

PB-1

밀 핵심집단의 주요 농업형질과 유전자형과의 유전체 연관분석

최창현^{1*}, 강천식¹, 김정민¹, 김경훈¹Changhyun Choi^{1*}, Chon-Sik Kang¹, Kyeong-Min Kim¹, Kyeong-Hoon Kim¹¹전라북도 완주군 이서면 혁신로 181 국립식량과학원 밀연구팀¹Wheat Research Team, National Institute of Crop Science, RDA, Wanju 55365, Korea

[서론]

최근 기후변화에 따른 다양한 내재해성 밀 품종이 요구되며 유전체 데이터를 기반으로 하는 유전체선발(Genome selection)이 정밀육종을 위한 대안으로 거론되고 있다. 본 연구는 이러한 유전체 정보를 기반으로 하는 유전체 선발시스템을 구축하고자 한국형 밀 핵심집단을 구축하고 이들의 농업형질 및 종실형질, 내재해성 형질을 조사하고 있으며, 이 표현형 정보와 SNP chip 정보를 연관 분석(GWAS) 하였다. 본 연구를 통해 얻어진 마커 정보를 통해 개발될 밀 선발 마커는 추후 연구를 통해 밀 고세대 계통 선발에 사용함으로써 국내 환경 맞춤형 밀 계통 선발의 효율성을 증진시킬 것으로 기대한다.

[재료 및 방법]

실험재료로는 밀 핵심집단 614점을 2017년부터 2020년까지 매해 10월 20일에 전주 국립식량과학원 밀연구팀 전작 포장에서 줄뿌림 파종하여 적정 시기별 농업형질을 조사하였다. 표현형 조사항목은 주요 농업형질로써는 초형, 수형, 출수기, 성숙기, 경수, 간장, 일수립수, 천립중, 도복율, 내한성, 수발아(등숙중자의 발아율, GI: germination index) 등 기본 밀 유전자원 특성 조사 항목들로 구성되었다. GWAS 분석은 Axiom breeder's 35K SNP chip 분석 결과와 표현형과의 연관성을 Blink, MLM, MLMM의 각각 모델별로 수행하여 $-\log_{10}(P)$ 가 5 이상인 조건을 만족하는 결과값을 가진 SNP를 선발하였다.

[결과 및 고찰]

2018년부터 2021년까지 4년간 밀 핵심집단 614점(60여개국 자원)의 농업형질을 조사하였다. 출수기는 4월 중순(15일)부터 5월 말(26일)까지 분포되어 정규분포를 구성했으며, 성숙기는 출수기와 가장 높은 연관성을 보이며 5월 말(28일)부터 6월 말(25일, 등숙이 되지 않은 자원 포함)까지 정규분포를 구성하며 분포되어 있다. 4년간 평균 간장(지상에서 이삭 목까지 길이)의 길이는 58cm부터 127cm까지 정규분포를 구성하며 분포하고 있으며, 포장에서 발생한 도복율(관능평가: 1, 3, 5, 7, 9)과의 상관관계는 보이지 않았다($R^2=0.2843$). 도복율은 식물체의 키뿐만 아니라 여러 줄기의 특성(절간 길이, 줄기 속이 찬 정도, 줄기 세포벽 두께, 줄기 성분 조성 및 함량, 관다발의 수 및 발달 정도 등)이 관여할 것으로 판단된다. 간장과 출수 및 성숙기 간의 연관성은 상관관계가 있는 것으로 나타났다($R^2=0.3726$). 이러한 농업적 특성 관련 표현형과 유전자형과의 연관성을 확인하고자 밀 핵심집단의 35K SNP chip과의 연관성을 GWAS(전장유전체연관분석)을 통해 수행한 결과, 간장과 연관성 있는 SNP 18개, 도복과는 15개, 월동 후 내한성은 24개, 경수는 1개, 일수립수는 5개, 천립중은 14개, 수발아는 4개, 종피색은 2개, 출수기는 11개의 SNP를 발굴할 수 있었다. 추후 이들 마커가 밀 육종 프로그램에 도입하여 우수 자원 선발이 가능한지 여부를 육성 계통의 선발에 적용하여 판단할 예정이다.

[사사]

본 연구는 ‘밀 핵심집단을 이용한 내염성 및 내한발성 소재 개발(과제번호: PJ0148232021)’의 지원에 의해 이루어진 결과로 이에 감사드립니다.

*Corresponding author: E-mail, chchhy@korea.kr Tel, +82-63-238-5454