

PB-003

콩 내탈립성 판별 분자 마커 개발

서정현^{1*}, 강범규¹, 조광수¹, 김홍식², 박지희¹, 신상욱¹, 백인열¹, 성정숙¹, 정찬식¹

¹국립식량과학원 남부작물부

²국립식량과학원 중부작물부

[서론]

콩의 꼬투리 탈립성 관련 유전자는 지금까지 16번 염색체 상에 재배종 콩으로부터 유래된 *pdh1* 유전자와 야생콩으로부터 유래된 *SHATI-5* 유전자가 밝혀져 있다. 본 연구의 선행연구에서는 내탈립성 품종인 ‘대원콩’으로부터 유래된 RIL 집단을 통해 QTL 분석을 수행하여 16번 염색체 상에서 29.9-30.0Mbp 위치의 PVE 값이 82.8%인 major QTL, 7.3-7.7Mbp 위치의 PVE 값이 11.2%인 minor QTL을 발견하였다. 본 연구에서는 탐색된 QTL 결과를 통해 ‘대원콩’으로부터 유래되어 내탈립성을 판별할 수 있는 분자 마커를 개발하고자 하였다.

[재료 및 방법]

선행연구에서 발견된 QTL 영역 내의 NGS 분석 결과를 바탕으로 내탈립성 모본인 ‘대원콩’과 탈립 감수성 부분인 ‘다원콩’, ‘새울’을 판별할 수 있는 SNP 및 In-Del 부위를 탐색하였다. major QTL 영역에서는 존재하는 SNP 중 다른 염기서열 변이가 앞뒤로 100bp 이상 존재하지 않는 SNP를 선발하여 두 개의 유전자로부터 KASP 마커를 제작하였다. minor QTL 영역에서는 후보유전자로부터 4개의 SNP, 2개의 In-Del 영역이 탐색되었으며, 이 중 18bp 염기서열이 삽입된 영역에 근접한 마커를 제작하였다. 프라이머는 Primer3 (v.0.4.0)를 통해 제작하였다. 각 계통의 genomic DNA는 V1 생육시기에 초엽으로부터 DNeasy PowerPlantKit (Qiagen)의 매뉴얼에 따라 추출하였고, PCR 결과는 QIAxcel (Qiagen)을 통해 해석하였다. KASP 마커는 ABI7300 기기를 이용해 분석하였으며, t-검정 등 통계분석은 R software (v.3.6.0)를 이용하였다.

[결과 및 고찰]

각 QTL의 SNP 및 In-Del 영역으로부터 프라이머를 제작하였고, 모·부분 및 RIL 집단의 PCR 결과를 통하여 해당 영역의 SNP 및 In-Del 영역이 정상적으로 탐색되는 것을 확인할 수 있었다. 또한 집단에 관계없이 ‘대원콩’의 유전자형을 갖는 계통과 ‘다원콩’, ‘새울’의 유전자형을 갖는 계통의 탈립성이 통계적으로 유의한 차이를 나타내었다. 특히, SNP와 In-Del 두 가지 모두에서 유전자형이 차이 나는 경우(double mutant) 탈립성 차이가 더욱 크게 나타났다. 따라서 본 연구에서 개발된 두 개의 KASP 마커 및 In-Del 마커는 향후 콩 육종 시 내탈립성을 판별하는데 유용하게 활용될 것으로 생각된다.

[Acknowledgement]

본 연구는 농촌진흥청 아젠다 사업(사업번호: PJ01186803)의 지원에 의해 이루어진 결과로 이에 감사드립니다.

*주저자: Tel. +82-55-350-1236, E-mail. next0501@korea.kr