

## Fluorescence Marker를 이용한 Double Haploid 집단 유전자지도 작성 및 주요 농업적 형질 QTL 분석

강주원<sup>1</sup>, 조준현<sup>1</sup>, 권영호<sup>1</sup>, 조수민<sup>1</sup>, 이지윤<sup>1</sup>, 이종희<sup>1</sup>, 박동수<sup>1</sup>, 고종민<sup>1</sup>, 송유천<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>경상남도 밀양시 점필재로20 국립식량과학원 남부작물부 논이용작물과

### [서론]

93-11/YR30522Acp15의 약배양으로 육성된 150개의 Double haploid 집단을 이용하여 조기, 만기 재배를 실시하고 소득 전 후작에 이용될 단기성 또는 내만식성을 가지는 계통 선발 및 유용 QTL 발굴을 위해 본 실험을 실시하였다.

### [재료 및 방법]

93-11/YR30522Acp15의 F1을 이용하여 약배양을 실시하고 이로 얻어진 150개의 약배양 집단을 Fluorescence marker(KASP marker, Fluidigm marker)를 이용하여 유전분석 하였다. 출수기를 비롯한 주요 농업적 형질을 조기, 만기로 나누어 조사하였으며, QTL분석에는 ICI mapping 프로그램의 ICIM을 이용하였다.

### [결과 및 고찰]

유전자지도 작성을 위해 사용한 374 KASP marker에서는 26.7%인 100개의 marker에서 다형성을 보였고, 192 Fluidigm marker에서는 71.4%인 134개의 marker에서 다형성을 보였으며, 총 234개의 Fluorescence marker를 이용하여 유전자지도 작성을 하였다. 표현형 조사를 위해 실험포장에 조기와 만기로 나누어 공시한 후 두 시기에 출수기를 비롯한 주요 농업적 형질을 조사하였다. 조사형질의 대부분은 정규 분포 하였고, 초월변이를 보이는 계통도 관찰 되었다. 조기와 만기 두 시기의 조사 성적을 이용하여 QTL분석을 실시하였고, 각 형질 별로 다양한 QTL이 탐지 되었다. 조기재배에서 염색체 3, 7, 9번에서 출수기에 관련된 QTL이 탐지 되었고, 만기재배에선 염색체 1, 3, 7, 8, 9번에서 출수기 관련 QTL이 탐지 되었다. 염색체 3, 7, 9번에서 탐지된 QTL은 두 재배시기 모두 영향을 주는 QTL로 확인 되었으며, 염색체 3번에 탐지된 QTL은 기보고된 *Hd6*, *Hd16*의 위치와 비슷했고, 염색체 7번의 QTL은 *Ghd7*, 염색체 9번의 QTL은 *DTH8*의 영향으로 판단된다. 이 외에 간장, 수장, 추출도, 분얼 등에서도 여러 QTL들이 탐지 되었다. 현재 수량관련 요소들을 조사중이며, 출수기와 등숙률, 수량등의 조사자료 등을 고려하여 내만식성 계통을 선발할 예정이다.

### [사사]

본 연구는 농촌진흥청 아젠다 사업(과제번호: PJ011684032018)의 지원에 의해 수행되었다.

\*주저자: Tel. 055-350-1165, E-mail. songyc@korea.kr