

PB-53

콩 100립중 관련 QTL 탐색

강범규^{1*}, 서정현¹, 오재현¹, 김현태¹, 김홍식¹, 최만수², 산지브쿠마르등가나¹, 신상욱¹, 백인열¹, 이정동³, 곽도연¹

¹국립식량과학원 발작물개발과

²국립식량과학원 작물기초기반과

³경북대학교 농업생명과학대학

[서론]

100립중은 콩의 수량 구성요소 중 하나로 수확량 및 용도를 결정짓는 주요 형질이다. 유전분석 집단을 통해 고밀도 연관군 지도를 작성하고 100립중과 관련된 QTL을 탐색하여 관련 유전 정보를 제공하고자 본 실험을 수행하였다.

[재료 및 방법]

‘우람’을 모본으로 ‘밀양257호’를 부분으로 하여 2012년 인공교배하여 SSD 방법을 통해 F7세대 167 재조합 자식계통(RIL) 집단을 양성하고 180K SNP Chip으로 유전형 분석을 수행하였다. 2016~2017년, 2년간 국립식량과학원 대구시험지 시험포장에서 계통을 2반복으로 배치하여 전개하였다. 재배양식은 6월 말 파중, 140×15cm 1휴2열1주1본으로 재배하였다. 100립중은 계통별 3반복으로 100립을 임의 추출하여 무게를 측정하였다. 180,375개 SNP 마커를 이용한 유전형 분석 결과 모부분간 20,364개 마커에서 다형성이 나타났으며, 그 중 최종적으로 5592개 마커를 이용하여 20개 염색체에 대하여 총 2702cM, 마커간 평균 0.5cM의 연관군 지도를 작성하였다. QTL은 IciMapping 4.1을 이용하였다.

[결과 및 고찰]

분산분석 결과 연차 간, 계통 간, 연차 및 계통 상호작용에서 고도로 유의한 차이가 있었고, 블록 간에는 차이가 없었다. 100립중에 대한 광의의 유전력은 81.2%로 본 실험과 집단에서는 유전변이에 의한 표현형 변이가 큰 것으로 분석되었다. 100립중 조사 결과는 2016년에는 ‘우람’ 28.2g, ‘밀양257호’ 23.7g, RIL 집단은 평균 23.1g, 범위 16.5~29.8g, 표준편차 2.9, 분산 8.1, CV(%) 12.4, 왜도 0.1, 첨도 -0.3으로 조사되었다. 2017년에는 ‘우람’ 24g, ‘밀양257호’ 23.1g, RIL 집단은 평균 22.3g, 범위 16.9~29.2g, 표준편차 2.4, 분산 5.8, CV(%) 10.8, 왜도 0.3, 첨도 0.1로 조사되었다. QTL 분석 결과 9개 염색체에서 15개의 QTL이 탐색되었다. 2016년에는 OW2-1 등 5개 QTL이 2번, 6번, 9번, 10번 염색체에서 LOD 4.4~25.4, PEV(%) 3.3~25.8로 탐색되었으며, 2017년에는 2번, 4번, 10번, 11번, 17번, 18번 염색체에서 LOD 3.4~10.4, PEV(%) 3.6~12.0으로 탐색되었다. 2016년에 탐색된 *qOW6-1*이 표현형(PEV(%) 25.8)에 대해 높은 수준으로 설명하는 것으로 분석되었으며, 연차 간 일치하는 구역에서 QTL이 탐색되지는 않았으나 *qOW2-1*(2016)과 *qOW2-2*(2017), *qOW10-1*(2016)과 *qOW10-2*(2017)는 각각 5.42mbp, 4.41mbp 떨어진 곳에 위치하며 해당 구역은 안정적으로 100립중에 영향을 주는 유전부위가 존재하는 것으로 생각되었다.

[Acknowledgement]

본 연구는 ‘콩 품종개발을 위한 유전체 선발모델 현장 적용’ 과제(과제번호: PJ013213032019)의 지원에 의해 이루어진 결과로 이에 감사드립니다.

*Corresponding author: Tel. +82-55-350-1233, E-mail, hellobk01@korea.kr