

**PB-01**

**국내 자포니카 벼 RIL집단을 활용한 식미 특성 분석과 QTLs 탐색**

박슬기<sup>1</sup>, 김석만<sup>1</sup>, 박현수<sup>1</sup>, 백만기<sup>1</sup>, 서정필<sup>1</sup>, 이견미<sup>1</sup>, 이창민<sup>1</sup>, 정종민<sup>1</sup>, 조영찬<sup>1</sup>, 이점호<sup>1</sup>, 김춘송<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>농촌진흥청 국립식량과학원 작물육종과

**[서론]**

고품질 품종을 육성을 위한 식미 관련 고유 유전자를 발굴 및 식미 관련 유전체 연구를 통한 유전적 접근이 활발히 진행되고 있다. 국내 유전자원을 활용하여 우수한 쌀 품종 개발에 이용 가능한 식미 관련 유전자를 분석을 하고자 재조합집단(RIL)에 대한 유전자 지도를 작성하고 식미 관련 특성 분석 및 QTL 탐색을 실시하였다.

**[재료 및 방법]**

국내 육성 자포니카 품종인 밥의 윤기치가 낮은 ‘팔공’을 모본으로 고품질 품종이면서 밥의 윤기치가 높은 ‘하리아미’를 부분으로 교배하여 F<sub>7</sub> 세대 RIL 집단 190계통을 육성하였다. 식미와 관련된 밥의 윤기치(TOYO meter), Rapid Viscosity Analyzer(RVA), 외관품질(RN-300), 이화학적 특성을 조사하였다. 7k SNP chip을 이용하여 팔공/하리아미 RIL 집단의 모본 다형성을 분석하고 genotyping을 실시하여 연관지도를 작성하였다. QTL 분석은 ICiMapping 4.1 프로그램을 이용하여 Composite Position Mapping 방법으로 지도를 작성하고 조사한 식미 특성을 가지고 QTL 분석을 실시하였다.

**[결과 및 고찰]**

식미는 자포니카 벼 육종에 있어서 가장 중요한 형질이지만 주요 유전자가 탐색이 어려워 고품질 품종의 유전적 형질을 탐색하기 위해 팔공/하리아미 RIL 집단 190계통을 육성하였다. 2015~2017까지 3년간 식미 특성의 연차간 변이를 분석한 결과 밥의 윤기치는 모본인 ‘팔공’ 보다 ‘하리아미’가 높게 나타났으며 RVA 특성 중 강하점도는 비슷하였으나 치반점도는 ‘하리아미’가 다소 높은 경향을 보였다. 아밀로스과 단백질 함량은 양친 모두 비슷하였다. 유전자 지도 작성을 위해 7k SNP chip에서 7,106개 SNP 마커 중 다형성을 나타낸 마커는 398개였으며 평균 5.83%의 다형성을 나타냈다. 398개의 마커 중 150개 마커를 선별하여 총길이 1,105.12cM의 유전자 지도를 작성하였다. QTL 탐색 결과 염색체 5번과 6번에서 부분인 ‘하리아미’의 allele이 탐색되었으나 유전자 지도의 마커 분포의 균일도가 낮아 정확한 QTL 탐색이 어려웠다. 추가 마커 탐색을 통해 정밀 유전자 지도를 작성하면 식미 유전자원 탐색 연구에 활용 가능할 것으로 사료된다.

**[사사]**

본 연구는 농촌진흥청 아젠다 사업(과제번호: PJ011331022019)의 지원에 의해 이루어진 결과로 이에 감사드립니다.

\*주저자: Tel. 063-238-5212, E-mail. kcs3925@korea.kr