

RFLP for Genetic Mapping in Chinese Cabbage

박애리¹ · 신동호¹ · 최수련² · 임용표² · 최관삼¹

¹충남대학교 농업생명과학대학 농생물학과, ²충남대학교 농업생명과학대학 원예학과

연구 목적

배추는 *Arabidopsis*와 같은 십자화과 작물로서 배추속 (*Brassica* spp.) A 게놈의 대표적 식물로 높은 유전적·진화적 연구 가치를 지니며, 경제적으로 볼 때도 우리나라 4대 채소 작물로서 없어서는 안 되는 주요 채소이다.

지금까지 *Arabidopsis* 및 *Brassica* 속의 유전자 지도 작성과 관련된 연구는 많이 보고되어져 있으며, 특히 *Arabidopsis*의 경우는 전체적인 유전체 구조가 밝혀져 있는 상태이다. 배추속의 A genome으로 알려진 chinese cabbage (*Brassica campestris*)의 유전체 연구의 경우, rapid cycle brassica를 이용한 일부 유전자 지도가 작성되어 있으나, A genome인 배추의 원종과는 상당히 차이가 있을 것으로 추정되고 있다. 따라서 본 연구에서는 한국의 배추와 기존에 알려진 *B. rapa*류의 유전자 지도를 비교 검토하기 위하여 Dr. Osborn의 probe를 이용하여 배추의 유전자 지도를 작성 비교하고자 하였다.

재료 및 방법

Plant: Chinese cabbage (*Brassica campestris* spp. *pekinensis* (Lour) Rupr) A line (Chiffu), B line (Kenshin), F1 hybrid, 86 doubled haploid line

RFLP marker: 81 WG clones (genomic clones from *B. napus* cv.

Wester), 55 EC clones (cDNA clones from *B. napus* cv. Wester), 20 TC clones (genomic clones from *B. rapa* cv. Tobin) plasmid vector : pBluescript SK-

Restriction enzyme: *Bam* HI, *Eco* RI, *Hind* III, *Xba* I, *Pst* I
DIG labeling & Detection system

결과 및 고찰

배추의 RFLP mapping을 위하여 *B. rapa*의 genomic mapping을 위해 사용된 150여 개의 marker DNA를 T. C. Osborn으로부터 분양받아 mapping marker로서 이용하였다. 먼저 모체인 A·B line을 이용하여 RFLP 다양성을 보이는 marker DNA를 선발하였고 이를 바탕으로 86개의 doubled haploid line의 RFLP분석을 실시하였다. 모체인 A·B line을 이용하여 RFLP 분석을 한 결과 지금까지 72개의 WG clone 중 23 (WG1A6, WG1E2, WG1E3, WG1F2, WG1G5, WG1G6, WG2A4, WG2D1, WG2D5, WG2E9, WG3C5, WG3H8, WG4A4, WG8G1, WG2A3, WG2C1, WG3C5, WG4D7, WG4D11, WG7F4, WG7G10, WG1G4, WG1G8)개의 clones에서 다양성을 나타내었다. 현재 이들 clone을 가지고 86개 DH line의 RFLP 분석을 통해 배추의 genetic mapping을 실시하고 있으며, WG7F4, WG2C1, WG1E3 3개의 clone으로부터 positive한 결과를 얻었다.