

국내 잡초벼 유래 RIL집단을 활용한 밥맛 관련 QTLs 탐색

박슬기^{1*}, 김춘송¹, 백만기¹, 박현수¹, 정종민¹, 이창민¹, 이건미¹, 조영찬¹, 서정필¹, 이점호¹

¹전북 완주군 이서면 혁신로 181 국립식량과학원 작물육종과

[서론]

국내 고유 유전자원을 활용하여 새로운 유전적 배경의 고양식미 품종 개발을 위한 유전 기초정보를 얻고자 잡초벼 유래 RIL 집단에 대한 연관지도를 작성하고 밥맛 관련 형질에 대한 QTL을 탐색하였다.

[재료 및 방법]

자포니카 중생종 벼 품종인 ‘화영’을 모본으로 하고 밥의 윤기치가 높았던 잡초벼 ‘완도앵미 6’을 부분으로 교배하여 F₇ 세대 재조합집단(RIL 집단) 184계통을 육성하였다. RIL 184계통에 대한 식미패널검정, 밥의 윤기치(Toyo meter), RVA, 외관품질(RN 300) 등 밥맛 관련 형질을 조사하였다. QTL 분석을 위해 Infinium 7K SNP chip을 이용하여 RIL 집단에 대한 genotyping을 실시하여 연관지도를 작성하였다. QTL 분석은 ICM Mapping 4.1 버전 프로그램을 이용하여 Composite Position Mapping 방법으로 수행하였다.

[결과 및 고찰]

밥맛은 자포니카 벼 육종 프로그램에서 가장 중요한 형질 중의 하나이나, 우리나라 자포니카 벼 품종의 밥맛은 유전적 배경이 협소하기 때문에 밥맛에 대한 새로운 유전적 배경의 벼 품종 개발을 위해 잡초벼 유래 F₇ 세대 재조합집단(RIL 집단) 184계통을 육성하였다. 양친의 밥맛 관련 주요 형질을 분석한 결과 윤기치와 식미패널검정의 종합식미치에서 ‘완도앵미 6’가 ‘화영’보다 우수한 경향을 나타냈다. 재조합집단에서 대부분의 식미 관련 형질은 정규분포를 보였으나 양친의 범위를 벗어나는 초월변이 계통들도 존재하였다. 주요 식미 관련 형질 간의 상관관계를 분석한 결과 밥의 윤기치와 아밀로스 함량 간에는 정의 유의한 상관을 보였고, 식미패널검정 성적과 밥의 윤기치 간에도 고도로 유의한 정의 상관관계를 나타냈다. 화영/완도앵미 6 재조합 집단의 7K SNP chip 분석 결과 전체 7,098개 SNP 마커 중 모·부분에 대해 다형성을 나타낸 마커는 1,024개로 평균 14.62%의 다형성을 보였다. 다형성을 보인 마커 가운데 missing 데이터가 5% 이하인 558개 마커를 선정하고 그 중 데이터의 충실도를 바탕으로 298개 마커를 최종 선정하여 linkage map 작성에 이용하였다. 유전자 지도 전체 길이는 1453.15cM였고 마커 간의 평균 거리는 4.8cM 이었다. 5번과 12번 염색체에서 연관지도상 분포 마커가 15개와 11개로 적었다. 밥맛 관련 형질을 QTL 분석한 결과 2개의 유의한 QTLs이 탐색되었다. 밥의 윤기치와 관련된 QTL은 7번 염색체의 7883795-7912213 위치에서 LOD값은 2.58이었고 모본인 ‘화영’ allele이 표현형 변이의 9.5%를 설명하였다. 식미패널검정에서 밥맛과 관련된 QTL은 3번 염색체의 3259048-id3011023 마커 위치에서 LOD 2.59 값을 얻었고 모본인 ‘화영’ allele이 표현형 변이의 9.7%를 설명하였다. 본 연구에서 밥맛에 관여하는 형질은 ‘화영’에서 유래된 QTL이 탐색되었으나 연차간 성적을 바탕으로 보다 정밀한 QTL 분석을 추가로 실시할 예정이다. 이를 통해서 밥맛 관련 QTLs와 분자표지를 개발하여 잡종 초기세대의 MAS 육종에 활용 할 수 있도록 할 것이다.

[사사]

본 연구는 농촌진흥청 아젠다 사업 (과제번호: PJ011331022018)의 지원에 의해 수행되었다

*주저자: Tel. 063-238-5217, E-mail. ahsia1004@korea.kr