

PB-012

고시히카리 × 백일미 RIL 유전분석 및 농업형질 분석을 통한 도열병 저항성 QTL 탐색 및 유망계통 선발

하수경^{1*}, 모영준¹, 정지용¹, 정종민¹, 김진희¹

¹농촌진흥청 국립식량과학원 작물육종과

[서론]

고시히카리는 도열병과 쓰러짐에 약하지만 밥맛 좋은 쌀로 유명하고, 육성된 지 60년이 넘는 지금까지도 일본에서 가장 많이 재배되는 품종이다. 고시히카리에 도열병에 강하면서 생육이 빠른 백일미를 교배한 RIL 집단(KBRIL)에서 주요 농업형질을 조사하였다. 또한 도열병 저항성에 대한 유전분석을 수행하여 저항성 유전자의 염색체 상 위치를 규명하고, 고시히카리의 우수한 미질을 보유하면서 도열병에 강한 계통을 선발하였다.

[재료 및 방법]

고시히카리와 백일미 교배를 통하여 육성한 RILs (F₈세대) 394계통을 2019년 국립식량과학원(전주)에서 출수기, 간장, 수장, 수수를 조사하였다. 도열병은 전주, 남원에서 발못자리 검정을 통해 표현형을 평가하였다. 고시히카리×백일미 RIL 집단의 유전분석은 GBS (genotyping by sequencing) 분석이 이루어진 142계통을 활용하여 130개 SNP 마커로 연관지도를 작성하였고, 양적유전자좌(QTL) 분석에는 QTL IciMapping 4.1 프로그램을 활용하였다.

[결과 및 고찰]

고시히카리×백일미 RIL 394계통과 모·부분의 도열병 저항성(전주, 남원) 및 주요 농업형질을 조사하고, 유전분석을 위해 사용된 142계통에 총 130개 SNP 마커를 활용하여 1,272.72 cM의 유전자지도를 작성하였다. 도열병 저항성 QTL 분석 결과 전주에서는 1번 염색체의 *qBL1.1*이, 남원에서는 전주와 동일한 *qBL1.1*과 추가로 2번 염색체의 *qBL2.1*이 탐지되었다. 탐지된 2개의 QTL을 검증하기 위하여 RIL 394계통의 *qBL1.1*과 *qBL2.1* 유전자형을 도출하고 각 QTL의 백일미 대립인자 집적에 의한 도열병 저항성 강화 효과를 관찰하였고, 효과는 지역별로 상이하였다. 또한 *qBL1.1*, *qBL2.1*은 출수기, 간장, 수장, 수수를 포함한 주요 농업형질에는 영향을 미치지 않았다.

고시히카리×백일미 RIL 394계통 중에서 출수기와 간장을 기준으로 고시히카리와 유사하면서 도열병에 약/강한(KS/KR) 계통과 백일미와 유사하면서 도열병에 강한(BR) 계통을 각 15계통씩 선발하였다. KR 그룹은 완전미율이 가장 우수하여 밥맛 검정, 수량성 등 추가조사를 통해 고시히카리의 우수한 밥맛을 지니면서 도열병 저항성을 보유한 고품질 밥쌀용 품종개발에 활용할 계획이다. 또한 BR 그룹은 미질이 우수하면서 출수가 빠른 고품질 품종 개발에 유용할 것으로 기대된다.

[사사]

본 연구는 작물시험연구사업(사업번호: (PJ012484032020)의 지원에 의해 이루어진 결과로 이에 감사드립니다.

*주저자: Tel. +82-63-238-5237, E-mail, rocksue193@korea.kr