

밀 주요 농업형질 특성 분석 및 관련 분자표지인자 평가

손재환^{1*}, 강천식¹, 정영근¹, 최창현¹, 윤영미¹, 박종호¹, 김양길¹, 박태일¹, 김정호¹, 김보경¹, 이점호¹

¹전라북도 완주군 이서면 혁신로 181 국립식량과학원 작물육종과

[서론]

초장, 분얼 수, 엽수와 같은 밀의 주요 특성은 종자 특성과 함께 밀의 수량에 매우 밀접하게 관련되어 있다. 이와 함께 출수기 및 성숙기는 밀의 주요 농업특성과 더불어 제외할 수 없는 중요한 요인이다. 따라서 본 연구는 국내 밀 육종연구에 효율을 증진 시키고자 *Rht*, *PPD*, *VRN*과 같은 중요한 농업특성에 관련된 분자표지인자를 평가하였고, 실제 육종 선발 지표로서의 활용 가능성을 확인하고자 하였다. 따라서 본 연구는 이들 유전자원에 대한 농업형질 관련 마커를 분석 후 데이터베이스화 하여 육종 효율을 높이고자 수행하였다.

[재료 및 방법]

본 연구는 금강 등 국산 밀 품종을 포함하여 총 608점의 유전자원을 이용하였다. 농업형질에 관련된 분자마커는 간장, 숙기, 파성 등에 관련된 것으로서 *Rht1*, *Ppd1*, *Vrn* 과 같이 총 24개의 분자마커가 분석되었다. 밀의 농업특성과 분자표지인자와의 상관 분석은 R 프로그램을 이용하여 분석하였다.

[결과 및 고찰]

76.64 cm와 76.95 cm로 각각 확인되었다. 이들 자원은 모두 *RhtB1b*와 *RhtD1b*를 동시에 갖고 있는 자원으로 확인되었다. 이와 반대로 간장이 가장 긴 조합은 $a+b+a+b$ 와 $a+a+a+b$ 로 각각 88.26 cm와 82.60 cm로 확인되었다. 이들 자원은 *RhtB1a*와 *RhtD1a*를 동시에 갖고 있는 자원으로 확인되었다. 각각의 분자표지인자 조합과 간장간의 변이가 매우 크게 나타났다. 간장이 가장 짧은 자원은 모두 *RhtB1b*와 *RhtD1b*를 동시에 갖고 있는 자원이었으며, 반대로 간장이 가장 긴 자원은 *RhtB1a*와 *RhtD1a*를 동시에 갖고 있는 자원으로 확인되었다. *Ppd* 유전자 5개 중 *Ppd3*(*Ppd-B6-RdR1F/Ppd 2B-SNP5-R1*) 유전자만 가지는 계통이 120개로 가장 많았고, 그 다음으로 4개 유전자 모두 갖지 않은 계통이 115개로 많았다. *PPD4*는 밀의 출수기와 강한 정의 상관을 나타냈고, *PPD5*는 강한 음의 상관을 나타냈다. 파성과 관련된 있는 *Vrn* 유전자는 모두 15개가 분석되었고, 그 중 3개 유전자는 608개 전 계통에서 증폭되지 않았다. 3개 유전자를 제외한 12개의 유전자형을 분석한 결과 총 201개의 유전자형이 확인되었으며, 상관분석을 통해 *vrn8*과 *vrn15*는 밀의 성숙기와 약한 정의 상관을 나타내는 것을 확인하였고, 이들을 제외한 10개 분자표지인자는 밀의 성숙기와 상관이 없는 것으로 나타났다. 본 연구 결과를 밀 육종프로그램에 효율적으로 사용하기 위해 앞으로 분자마커 유전자형과 밀의 생육조사 결과를 함께 비교 분석하는 등 608개 유전자원에 대한 데이터베이스를 구축할 계획이다.

[사서]

본 연구는 농촌진흥청 아젠다 사업 (과제번호: PJ012464042018)의 지원에 의해 수행되었다.

*주저자: Tel. 063-238-5209, E-mail. pathfinder1@korea.kr