

PB-011

유전자칩을 이용한 벼 대립 관련 유전자 분석

원용재^{1*}, 추상호², 안익근³, 현웅조³, 정국현³, 김성국¹, 박향미³, 정응기⁴

¹국립식량과학원 철원출장소

²국립공주대학교 식물자원학과

³국립식량과학원 중부작물과

⁴국립식량과학원 춘천출장소

[서론]

벼의 현미천립중은 최종 수량을 결정짓는 형질이지만 고품질 쌀 생산을 위해서는 적당한 크기가 유리하다. 벼 유전자원 중 SLG1은 현미천립중이 71g으로 가장 무겁고 입형도 커서 관련 유전자 연구에 적합한 재료이다. 입형 관련 유전자를 탐색하여 입중 증대에 의한 한계 수량성 제고와 고품질 쌀 생산 한계 입중 추정 등에 활용할 목적으로 본 연구를 수행하였다.

[재료 및 방법]

밀양23호를 모본으로, SLG1을 부분으로 교배한 조합 F7 164 계통의 RIL 집단을 사용하였다. 정조의 50립중은 2반복 측정하여 평균값을 사용하였고, 정조의 길이, 너비, 두께를 조사하였다. SNP genotyping은 Thermo Fisher사의 Axiom genotyping array platform을 이용하여 개발된 KNU Axiom Oryza 580K Genotyping array chip을 사용하였다. GWAS 분석을 위해 연속적인 값을 가지는 양적 형질에 적용할 수 있도록 R(<http://www.r-project.org>) 환경을 기반으로 한 GAPIT (Genomic Association and Prediction Integrated Tool, Version 3, Cornell University)를 이용하였다. 식물의 양적 형질과 유전변이 사이의 연관성을 검정하기 위해 GAPIT의 혼합선형모형(MLM, Mixed Linear Model)을 이용하였다.

[결과 및 고찰]

입형 관련 형질 간 상관분석 결과 정조의 입중과 길이, 너비 및 두께는 각각 0.67, 0.43, 0.60으로 유의한 정의상관을 보였고, 정조의 두께는 길이 및 너비와 각각 0.53, 0.54로 유의한 정의 상관관계를 보였다. 각 형질의 유전력은 길이, 입중, 두께, 너비 각각 0.77, 0.69, 0.53, 0.31 순으로 높았다. GWAS 분석 결과 $-\log_{10}(p)$ 가 5 이상으로 동정된 SNP position 154,964개 중 길이 관련 877개, 너비 관련 2개, 두께 관련 303개 및 입중 관련 28개가 선발되었다. 이들을 qtaro-db를 이용해 동정한 결과, chr02_8145218, chr2_8147293은 종자의 무게와 너비와 관련된 chromosome 2의 Os02g0244100(GW2)으로 확인되었다. 이 두개의 SNP를 이용하여 haplotype 분석 결과 7개 그룹(Hap1 ~ Hap7)으로 나뉘었다. 길이는 그룹 간 차이가 없었지만, 너비, 두께, 입중은 그룹 간 유의한 차이를 보였다. 이 결과는 향후 우리 품종들의 입형 및 입중 개량에 GW2 유전자를 활용할 수 있을 것으로 판단된다.

[사사]

본 연구는 농촌진흥청 아젠다사업(과제번호: PJ013150072020)의 지원에 의해 이루어진 결과로 이에 감사드립니다.

*주저자: Tel. +82-33-455-2031, E-mail. yjwon@korea.kr