



무

# 자원 판별용 SNP 분자표지 세트 (16개)

개발자 명지대학교 문정환 / 가톨릭대학교 유희주

## 개발 개요



## 개발 목적

- ▶ 다양한 무 유전자원과 계통 구별이 가능한 최적의 SNP 세트를 개발하여 대량 검증이 가능한 KASP 분자표지로 전환함

## 개발 배경

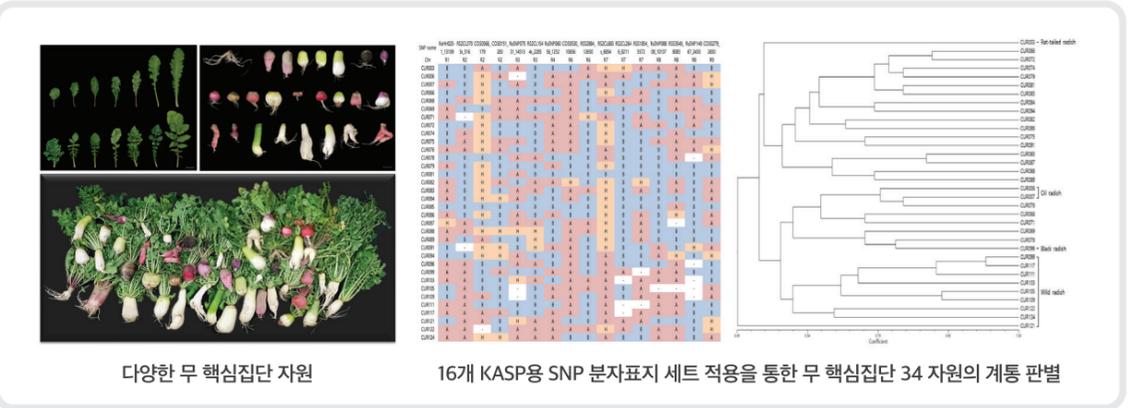
- ▶ 연구재료 : 무 핵심집단 중 34 자원 [야생자원(wild radish), 쥐꼬리 무(rat-tailed radish), 흑무(black radish), East Asian long radish, European small radish, oil radish 등]
- ▶ 개발내용 : 34개 핵심집단 자원의 유전체 정보를 기반으로 기존에 개발된 SNP 분자표지 중 계통 구분이 가능하고 고속·대량 검증을 할 수 있는 KASP\* 분석용 16개 SNP 분자표지 세트를 개발함



\*KASP (Kompetitive Allele-Specific PCR) : Allele-specific PCR을 이용한 형광 기반 분자표지 분석법

## 분자표지 검증

- ▶ 검증재료 : 무 핵심집단 중 34 자원
- ▶ 검증내용 : 16개 KASP 분석용 SNP 분자표지 세트를 활용하여 34개의 무 핵심자원의 계통을 판별함. 검증 결과, 야생자원(wild radish), 쥐꼬리 무(rat-tailed radish), 흑무(black radish), East Asian long radish, European small radish, oil radish 등 다양한 무 자원의 유전적 배경과 계통 구분이 가능함



## 활용 방법

- ▶ 기술이전 통상실시권 계약
- ▶ 농업기술실용화재단 종자산업진흥센터를 통한 서비스 이용

## 지식재산권

- ▶ 무 자원을 판별하기 위한 KASP 분석용 SNP 마커 세트 및 이의 용도 (출원 10-2019-0144662)

## 기술이전

- ▶ 기술이전(통상) : 농업기술실용화재단 종자산업진흥센터 ('18년 12월)