

**PB-6**

**벼 고세대 육성 계통의 도열병 저항성 GWAS 분석**

함태호<sup>1</sup>, 장성규<sup>2</sup>, 산마라<sup>2</sup>, 이주현<sup>1</sup>, 권순욱<sup>2\*</sup>

<sup>1</sup>서울특별시 광진구 능동로 120 건국대학교 식량자원과학과

<sup>2</sup>경상남도 밀양시 삼랑진읍 삼랑진로 1268-50 부산대학교 식물생명과학과

**[서론]**

도열병은 쌀생산량 피해를 주는 주요 원인 중 하나이다. 현대화된 벼 육종시스템에서 저항성 유전자를 갖는 벼 품종의 개발은 가장 효율적인 접근방법 중 하나이다. 시대요구에 따라 다수성, 양질성 및 재배안정성 등 육종목표가 변화하였으나, 소수의 우량계통들의 교배모본 활용으로 인해 육성품종의 유전적 단순화가 가속화되었다. 본 연구에서는 다양한 유전자원에서 도열병 저항성과 관련된 유전자원을 선발하고 관련 유전자 탐색을 목적으로 수행하였다.

**[재료 및 방법]**

시험 재료로는 고세대 우수품종 847 품종을 대상으로 전장유전체연관연구(GWAS)를 수행하였다. 전답에서 도열병 발생을 유기하고 계통별로 저항성 감수성을 조사하였다. 유전체 data는 KNU Axiom Oryza 580K Genotyping Array를 활용하였다. Significance threshold를  $-\log_{10}(P) > 5.17$ 로 설정되었고, Single-trait GWAS분석을 하였다. LD block의 SNPs 는 동일한 QTL로 하여 lead SNP를 선정하고 QTL로 명명하였다. RAP-DB(<http://rapdb.dna.aafrc.go.jp>) 와 Gramene (<http://www.gramene.org>)에서 databases 검색을 통해 단일염기서열(SNP) 위치 및 유전자 annotation 정보를 얻고 후보유전자를 탐색하였다.

**[결과 및 고찰]**

Multi-trait GWAS 분석을 통해 총 16개의 통계적으로 유의미한 SNP가 검출되었으며, LD block을 고려하여, 4개의 lead SNP를 선정하였다. 이들 QTL은 1번, 4번, 11번, 12번 염색체에 각각 1개씩 위치한다.

**[사사]**

본 연구는 한국연구재단 기초연구실지원사업(사업번호: 2021R1A4A2001968)의 지원에 의해 이루어진 결과로 이에 감사드립니다.

\*Corresponding author: E-mail, [swkwon@pusan.ac.kr](mailto:swkwon@pusan.ac.kr) Tel. +82-55-350-5506