

Double Haploid 집단 유전자지도 작성 및 출수기 QTL 탐색

강주원¹, 이종희¹, 권영호¹, 조수민¹, 이지윤¹, 조준현¹, 신동진¹, 박동수¹, 고종민¹, 송유천^{1*}

¹경상남도 밀양시 점필재로20 국립식량과학원 남부작물부 논이용작물과

[서론]

93-11/YR30522Acp15의 약배양으로 육성된 141개의 Double haploid 집단을 이용하여 조기, 만기 재배를 실시하고 재배 시기 별 출수기 관련 QTL분석 및 QTL 간의 상호작용 분석을 위해 본 실험을 실시하였다.

[재료 및 방법]

93-11/YR30522Acp15의 F₁을 이용하여 약배양을 실시하고 이로 얻어진 141개의 약배양 집단을 Fluorescence marker(KASP marker, Fluidigm marker)를 이용하여 유전분석을 하였다. 출수기는 조기, 만기로 나누어 조사하였으며, 파종일부터 계통의 50%가 출수하였을 때까지의 일수를 출수기로 하였다. QTL분석에는 ICI mapping 프로그램을 이용하였고, SAS를 이용하여 DMRT(Duncan's multiple range test)를 실시하였다.

[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 마커를 이용하여 유전자지도를 작성하였다. 표현형 조사를 위해 실험포장에 조기와 만기로 나누어 공시한 후두 시기에 출수기를 조사하였다. 인디카 품종인 93-11과 자포니카 품종인 YR30522Acp15의 출수기는 조기재배일 때 각각 112일과 98일, 만기재배일 때 각각 98일, 86일 이었다. DH집단의 출수소요일수는 조기재배에서 90~117일이며, 만기재배에서 82~117일 이었다. 출수기 QTL을 분석한 결과 조기재배 시 3, 7, 9번 염색체에서 3개의 QTL이 탐색되었고, 만기재배 시 1, 3, 7, 8, 9, 10번 염색체에서 6개의 출수기 관련 QTL이 탐색 되었다. 염색체 3번의 id3015453~ah3002520와 염색체 7번의 KJ070_033~id7001998 영역에서는 조기재배와 만기재배 모두에서 전체 표현형 변이 설명력이 높은 major QTL이 탐색되었다. 특히, 만기재배에서 염색체 3번의 *qDTH3*은 LOD 31.4로서 전체 표현형 변이 33.2%를 설명하였으며, 염색체 7번의 *qDTH7*은 LOD 30.7로서 전체 표현형 변이의 31.6%를 설명하였다. 염색체 3번에 93-11의 유전자형을 가진 계통의 조기, 만기 재배 평균 출수기는 각각 104일과 100일이고, YR30522Acp15의 유전자형을 가진 계통의 평균 출수기는 94일, 88일 이었다. 또한, 염색체 7번에 93-11의 유전자형을 가진 계통의 조기, 만기 재배 평균 출수기는 각각 106일과 101일이고, YR30522Acp15의 유전자형을 가진 계통의 평균 출수기는 96일, 89일 이었다. YR30522Acp15의 대립유전자형은 만기재배에서 출수기를 단축하는 효과가 있었다. 또한, *qDTH3*과 *qDTH7*에서 모두 YR30522Acp15 대립유전자형을 가진 계통의 평균 출수기는 조기, 만기 각각 93일과 87일로 1개의 QTL을 가진 계통보다 출수가 단축되었다. 따라서, 이들 2개의 QTL간에 상가적효과가 있는 것으로 판단되었었다. 금후, 자포니카 품종인 YR30522Acp15의 대립유전자형을 가진 *qDTH3*과 *qDTH7*은 인디카 및 통일형 품종의 만기재배 적응성 향상을 위한 유용한 QTL인 것으로 판단된다.

[사서]

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

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