

국내 수집 콩 들불병 분류 및 품종 반응

서민정^{1*}, 박명렬¹, 강인정², 이영훈³, 윤홍태¹

¹경기도 수원시 권선구 수인로 126 국립식량과학원 중부작물부 중부작물과

²경기도 수원시 권선구 서호로 54 국립식량과학원 중부작물부 재배환경과

³전라북도 완주군 이서면 갈산리 73 국립식량과학원 기획조정과

[서론]

콩 들불병의 저항성 품종 육성 기반 마련의 일환으로 국내에서 수집된 콩 들불병 균주들을 분류하고 품종들의 반응을 살펴보고자 본 실험을 실시하였다.

[재료 및 방법]

2012~2013년 국내 콩 들불병 발생 지역에서 수집된 균주와 농업유전자원센터 미생물은행(KACC)에 보관되어 있던 국내외 균주(헝가리 1 균주, 호주 1 균주, 경기도 2 균주, 경북 3 균주, 강원도 1 균주) 및 미국에서 도입한 1점을 포함하여 45점의 들불병 균주를 실험에 이용하였다. 수집 균주의 변이를 확인하기 위해서 genomic DNA를 추출한 후 16s rDNA sequencing과 genotyping by sequencing(GBS)을 실시하였다. 들불병 균주에 대한 반응 조사에는 이전 결과에서 이병성과 저항성 및 중도 저항성을 보인 9개의 품종을 이용하였다.

[결과 및 고찰]

국내에 분포하는 들불병 균주들을 분류하기 위하여 국내에서 수집된 들불병 균주와 국외에서 도입한 균주들을 대상으로 유전자 염기서열 분석을 실시하였다. 미생물의 계통 분석을 위한 방법으로 많이 사용되는 16s rDNA 정보를 확보하기 위하여 16s rDNA sequencing을 먼저 실시하였다. 그러나 해당 균주들에서 확보된 정보는 유사도가 매우 높아 유연 관계 분석이 의미가 없을 만큼 유전적 거리가 가까운 것으로 나타났다. 보다 세밀하게 균주들의 유전적 변이를 확인하기 위하여 GBS 분석을 실시하였는데 본 방법은 개별 균주의 전체 염기서열을 분석하는 것보다는 비용이 저렴하면서도 유전체 변이를 개략적으로 확인해 볼 수 있는 방법이다. 분석과정에서 4개의 균주들은 정상적으로 해독이 되지 않아 제외를 시켰고, 41개의 균주에 대한 염기서열 정보를 이용하여 유연관계도(phylogenetic tree)를 확보하였다. GBS에 의한 group 결과는 수집 지역의 정보를 잘 반영해주었다. 분류군을 10개로 구분하였고 각 그룹에서 염기서열 상 공통영역이 가장 많은 1개의 균주를 대표 균주로 선정하였다. 그룹별 대표로 선정된 10개의 균주에 대해서는 황금콩, 태광콩, 신팔달콩2호 등 9개의 콩 품종에 대한 접종 반응을 조사하였다. 품종들 간 들불병 균주별로 접종 반응은 서로 달랐는데, 병 반응에 따라 3~5 그룹으로 나뉘었다. 9품종 가운데, 10개의 균주에 대해서 모두 저항성인 품종은 없었으며, 7개의 균주에 저항성을 보인 품종이 가장 강한 저항성을 보이는 경우였는데, 해당 품종은 팥달콩이었다. 들불병에 약한 것으로 알려져 있는 황금콩과 태광콩의 경우에도 감수성을 보이는 균주의 종류는 차이가 있는 것으로 나타났다. 본 연구를 통해 국내에서 수집된 균주들에 대한 콩 품종들의 반응에 차이가 있음을 확인하였고, 이러한 정보는 저항성 품종 육성에 활용할 수 있을 것으로 기대된다.

[사사]

본 연구는 농촌진흥청 아젠다 사업(과제번호: PJ0125482018)의 지원에 의해 수행되었다.

*주저자: Tel. 031-695-4048, E-mail. mjseo77@korea.kr