

PB-017

새일미×남평 F₂ 집단을 활용한 벼 동할미율 관련 QTL 분석이소명^{1*}, 박동수¹, 조수민¹, 권영호¹, 박소연¹, 이종희¹, 고종민¹So-Myeong Lee^{1*}, Dong-Soo Park¹, Sumin Jo¹, Young-Ho Kwon¹, So-Yeon Park¹, Jong-Hee Lee¹, Jong-Min Koh¹¹농촌진흥청 국립식물과학원 남부작물부

[서론]

벼는 세계 3대 식량작물 중 하나이지만 최근 기후변화로 인한 이상고온 조건은 벼 품질에 악영향을 미칠 수 있다. 본 연구에서는 이상고온으로 인한 벼 품질저하 현상 중 동할미율 증가와 관련하여 새일미×남평 F₂ 집단을 유전분석하여 동할미율 관련 QTL을 탐색했다.

[재료 및 방법]

식물체 재료는 2019년 밀양에서 보통기 재배한 새일미×남평 F₂ 집단 899 개체를 이용했다. 이후 해당 집단을 개체별로 수확하여 동할미율을 분석하고 동할미율이 높은 개체 46개체와 낮은 개체 46개체를 선발하여 DNA를 추출했다. 동할미율은 백미시료를 Single-grain Rice Inspector RN600 (Kett, Japan)으로 분석하여 얻었다. 유전자형은 112개의 KASP 마커를 이용해 분석했다. 이후 ICIMapping V.4.1로 유전자형 및 표현형 데이터를 이용하여 양적 유전자좌(Quantitative Trait Loci, QTL) 분석을 했다. 분석 함수는 Kosambi 함수를 이용했고 매핑 방식은 Inclusive Composite Interval Mapping (ICIM) 방식을 활용했다. 분석된 QTL 구간 내 KASP 마커를 이용해 새일미로 여교배된 BC₂F₁ 개체 선발을 진행했다.

[결과 및 고찰]

동할미율은 전체평균이 14.4%, 동할미율이 낮은 집단의 평균이 6.2%, 동할미율이 높은 집단의 평균이 21.9% 이었다. 동할미율이 높았던 개체와 낮았던 개체 및 모부분을 포함한 총 94개의 DNA 샘플을 이용하여 QTL을 분석한 결과 9번과 11번 염색체에서 동할미율 관련 QTL이 발견되었다. 9번 염색체는 13개의 KASP 마커로 분석했으며 마커 간 평균 거리는 1.14Mbp 이었다. 9번 염색체에서 발견된 *qFIS9*은 KJ09_075~KJ09_083 마커 구간에 위치해 있으며 구간 길이는 1.91Mbp이다. *qFIS9*의 LOD값은 3.71이고 전체 표현형 변이의 9.94%를 설명하는 것으로 나타났다. 또한 *qFIS9*이 새일미형 유전자형일 경우 동할미율이 6.45% 증가하는 것으로 분석되었다. 11번 염색체는 17개의 마커로 분석했으며 마커 간 평균 거리는 1.62Mbp 이었다. 11번 염색체에서 발견된 *qFIS11*은 KJ11_007~KJ11_017 마커 구간에 위치해 있으며 구간 길이는 3.10Mbp이다. *qFIS11*의 LOD 값은 8.94이고 전체 표현형 변이의 17.74%를 설명하는 것으로 나타났다. 또한 *qFIS11*이 새일미형 유전자형일 경우 동할미율이 5.77% 증가하는 것으로 분석되었다. 이후 새일미로 여교배된 BC₂F₁ 24 개체를 *qFIS9* 및 *qFIS11* 구간 내에 위치하는 KASP 마커 7개를 이용하여 *qFIS9*와 *qFIS11*에 대하여 동시에 Heterozygote 상태인 개체 4개를 선발했다. 본 연구결과는 내열성을 가진 단기성 벼 육성시 고온등숙 조건에서도 동할미 발생이 적은 품종을 만드는 데에 도움이 될 것으로 판단된다.

*주저자: Tel. +82-55-350-1173, E-mail. olivetti90@korea.kr