

PB-34

## 국내 장수형 밀 계통을 이용한 수량 관련 양적 형질 유전자좌 분석

강성욱<sup>1</sup>, 김경민<sup>2</sup>, 강천식<sup>2</sup>, 전재범<sup>2</sup>, 조성우<sup>3</sup>, 박철수<sup>1\*</sup>

Seong-Wook Kang<sup>1</sup>, JaeBuhm Chun<sup>2</sup>, Seong-Woo Cho<sup>3</sup>, Chul Soo Park<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>전북대학교 작물생명과학과

<sup>2</sup>국립식량과학원

<sup>3</sup>경남과학기술대학교 농학·한약자원학부

<sup>1</sup>Dep. of Crop Science and Biotechnology, Chonbuk National University, Jeonju, 54896, Korea

<sup>2</sup>National Institute of Crop Science, Rural Development Administration, Wanju, 55365, Korea

<sup>3</sup>Dep. of Agronomy and Medicinal Plant Resources, Gyeongnam National University of Science and Technology, Jinju, 52725, Korea

### [서론]

밀 육종의 중요한 목표인 수량성의 향상으로 안정적인 생산량을 확보할 수 있었지만, 지구온난화에 의한 기후변화는 재배환경의 변화를 초래하여 생산량 확보에 어려움을 초래하고 있어, 수량성 증대는 현재까지도 중요한 육종 목표이다. 이 연구에서는 이삭이 긴 장수형 밀 유전분석 집단을 이용하여 수량성 향상을 위한 이삭길이 관련 형질 위치를 파악하기 위한 연관분석을 수행하였다.

### [재료 및 방법]

연관분석을 수행을 위한 금강과 긴 이삭을 가진 태중을 양친으로 한 유전분석 집단 94 계통에서 추출된 DNA는 유전분석 집단의 유전자형분석을 위하여 SSR 표지인자를 이용하여 PCR분석을 수행하였다. 표현형분석을 위한 농업형질분석은 농업과학기술 조사분석 기준에 준하여 조사하였다. 표현형 분석과 유전자형 분석을 수행하여 수량성에 대한 연관분석을 수행하여 양적형질 위치를 탐색하였다. 유전분석 탐색을 위하여 MapMaker/EXP(version 3.0b)와 QTL IciMapping(version 4.0)을 이용하였다.

### [결과 및 고찰]

농업형질 개선을 통한 국내 밀 품종의 수량성 향상을 위해 유전분석 집단인 국내 장수형 계통을 이용하여 농업형질 관련 양적형질 위치를 확인하기 위하여 표현형 분석과 유전자형 분석을 통한 연관분석을 수행하였다. 표현형 분석 결과, 유전분석 집단의 출수기는 평균보다 다소 늦은 출수기쪽으로 편이되는 것을 확인하였으며, 수장은 짧은 쪽으로 편이되는 것을 확인하였다. 그 외 농업형질인 간장과 일수립수는 불편이 양상을 확인하였다. 유전자형 분석 결과에서는 염색체 2A와 5B에서 각각 수장과 관련된 양적형질 위치 *qSL-1*과 *qSL-2*를 확인하였다. 표지인자 *Xcfd5-Xpsp3050*에 의하여 탐색된 *qSL-1*의 기여도는 전체 표현형의 20.7%를 설명하였으며, 표지인자 *Xwmc656-Xwmc415*에 의하여 탐색된 *qSL-2*의 기여도는 40.8%로 주동적 대립형질로 확인되었다. 두 양적형질 위치를 탐지한 SSR 표지인자의 유효성은 국내 밀 29품종에서 확인하였다.

### [Acknowledgement]

본 연구는 농업분야 기후변화 대응기술 개발사업(사업번호: PJ01279201)의 지원에 의해 이루어진 결과로 이에 감사드립니다.

\*Corresponding author: Tel. +82-63-270-2533, E-mail. pcs89@jbnu.ac.kr