A54 Microsatellite 다형에 의한 한국 밀 품종의 유전적 배경분석

종자관리소: 박용진*, 조규택, 이동진, 조은기, 곽재균, 박남규

Analysis of Genetic Backgrounds by Microsatellite DNA Polymorphism in Korean Wheat Cultivars

National Seed Management Office, RDA: Yong-Jin Park*, Kyu-Taek Cho, Dong-Jin Lee, Eun-Gi Cho, Jae-Gyun Kwag, Nam-Kyu Park

시험목적

한국에서 육성된 밀 육성품종들의 유전적 상호관계를 분석하여 유전자원관리에서 품종구분의 방법개발 및 육종의 기초자료로 활용하고자 함.

재료 및 방법

○ 공시재료: 육성 3호(1936년 육성) 등 21 품종

○ Microsatellite 분석

- Primers : WMS5등 13조합
- DNA 추출: Phenol/Chloroform 법
- 증폭조건: Denature: 94℃, 25 sec, Annealing: 68℃, 25 sec, Extension: 68℃, 25 sec, 32 cycles
- 다형검출: 6%-Denaturing Sequencing Gel, Silver Satining 법

결과 및 고찰

우리나라 밀 육성품종 21개를 공시하여, 13개 Microsatellite Primer조합을 공시하여 군집분석 및 품종간 유전적 배경을 분석한 결과는 다음과 같다.

○ 공시한 13개 Primer조합에서 11개 조합에서 DNA 다형이 관찰되었고, 증폭된 조합에서 조합당 alleles수는 3.36개 이었다.

○ 우리나라 육성 밀 품종들은 육성 3호(1936년 육성)을 중심으로 한 I 군과 농림4호(1942년 육성)를 중심으로 한 II 군으로 구분되었다.

○ 제 I군에 속하는 품종들은 1970년대 까지 육성된 것들이 속하였고, 제 II군에 속하는 품종들은 1980년~1990년대에 육성된 것이 주로 속하였다.

○ 세부군 및 품종간 유연관계를 분석한 결과, 육성계보와 잘 일치하고 있어 품종간 유전적 배경의 추정 및 유전자원관리에 품종동정, 중복자원 검색 등에 매우 효율적인 방법으로 평가되었다.

Table. Primer sequences, microsatellite compositions, chromosomal location and number of alleles for the wheat bred varieties in Korea

Primers	Primer Sequences(5′→ 3′)	Microsatellite Comoposition	Fragment Size(bp)	Chromosomal location	No. of Alleles
WMS5	GCCAGCTACCTCGATACAACTC AGAAAGGGCCAGGCTAGTAGT	$(TC)_{23}(T)_4(GT)_{12}(GA)_{10}$	172	2AS	3
WMS18	TGGCGCCATGATTGCATTATCTTC GGTTGCTGAAGAACCTTATTTAGG	$(GT)_{17}CT(AT)_4$	186	4BS	4
WMS24	CACACAAGGCACCATTGC CAATGGACATAGTTGTGTGCG	$(GT)_9GCA(TG)_8$	172	1BL	2
WMS46	GCACGTGAATGGATTGGAC TGACCCAATAGTGGTGGTCA	$(GA)_2GC(GA)_{33}$	187	7BS	5
WMS52	CTATGAGGCGGAGGTTGAAG TGCGGTGCTCTTCCATTT	$(GT)_4AT(GT)_{20}$	150	3DL	2
WMS82	ACGTTAGAAGGTGCAATGGG AGTGGATGCACCGACTTTG	$(GT)_{10}...(GT)_4T(AG)_4$	152	6AL	3
WMS88	CACTACAACTATGCGCTCGC TCCATTGGCTTCTCTCTCAA	$(GT)_{18}TT(GA)_4$	121	6BL	3
WMS106	CTGTTCTTGCGTGGCATTAA AATAAGGACACAATTGGGATGG	$(GA)_{24}$	139	1DS	1
WMS111	TCTGTAGGCTCTCTCCGACTG ACCTGATCAGATCCCACTCG	$(CT)_{32}(GT)_{17}$	205	7DS	10
WMS120	GATCCACCTTCCTCTCTCTC GATTATACTGGTGCCGAAAC	$(GT)_{16}(GA)_{11}$	139	2BS	0
WMS154	TCACAGAGAGAGAGGGAGGG ATGTGTACATGTTGCCTGCA	$(GA)_4(GGGA)_4(GA)_{25}$	102	5AS	0
WMS155	CAATCATTTCCCCCTCCC AATCATTGGAAATCCATATGCC	$(GA)_{19}$	144	3AL	4
WMS174	GGGTTCCTATCTGGTAAATCCC GACACACATGTTCCTGCCAC	$(GA)_{22}$	173	5DL	2
Total	-	-	-	-	37

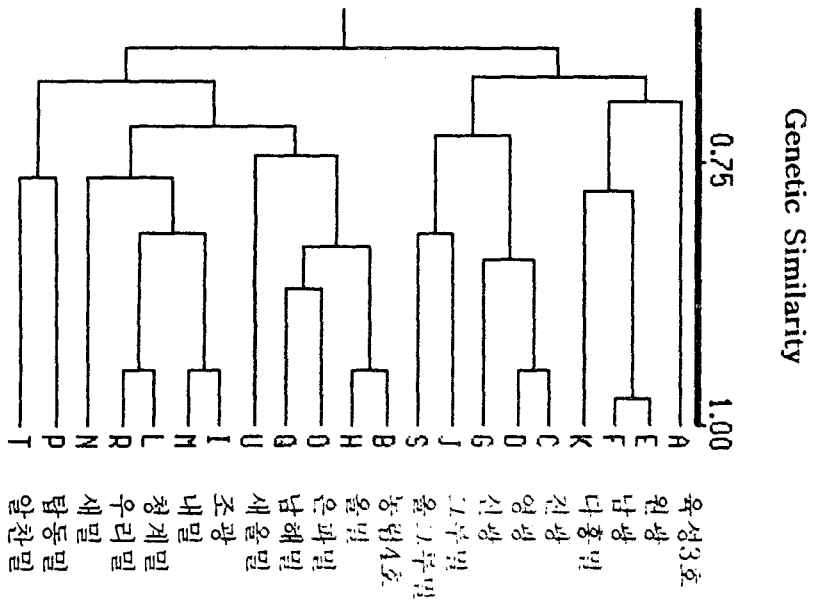

Fig. Phenogram depicting genealogical relationships among 21 korean wheat cultivars by wheat microsatellite primers. The clustering was constructed by the UPGMA method of NTSYS software.