

PB-55

콩 핵심집단을 이용한 신규 개발 개화·성숙관련 분자표지 검증박명렬^{1*}, 서민정¹, 윤홍태¹, 최만수²¹경기도 수원시 권선구 수인로 126, 국립식량과학원 중부작물과²전라북도 완주군 이서면 혁신로 181, 국립식량과학 작물기초기반과**[서론]**

콩의 개화·성숙기 조절관련 연구는 중북부지역 적응 콩 품종개발을 위해 매우 중요하다. 개화·성숙기 조절 관련 육종소재 개발을 위해 콩의 유전체수준의 유전적 특성을 분석하여 콩 개화·성숙기 조절에 관여하는 주요 유전자좌나 유전자의 규명연구가 선행되어야 하며 이를 토대로 분자표지 개발이 필요하다.

[재료및 방법]

콩의 개화·성숙관련 QTL 영역 분석은 콩 유전체 연구 database인 Soybean breeder's toolbox (<https://soybase.org/>)를 통해 분석하였고, The gene ontology (GO), The protein families database (PFAM), Protein ANalysis THrough Evolutionary Relationships (PANTHER), The Arabidopsis Information Resource (TAIR), The Plant Metabolic Pathway Databases (SoyCyc7 and SoyCyc7-rxn)를 이용하여 유전자의 기능적 특성정보를 분석하였다. 분자마커 검증을 위해 농촌진흥청 차세대 바이오그린21사업 농생물게놈활용연구사업단에서 개발한 콩 핵심집단을 사용하였으며, K means algorithm 분류를 위해 TM4 MeV를 이용하였다.

[결과 및 고찰]

콩의 개화·성숙관련 178개 QTL 영역내에 전사수준의 발현정보를 갖는 55,589종의 유전자를 확인하였다. 이들 유전자의 기능적 특성에 대한 분석을 통해 seed development 기능을 갖는 Glyma.19G212200.1를 비롯하여 210종을 선발하였고, 유전자 염기서열의 정보를 토대로 분자마커를 신규로 제작하였다. 제작된 분자마커를 이용하여 꼬투리, 잎, 줄기등 부위별 유전자들의 발현양상을 조사하였고, 발현양상별로 분류하였을 때 총 11(A~K)종의 소그룹으로 분류할 수 있었다. 소그룹 B에 속한 29종의 유전자들은 발현과 억제가 세 부위에서 동일한 양상을 보였고, 이들 유전자들을 부위별 동시성숙성과 관련된 육종소재로 활용하기 위해 선발하였다. 선발된 유전자 유래 29종의 분자표지 중 다형성정보지수(PIC, polymorphic information content)가 0.6 이상인 것은 SMM0107를 비롯한 총 9종이었다. 이들 분자표지에 의해 생성되는 allele의 단편크기를 이용하여 콩 핵심집단의 개화기를 K means algorithm으로 분류하였을 때 총 6개의 분류군이 형성됨을 확인하였다. 분류군별 개화기에 대한 단 순회귀분석을 실시하여 상관계수인 r값을 측정하였고, 분류군 r값의 평균은 0.78로 매우 높은 편이었다. 이를 통해 선발된 9종의 분자표지는 콩의 개화·성숙과 관련성이 높은 분자표지임이 검증되었다.

[Acknowledgement]

본 연구는 농촌진흥청 아젠다 사업(과제번호: PJ012548012019)의 지원에 의해 수행되었다.

*Corresponding author: Tel. +82-31-695-4047, E-mail, park5260@korea.kr