

## 밀 주요 농업 형질관련 마커 특성 분석

손재한<sup>1\*</sup>, 강천식<sup>1</sup>, 정영근<sup>1</sup>, 김양길<sup>1</sup>, 박종호<sup>1</sup>, 박태일<sup>1</sup>, 윤영미<sup>1</sup>, 송태화<sup>1</sup>, 김보경<sup>1</sup>

<sup>1</sup>전라북도 완주군 이서면 혁신로 181 국립식량과학원 작물육종과

### [서론]

밀은 벼와 함께 세계 3대 작물 중 하나로서 매우 중요한 식량작물이다. 밀의 생육과 종자등숙은 이상 고온의 영향을 크게 받는다. 밀의 생육과 품질은 밀의 가장 중요한 특성 중 하나이다. 본 연구에 사용된 유전자원은 국내뿐만 아니라 몽골 등 외국 자원을 포함하고 있으며, 또한 내병성과 내재해성 자원을 포함하고 있으므로 앞으로 우리나라 밀의 육종을 위해 중요하게 사용될 수 있을 것으로 생각된다. 따라서 본 연구는 이들 유전자원에 대한 농업형질 관련 마커를 분석 후 데이터베이스화 하여 육종효율을 높이고자 본 연구를 수행하였다.

### [재료 및 방법]

본 연구는 금강 등 국산 밀 품종을 포함하여 총 608점의 유전자원을 이용하였다. 농업형질에 관련된 분자마커는 간장, 숙기, 파성 등에 관련된 것으로서 *Ppd1* 등 총 24개의 분자마커가 분석되었다.

### [결과 및 고찰]

밀의 초장과 관련된 semi-dwarf 유전자 4개, 조숙 관련 유전자 *Ppd1* 등 5개 유전자와 *Vrn* 등 파성 관련 유전자 15개 등 총 24개 유전자를 분석하였다. 4개의 semi-dwarf 유전자 중 DF-MR2 프라이머 등 1개 조합은 608계통 전체에서 PCR 반응이 나타나지 않았다. BF-WR1 등 3개 프라이머가 모두 증폭되는 계통은 32 계통이었고, 4개 프라이머가 모두 증폭되지 않은 계통은 66계통이었다. 4개 프라이머 조합 중 BF-MR1F/BF-MR1R과 DF2/WR2 등 2개 조합만 증폭되는 계통이 239개로 가장 많았으며, 그 다음으로 BF-MR1F/BF-MR1R만 증폭되는 계통이 202개로 많았다. *Ppd* 유전자 5개 중 *Ppd3* (*Ppd-B6-RdR1F/Ppd 2B-SNP5-R1*) 유전자만 가지는 계통이 120개로 가장 많았고, 그 다음으로 4개 유전자 모두 갖지 않은 계통이 115개로 많았다. 파성과 관련되어 있는 *Vrn* 등 유전자는 모두 15개가 분석되었고, 그 중 3개 유전자는 608개 전 계통에서 증폭되지 않았다. 3개 유전자를 제외한 12개의 유전자형을 분석한 결과 총 201개의 유전자형이 확인되었으며, 1-7번 유전자가 모두 증폭되고 VRNPBF1+VRNBPR1이 증폭되는 계통과 증폭되지 않은 계통이 각각 42계통으로 가장 많이 나타났다. 본 연구 결과를 밀 육종프로그램에 효율적으로 사용하기 위해 앞으로 분자마커 유전자형과 밀의 생육조사 결과를 함께 비교 분석하는 등 608개 유전자원에 대한 데이터베이스를 구축할 계획이다.

### [사사]

본 연구는 농촌진흥청 아젠다 사업(과제번호: PJ009230022017)의 지원에 의해 수행되었다

\*주저자: Tel. 063-238-5209, E-mail. pathfinder1@korea.kr