

설갱벼 유래 분상질 유전자 유전분석 및 정밀 유전자지도 작성

강주원¹, 이은지¹, 권영호¹, 조수민¹, 이지윤¹, 이종희¹, 박동수¹, 송유천¹, 고종민¹, 조준현^{1*}

¹경상남도 밀양시 점필재로20 국립식량과학원 남부작물부 논이용작물과

[서론]

쌀소비 확대를 위한 쌀가루전용 품종 육성 효율을 증진하고자 일품벼 돌연변이체인 설갱벼 분상질 유전자를 동정하기 위해 유전분석 및 유전자 지도를 작성하였다.

[재료 및 방법]

새일미/설갱벼 BC₁F₂의 표현형이 분리되는 개체를 선발하여 유전분석 및 유전자 지도를 작성하였다.

유전자지도 작성에는 다형성을 보이는 KASP marker를 이용하였고, 유전자형과 표현형사이의 연관분석을 실시하여 목표 유전자를 탐색하였다.

[결과 및 고찰]

일품벼의 MNU 돌연변이로 육성된 설갱벼의 분상질(floury)에 관여하는 유전분석 및 DNA 연관마커를 개발하고자 정상 품종인 새일미벼와 설갱벼가 교배된 BC₁F₂종자를 채종하여 유전분석을 수행하였다. 분상질과 정상이 각각 35개, 115개로서 1:3으로 분리하였으며($\chi^2=0.222, p=0.637$), 1개의 열성유전자에 의해 조절됨을 확인하였다. 또한 분상질에 관여하는 연관마커 탐색을 위해 370개 KASP마커의 모부분 다형성을 분석하였다. 다형성을 보인 153개 마커를 이용하여 연관분석용 Flame map을 작성하고, 열성형질인 분상질 식물체 12개체를 선발하여 recessive class analysis 방법으로 분석한 결과, 3번 염색체의 단완에 KJ03_017(6.0Mb)~KJ03_029(12.0Mb)사이에 연관이 높은 것을 확인하였다. 설갱벼와 새일미벼가 교배된 BC₁F₂ 집단을 84개체를 이용하여 연관분석을 수행하였다. 조환가 분석결과 3번 염색체 RM218(8.3Mb)와 KJ0329(12.3)사이에 설갱의 분상질에 관여하는 유전자가 존재하는 것을 확인하였다. fine mapping을 위하여 새일미/설갱벼 BC₁F₂의 표현형이 분리되는 개체에서 채종된 1000개체 중 현미의 색택이 맑고 투명한 정상립 584개체를 선발하였으며, 정밀유전자 지도 작성을 위해 3번 염색체 8.3Mb~12.3Mb사이에서 아가로스겔에서 다형성을 보이는 SSR 마커 RM218, RM3434, RM5955, RM14837, RM14866와 Indel 마커 RD03-25을 선발하였다. 선발된 6개의 연관마커 중 RM218과 RM14866를 이용하여 재조합 개체를 선발하였다. 8.3Mb 위치한 RM218과 11.7Mb에 위치한 RM14866를 이용하여 표현형과 유전자형이 다른 86재조합 개체를 선발하였다. 또한 86 재조합개체와 8.3Mb~12.3Mb사이의 연관마커를 이용해서 1차 fine mapping을 수행한 결과 설갱벼의 분상질에 관여하는 유전자는 3번염색체 10.1Mb의 RD03-25과 10.7Mb의 RM3434사이에 존재하는 것을 확인하였다. 이는 현재까지 알려진 분상질 유전자와 다른 새로운 위치에 존재하고 있어 이유전자를 *flol14(t)*로 명명하였다.

[사서]

본 연구는 농촌진흥청 아젠다 사업(과제번호: PJ01289002018)의 지원에 의해 수행되었다.

*주저자: Tel. 055-350-1169, E-mail, hy4779@korea.kr