

PB-16

‘한가루’ 배유 특성 관련 유전자 분석안억근¹, 원용재^{2*}, 현웅조¹, 정국현¹, 손범영², 이윤승¹, 박향미¹¹국립식량과학원 증부작물과²국립식량과학원 철원출장소**[서론]**

쌀가루 전용 품종 ‘한가루’의 배유는 찹쌀과 같이 보이지만 멍쌀인 뽕안메 특성을 가지고 있다. ‘일품’ MNU 배유돌연변이 중 뽕안메 특성을 가진 ‘설갱’을 모본, 대립이면서 쌀 튀김에 적합한 ‘대립벼1호’를 부분으로 육성된 품종이다. 현미천립중이 32.9g으로 중대립이고, 분상질립률이 88%로 모본인 ‘설갱’과 유사한 외관을 보인다. 이 특성은 등숙이 불량한 심복백과는 다르지만 외관이 비슷하여 관련 유전자 혹은 표지를 탐색하여 조기 선발 및 계통육성에 활용할 필요가 있어 본 연구를 수행하였다.

[재료 및 방법]

‘한가루’ 배유 특성 관련 유전자 분석을 위하여 원품종인 ‘일품’, 모본으로 활용된 ‘설갱’과 표현형과 유전자형의 확인을 위하여 수원594호(설갱/대립벼1호) 조합 F₅에서 20개체씩 2개 bulk를 만들어 사용하였다. Quality trimming하여 모품종 약 8.5Gb, bulk 약 12Gb 이상의 시퀀스를 분석에 사용하였고, BWA-mem을 이용하여 mapping을 진행하였으며, Picard, GATK(v3.8.1.0) 이용하여 SNP, INDEL vcf(variant call file)를 만들었다. 고 coverage depth, genotype quality 등을 기준으로 filtering하여 variants data를 확보하였다. SnpEff 이용 SNP annotation을 분석하였으며, 이들 중 ‘설갱’, ‘한가루’, bulk가 모두 동일한 유전형질을 가진 variants를 선발한 후 변이 annotation 분석을 하였다.

[결과 및 고찰]

벼 유전체를 대상으로 BWA-mem으로 trimming이 완료된 유전체 유래 reads를 mapping을 진행한 결과 약 99.2%를 보였고, properly paired read 비율은 96.8%로 나타났다. mapping 파일 정보를 보정하고 이를 기반으로 관측된 변이 중 SNP는 1,182,159개, INDEL은 211,530개로 확인되었고, depth coverage는 SNP 16.3x, INDEL 약 14.9x로 추정되었다. 염색체 별 변이 분포는 11번 염색체에서 SNP 17.5%, INDEL 17.7%로 가장 많은 변이를 포함하였다. 총변이 중 고품질 변이 선발을 위한 filtering 결과 SNP 108,404개, INDEL 119,375개를 선발하였고, 이들은 염색체 8, 10, 11, 12번에 밀집해서 존재하였다. 변이에 대한 annotation 분석 결과 SNP변이의 약 6.7%가 genic SNP에 해당하여 단백질 변형을 유발하는 변이로 확인되었다. 이들을 bulk 2개로 유전자형을 비교한 결과 유의한 20개 변이(SNP 4, INDEL 16)를 선발하였고, 이 중 염색체 3번 SNP가 유전자 지역에서 발생하였고, 279번째 아미노산이 Thr에서 Ala 치환이 일어났고, 유전자 기능은 Fructose-6-phosphate-2-kinase/fructose-2,6-bisphosphatase로 알려졌으며, Pfam domain 분석결과 starch binding domain, 6-phosphofructose-2-kinase domain, histidine phosphatase superfamily domain을 가지는 단백질로 나타났다.

[사서]

본 연구는 농촌진흥청 아젠다사업(과제번호: PJ013150072021)의 지원에 의해 이루어진 결과로 이에 감사드립니다.

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