C1. 콩 종실 단백질 함량 관련 QTL 분석

서울대 : 이석하, 박윤희, 이홍석
죠지아대학 : H. R. Boerma

Identification of QTL for Seed Protein Concentration in Soybean

Seoul National University : Suk-Ha Lee, Yun-Hee Park, Hong-Suk Lee
Univ. of Georgia : H. R. Boerma

실험목적

콩 종실의 단백질 함량과 지방함량의 유전양식을 구명하고, 이와 관련된 양적형질 유전자좌를 탐색하여 향후 간접선발에 이용하고자 함.

재료 및 방법

○ QTL 분석용 집단

교배조합 : 단백콩 x Benning

- 단백콩 : 다수성, 고단백, 두부용콩
- Benning : 미국 남부지역 장려품종으로서 다수성, 내병충성
- F2-derived 집단 138계통

○ SSR 변이 분석

모부본의 polymorphism 및 분리집단의 SSR genotyping은 genomic DNA를 추출하여 fluorescence-labelled primer를 이용한 자동염기서열분석장치 (ABI-377)를 사용하여 Scan Software와 Genotyper으로 조사하였다.

○ 종실 단백질 함량조사

구당 18~20g의 종자를 2회 씩 표본하여 NIR Food and Feed Grain Analyzer (Model 1255: USDA-ARS)로 분석함.

결과 요약

- 184개의 SSR marker가운데 모부본간 polymorphism을 보이는 것은 104종으로서 전체적으로 약 56%를 나타내고 있다.
- 88개의 마아커로 유전자 지도를 작성한 결과, 20개의 연관군으로 분류되었으며, 18종의 marker는 연관되어 있지 않았다. 전체적으로는 1339cM을 나타내고 있었으며 두 개의 marker 간에는 평균하여 15.2cM 이었다.
- 종실단백질 함량 관련 QTL은, single factor ANOVA분석에 의하여 23개의 marker와 연관되어 있었으며, 동일연관군내에서 multiple regression analysis에 의하여 탐색된 전체 marker들에 대한 multiple regression analysis에 의하여 Satt160(LG F), Satt239 (LG I), Satt188 (LG O)의 8개 marker가 연관되었다. 특히 연관군 I의 Satt354 전체 유전변이의 48.4%가 설명되는 주요 QTL이었다.

Table 1. Markers linked to QTLs associated with variation in seed protein content in the combined data over two years.

Locus	LG	Combined									Year (MLG-Regr)			
		SF-ANOVA		Allelic means+			SLG-Regr		MLG-Regr		1998		1999	
		P	R^2	B/B	B/D	D/D	*P*	R^2	*P*	R^2	*P*	R^2	*P*	R^2
			%	---g kg^{-1}----				%		%		%		%
Satt385	A1	0.004	8.2	437	448	452	<0.001	9.1	0.005	2.8	0.032	1.7	-	-
Satt545	A1	0.006	7.8	440	449	454	-	-	-	-	-	-	-	-
Satt207	A2	0.022	5.9	447	443	453	-	-	-	-	-	-	-	-
Satt228	A2	0.003	8.2	441	449	454	0.001	8.3	0.023	2.1	0.011	3.1	-	-
Satt429	A2	0.002	8.9	439	449	454	-	-	-	-	-	-	-	-
Satt066	B2	0.036	4.9	441	448	453	0.036	4.9	0.008	2.7	0.028	1.7	-	-
Satt079	C2	0.032	5.1	440	448	451	-	-	-	-	-	-	-	-
Satt307	C2	0.031	5.9	442	449	455	0.037	4.6	-	-	-	-	-	-
Satt202	C2	0.045	4.6	441	450	450	-	-	-	-	-	-	-	-
Satt371	C2	0.031	5.7	442	449	454	-	-	-	-	-	-	0.041	1.7
Satt147	D1a+Q	0.026	5.6	452	447	452	0.026	5.6	0.012	2.6	-	-	0.014	2.8
Satt185	E	0.048	4.7	442	447	453	-	-	-	-	-	-	-	-
Satt553	E	0.003	8.1	443	447	458	-	-	-	-	-	-	-	-
Satt231	E	<0.001	11.4	443	444	459	0.001	8.5	0.017	1.9	0.007	3.3	0.017	2.5
Satt434	H	0.005	7.7	444	445	455	0.005	7.7	-	-	0.037	1.7	0.012	5.3
Satt127	I	<0.001	44.1	432	446	464	-	-	-	-	0.001	7.7	-	-
Satt239	I	<0.001	48.2	432	445	467	<0.001	46.6	<0.001	9.3	-	-	<0.001	39.4
Satt292	I	0.013	6.9	442	442	451	-	-	-	-	-	-	-	-
Satt354	I	<0.001	43.8	436	446	467	<0.001	8.1	<0.001	48.4	<0.001	50.1	<0.001	8.0
Satt247	K	0.002	9.8	456	443	447	-	-	-	-	-	-	-	-
Satt441	K	<0.001	10.5	454	442	446	-	-	-	-	0.012	2.6	-	-
Satt518	K	0.021	6.0	452	445	442	-	-	-	-	-	-	-	-
Sat_044	K	0.008	6.9	454	445	443	0.003	7.0	0.030	1.5	-	-	0.036	2.0
Total										71.3		72.1		61.6