

D-D2-25

TILLING (Targeting Induced Local Lesions in Genomes) analysis with rice mutants

Dong Sub Kim^{1*}, Jae Beom Jeon¹, Jin-Baek Kim¹, Geung-Joo Lee¹, Si-Yong Kang¹, Yong Weon Seo²

¹Department of Radiation Plant Breeding and Genetics, Advanced Radiation Technology Institute, Korea Atomic Energy Research Institute, 1266 Sinjeong, Jeongeup, Jeonbuk, 580-185, Korea,

²Division of Biotechnology and Genetic Engineering, College of Life & Environmental Sciences, Korea University, Anam, Seongbuk, Seoul, 136-701, Korea.

As we now have a lot of genomic information about many organisms, the need for reverse genetic technology is more important. As, with a T-DNA insertion and RNAi technology, TILLING (Targeting Induced Local Lesions in Genomes) is one of the new reverse genetic methods. The TILLING method consists of the construction of a TILLING population and library (DNA), a DNA pooling, a primer construction of target coding regions, a CEL I enzyme cutting, a sequencing by a capillary method or polyacrylamide gel electrophoresis, and the detection of mutated regions. We developed about 3,000 rice mutant lines (M₇-M₉ generation, TILLING population) with a high amino acid accumulation or salt tolerance by in vitro mutagenesis with gamma-rays and extracted DNA (library) from the TILLING population. Various genes coding the enzymes involved in the amino acid biosynthesis will be targeted for a TILLING analysis and for searching for SNP and a small insertion/deletion in rice genome. If the SNP and small insertion/deletion are investigated by a TILLING, the next question is how this polymorphism affects the transcription level and the translation level. This procedure will allow us to validate a correlation between the polymorphism and phenotypes.

This work was supported by a grant (Code 20070501034005) from BioGreen 21 Program, RDA (Rural Development Administration), Republic of Korea.

*corresponding author: Tel. 063-570-3311, e-mail: bioplant@kaeri.re.kr

D-D2-26

국내육성 벼 품종의 미질 및 작물학적 특성 비교분석

이정희*, 오세관, 이정실, 김명기, 홍하철, 황홍구

농촌진흥청 작물과학원 유전육종과

본 연구는 주요 벼 품종의 전분합성 관련 유전자와 미질특성과의 상관관계를 구명함으로써 고품질 벼 품종개발의 기초자료를 데이터베이스화하기 위한 연구의 일환으로 수행되었다. 국내육성 품종의 미질에 관한 객관적인 비교 및 데이터베이스 구축을 위하여 국내에서 육성된 자포니카 80품종과 통일형 12품종을 포함한 벼 92개 품종을 선정하고 동일시기, 동일지역에서 재배하여 작물학적 특성조사와 생산된 시료를 이용하여 미질관련 이화학적 특성을 조사하였다.

미질관련 이화학적특성 및 작물학적특성들의 상관분석 결과, 도요식미치는 단백질함량, 최고 점도, 최저점도, 최종점도, 호화온도와는 고도의 부의상관을, ADV, 아밀로스함량, 백도, 등숙율, 간장과는 고도의 정의상관을 나타내었다. 자포니카 품종군(80품종)내에서도 위와 동일한 결과를 나타내었고, 강하점도에서도 고도의 정의 상관을 보였다. 생태형별 분산분석에서는 ADV를 제외한 형질에서 고도의 유의차가 인정되었고 숙기별 분산분석에서는 조사된 모든 형질에서 고도의 유의차를 나타내었고, 특히 도요식미치, 아밀로스 함량은 중만생종>중생종>조생종 순으로 낮아졌다. 연구 결과 중 국내육성 품종의 도요식미치가 아밀로스함량 및 간장과 정의상관을 보인 것은 기존의 보고와 다른 결과로 추후 보다 세밀한 연구가 이루어져야 할 것으로 생각된다.

*주저자: Tel. 031-290-6890, e-mail: lejehe@rda.go.kr