 지역에서 동정되었다.

[사사]

본 연구는 농촌진흥청 아젠다 사업 (과제번호: PJ011861)의 지원에 의해 수행되었다.

*주저자: Tel. 063-238-5342, E-mail. leebc21@korea.kr