PB-65

한아름2/운광 AB-RILs을 이용한 주요 농업형질 관련 QTL 분석

강주원¹, 이종희¹, 조준현¹, 권영호¹, 조수민¹, 신동진¹, 박동수¹, 송유천¹, 고종민¹, 이지윤¹*

¹경상남도 밀양시 점필재로20 국립식량과학원 남부작물부 논이용작물과

[서론]

초다수 통일형 품종 한아름2와 고품질 자포니카 품종 운광의 AB-RIL(Abvanced backcross- recombinant inbred lines)을 이용 하여 통일형 배경에 자포니카의 유전자 이전에 따른 농업적 형질 변화를 관찰하고 유용 QTL 탐색을 위하여 본 실험을 실시하였다.

[재료 및 방법]

한아름2와 운광 조합의 BC_2F_7 세대 689계통을 육성하였다. 양친 간 다형성을 보인 SSR marker를 이용하여 유전분석 및 유전 자지도 작성을 하였다. 출수기 등 주요 농업형질을 조사하고 SAS프로그램을 이용하여 상관분석 및 ICI mapping 프로그램을 이용하여 QTL 분석을 실시하였다.

[결과 및 고찰]

한아름2와 운광 사이에 다형성을 보인 117개(10.8%)의 SSR marker를 이용하여 AB-RIL 집단의 유전자 지도를 작성하였다. 각 계통들의 평균 운광 단편 이입률은 3.8개였고 한아름2로의 회복률은 평균 86.5%였으며, 평균 0.8개의 헤태로 단편을 가지고 있었다.

AB-RIL 집단을 시험포장에 공시하고 출수기, 간장 등 주요 농업적 형질을 조사하였다. 대부분의 형질들이 정규분포를 나타내었고, 초월변이를 보이는 계통들도 일부 관찰 되었다. 각 형질들의 상관분석을 실시한 결과 출수기는 간장, 수장과 고도의 정의 상관을 보였고, 수장과 분얼 사이에는 부의 상관을 보였다. 립장과 천립중은 부의 상관을 보였는데 이는 운광의 영향으로 단원립에 가까워 질수록 천립중이 증가되는 것으로 생각된다. 각 형질별로 QTL분석을 실시한 결과 총 8개의 형질에서 57개의 QTL이 탐색 되었다.

출수기에 관련된 QTL은 염색체 2, 3, 4, 5, 6, 7, 10, 11 번에서 탐색 되었으며, 염색체 2, 3, 4, 7 번에서 탐지된 QTL은 운광 allele 의해 출수기가 늦어지고, 염색체 5, 10, 11 번의 QTL은 출수기를 빠르게 하는 효과가 있었다. 간장에 관련된 QTL은 총 6개가 탐색되었으며, 염색체 1 번의 QTL이 운광벼의 allele에 의해 간장이 커지는데 효과가 있었다. 수장에 관련된 QTL은 총 12개가 탐색되었으며, 이중 7개의 QTL이 운광 allele에 의해 수장이 길어지는 것으로 관찰되었다. 종자의 립형인 립장, 립폭, 립후에 관련된 QTL은 총 20개가 탐색되었으며, 이중 염색체 2 번의 RM12662~RM5699에 위치한 QTL이 운광 allele의해 립폭과 립후를 증가시키는 것으로 나타났다. 이들 영역에 천립중에 관련된 QTL이 2 번 염색체 RM5699~RM1081에 탐색되었으며, 상 관분석 결과와 유사하게 립형과 천립중은 유의한 상관이 있는 것으로 판단된다.

[사사]

본 연구는 농촌진흥청 아젠다 사업(과제번호: PJ010267012018)의 지원에 의해 수행되었다.

*주저자: Tel. 055-350-1164, E-mail. minitia@korea.kr