

벼 “중모1024호” 유래 고온 등숙 내성 관련 주요 유전자위 표지

김정준^{1*}, 정종민¹, 정지웅¹, 고재권¹, 김보경¹, 이점호¹

¹전라북도 완주군 이서면 국립식량과학원 작물육종과

[서론]

우리나라 여름철의 기온상승으로 인한 쌀수량 감소와 품질저하가 심각한 수준으로 고온등숙 내성 벼 육종소재 개발이 시급하다. 따라서 고온 등숙 내성 유전자/QTL을 분석하고 연관 마커를 개발하여 전통육종법과 분자유종법을 융·복합한 분자표지 활용 체계를 확립코자 본 연구를 수행하였다.

[재료 및 방법]

고온 등숙 내성 유전자/QTL 분석과 연관 마커 개발을 위하여 남일X중모1024 교잡후대 F₂ 집단 140개체 이용 연관지도 작성과 고온등숙성에 관여하는 유전자위를 표지하였다. 또한, 출수 이후 등숙과정 중 고온노출에 의한 종실표현형 변화를 면밀히 관찰하기 위해 RIL 집단(167계통)을 이용하여 출수기, 간장, 수장, 수수 등 주요 작물학적 특성과 현미완전미율을 평가하였다.

[결과 및 고찰]

고온 등숙 내성 유전자/QTL 분석을 위하여 고온구 및 적온구에서 남일X중모1024 간의 교잡후대 F₂ 집단을 이용하여 현미완전미율을 조사한 결과, 고온구에서의 현미완전미율 평균은 9.7%로 적온구(54.5%)에 비해 매우 낮아졌으나, 중모1024(18.5%)는 원품종 남일(3.4%)에 비해 높았고 F₂ 개체들 중에는 40%에 다다른 개체가 확인되어, 집단 내에서 유전자형 분리가 일어남을 시사하였다. 중모1024의 고온등숙 내성을 지배하는 유전자좌 표지를 위한 유전자형-표현형(현미완전미율) 간의 연관성 분석(Single Locus ANOVA) 결과, 총 4개의 유의한 유전자좌들이 염색체 1번, 5번 및 6번에서 확인되었고, 모두 중모1024의 대립인자에 의해 현미완전미율이 증가되었다. 이들 중 F₂ 집단의 현미완전미율 변이를 가장 크게 설명하는 곳은 염색체 5번 8.79Mbp 영역의 GBS-5-8786635(R²=0.169)와 19.25Mbp 영역의 NJ-044(R²=0.159)로서 우성효과가 미미한 상가적 유전자들로 판단된다. 남일X중모1024 RIL 집단 167계통의 출수기, 간장, 수장, 수수 등 주요 작물학적 특성과 현미완전미율을 조사한 결과, 현미완전미율과 잎도열병 저항성은 기타 형질들(출수일수, 간장, 수장, 수수 및 현미천립중)에 비해 표현형 분산량에 주동유전인자들의 기여도가 클 것으로 판단되었다. 결론적으로 F₂ 집단에서 현미완전미율을 지배하는 것으로 1차 표지되었던 4개의 유전자좌들에 대응하는 대립유전자의 분리양상에 의해 RIL 집단의 현미완전미율이 지배되고 있다고 판단된다. 현재 무작위적으로 선정된 70여개 RIL 계통에 대한 GBS 분석이 수행되고 있다. GBS 마커들이 확보되면 F₂ 집단에서 확인된 4개의 유전자좌들의 표현형에 대한 유전적 기여도를 보다 명확하게 규명할 수 있을 뿐만 아니라, 더 나아가 중모1024의 잎도열병 저항성을 지배하는 목표유전자위도 표지할 수 있을 것으로 기대된다.

[사서]

본 연구는 농촌진흥청 아젠다 사업 (과제번호: PJ01380703)의 지원에 의해 수행되었다.

*주저자: Tel. 063-238-5235, E-mail. jjkim74@korea.kr