

## PB-2

## 벼 재래종 유전자원의 유묘기 뿌리 발달 관련 전장유전체 연관분석

서정환<sup>1,2</sup>, 이아림<sup>1</sup>, 함태호<sup>3</sup>, 이주현<sup>3</sup>, 권순욱<sup>1,2\*</sup><sup>1</sup>경상남도 밀양시 삼랑진읍 삼랑진로 1268-50 부산대학교 식물생명과학과<sup>2</sup>경상남도 밀양시 삼랑진읍 삼랑진로 1268-50 부산대학교 생명산업융합연구원<sup>3</sup>서울특별시 광진구 능동로 120 건국대학교 식량자원과학과

## [서론]

식물뿌리의 전체 길이 또는 분지근 수 등 다양한 뿌리의 구조는 식물이 토양으로부터 물과 영양을 흡수하여 식물의 성장과 발달, 질병 등 스트레스에 대한 탄력성을 향상시키는데 주요한 역할을 한다. 특히 벼 유묘기 뿌리의 발달은 초기 활착 및 생육에 중요한 형질이다. 본 연구에서는 재래종 유전자원을 대상으로 유묘기 뿌리 성장 특성을 조사하고, GWAS 분석을 수행하여 유묘기 뿌리 발달에 관여하는 QTLs을 선별하였다.

## [재료 및 방법]

농촌진흥청 농업유전자원센터에서 분양받은 벼 재래종 유전자원 211 점에 대하여 20립씩 파종하여 파종 2주후 5개체의 뿌리의 길이와 생체중을 조사하였다. 유전자형 정보는 KNU Axiom Oryza 580K Genotyping Array를 활용하였고, 독립적이고 다형성이 있는 SNP만을 선택하여 70,849개 SNP를 사용하여 GWAS 분석(GAPIT, Lipka et al. 2012)에 활용하였다. Significance threshold를  $-\log_{10}(P) > 4.85$ 로 설정되었다.

## [결과 및 고찰]

GWAS 분석을 통해 유묘기 뿌리 길이와 연관된 3개의 QTL(*qRL3*, *qRL6-1*, *qRL6-2*)이 탐색되었고, 3개 QTL 모두 minor allele frequency(MAF) 0.36 이상을 보였고,  $R^2$ 는 모두 0.125 이상이며  $R^2$  합은 0.397로 나타나, 211개 한국 재래종 벼 뿌리 길이 변이의 약 40%를 본 연구에서 탐색된 QTL로 설명할 수 있는 것으로 나타났다. *qRL6-2* 영역 연관 SNP의 178kb 아래쪽에서 스트레스 조건에서 발현되며, 과발현 시 염, 건조, 저온 스트레스 저항성을 보이는 유전자 *OsiSAP8*이 보고된 바 있다. 탐색된 3개 QTL에 대해 haplotype 분석을 실시한 결과, 총 여섯 개의 haplotype으로 구분되었고, Hap2가 평균 83.2mm로 뿌리 길이가 가장 길었고, Hap3가 평균 65.6mm로 가장 짧았으며 두 haplotype 간에는 유의한 차이가 인정되었다. 선별된 유전자원과 SNP 정보는 향후 뿌리 길이 개선 벼 분자육종에 활용 가능할 것으로 판단된다.

## [사사]

본 연구는 신육종기술사업(사업번호: PJ01480501)의 지원에 의해 이루어진 결과로 이에 감사드립니다.

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