

## PB-09

## 93-11×밀양352호 DH 집단을 활용한 벼 등숙률 관련 QTL 분석

이소명<sup>1\*</sup>, 박동수<sup>1</sup>, 이종희<sup>1</sup>, 조준현<sup>1</sup>, 이지윤<sup>1</sup>, 신동진<sup>1</sup>, 조수민<sup>1</sup>, 차진경<sup>1</sup>, 권영호<sup>1</sup>, 고종민<sup>1</sup>

So-Myeong Lee<sup>1\*</sup>, Dong-Soo Park<sup>1</sup>, Jong-Hee Lee<sup>1</sup>, Jun-Hyeon Cho<sup>1</sup>, Ji-Yoon Lee<sup>1</sup>, Dong-Jin Shin<sup>1</sup>, Sumin Jo<sup>1</sup>, Young-Ho Kwon<sup>1</sup>, Jin-Kyeong Cha<sup>1</sup>, Jong-Min Koh<sup>1</sup>

<sup>1</sup>농촌진흥청 국립식물과학원 남부작물부

## [서론]

벼는 세계 3대 식량작물 중 하나이며, 기후 등 환경변화 속에서 등숙률은 벼의 품질 및 수량 개선에 있어 중요한 요소이다. 본 연구에서는 93-11×밀양352호 DH 집단을 유전분석하여 벼 등숙률 관련 QTL을 탐색했다.

## [재료 및 방법]

식물체 재료는 2018년부터 2020년까지 밀양에서 재배한 93-11×밀양352호 DH 집단 125개를 활용하였다. 2018년은 조기 및 만기 재배, 2019년 및 2020년은 보통기 재배를 하였다. 등숙률은 각 집단마다 3주씩 수확한 등숙시료를 염수선 후 전체 립수에 대한 정립의 비율로 계산하였다. 이후 각 집단마다 DNA 샘플을 추출하여 전체 12개 염색체에서 SNP 기반 마커인 KASP 및 Fluidigm 마커 229개에 대한 유전자형 데이터를 얻어 벼 등숙률 관련 QTL을 분석하였다.

## [결과 및 고찰]

2018년 조기 재배 등숙률 범위는 4.7~86.1%, 평균은 58.6%, 표준편차는 16.54이었으며 만기 재배 등숙률 범위는 1.0~77.6%, 평균은 50.8%, 표준편차는 16.98이었다. 2019년 보통기 재배 등숙률 범위는 15.7~94.1%, 평균은 75.3%, 표준편차는 13.83이었다. 2020년 보통기 재배 등숙률 범위는 7.3~92.3%, 평균은 71.1%, 표준편차는 14.50이었다. 벼 등숙률 관련 QTL 분석 결과 3번, 5번, 8번, 10번 염색체에서 유사한 위치에서 2번 이상 QTL이 탐색되었다. 2018년 조기 재배와 2019년 보통기 재배 시료 분석시 3번과 5번 염색체에서 등숙률 관련 QTL *qRP3*과 *qRP5*가 탐색되었다. *qRP3*의 LOD 값은 5.8~13.4이었으며, 표현형 변이의 12.7~12.8%를 설명하였다. *qRP5*의 LOD 값은 7.1~8.4이었으며 표현형 변이의 7.3~15.7%를 설명하였다. 3번 염색체 *qRP3* 구간에는 돌연변이 발생시 감수분열 및 화분 발달에 이상이 생기는 유전자 *OsAM1*(Os03g0650400)이 포함되었다. 5번 염색체 *qRP5* 구간에는 종자 발달과 관련된 유전자 및 QTL *GW5*(Os05g0187500), *qSW5*, 내염성 및 내건성 관련 유전자 *OsTZF1*(Os05g0195200)이 포함되었다. 2018년 조기 재배와 2020년 보통기 재배 시료 분석시 8번과 10번 염색체에서 등숙률 관련 QTL *qRP8*과 *qRP10*이 탐색되었다. *qRP8*의 LOD 값은 12.2~19.6이었으며, 표현형 변이의 11.3~22.6%를 설명하였다. *qRP10*의 LOD 값은 4.1~11.7이었으며 표현형 변이의 3.4~10.7%를 설명하였다. 10번 염색체 *qRP10* 구간에는 불임 회복과 관련된 유전자 *Rf1*(Os10g0497432), 개화 전 영화 퇴화와 관련된 QTL *ssd10*이 포함되었다.

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