

PB-047

진부벼 배경 복합내병충성 재조합자식계통(RILs)을 이용한 임실률 관련 유전자위 탐색

이창민^{1*}, 김석만¹, 서정필¹, 정오영¹, 백만기¹, 이진미¹, 조영찬¹¹농촌진흥청 국립식량과학원 작물육종과

[서론]

자포니카에 인디카와 야생벼를 교배하여 유용유전자를 도입할 경우 후대에서 불임이 발생하여 벼 수확량에 영향을 준다. 본 연구는 진부벼 배경의 복합내병충성 계통인 GPL(SR32816(1)-40-2-B)의 낮은 임실률을 보완하고자 다시 진부벼와 교배하여 RIL 집단을 육성하였고 임실률 관련 유전자위를 탐색하고자 수행하였다.

[재료 및 방법]

진부벼 × GPL 조합 RIL 223계통이 본 연구에 사용되었다. 2019년 전주 시험포장에 공시하여 223계통의 이삭 임실률을 평가하였고 집단의 병해충 저항성 유전자형은 대상 유전자와 밀접하게 연관된 DNA 분자표지인 *Xa4*(10571.T14), *xa5*(10603.T10Dw), *Xa21*(U1/I1), *Pi40*(9871.T7E2b), *Bph18*(7312.T4A)을 이용하였다. 집단의 유전 배경을 분석하기 위해 KASP(Kompetitive Allele-Specific PCR) 마커 196개를 이용하였다. 연관지도 작성 및 양적유전자좌(QTL) 분석에는 QTL IciMapping V4.1 프로그램을 사용하였다.

[결과 및 고찰]

임실률 조사에서 진부벼는 97%로 GPL 보다 약 20% 정도 높은 결과를 보였다. RIL 집단의 임실률 분포는 19.5~100%까지 다양했으며 왼쪽꼬리분포의 형태를 보였다. 임실률을 조사하고 병해충 저항성 검정 마커와 상관분석한 결과 *Xa4*, *xa5*, *Xa21*, *Pi40*은 무상관을 보였으나 *Bph18* 낮은 부의 상관(-0.34)을 보였다. QTL 분석을 진행한 결과 8번, 11번, 12번 염색체에서 관련 QTL이 탐지되었으며 각각 *qST8*, *qST11*, *qST12*로 명명하였는데, 이 중 *qST12*의 LOD 값은 14.4로 표현형변이는 20.98%를 설명하였다. 또한 *qST12*의 물리적 위치는 22.8~25.2 Mb로 *Bph18* 분자표지를 포함하였다. *Bph18*과 *qST12*를 보유한 RIL 계통의 임실률은 보유하지 않은 계통에 비하여 각각 20.3%, 28.2% 낮았다. *qST8*, *qST11*, *qST12*의 임실률에 대한 영향은 *qST12*를 보유한 계통들이 *qST12*를 보유하지 않은 유전자형에 비해 임실률이 낮은 것을 확인할 수 있었다.

[사사]

본 연구는 농촌진흥청 시험연구사업(PJ011872032020)의 지원에 의해 이루어진 결과로 이에 감사드립니다.

*주저자: Tel. +82-63-238-5215, E-mail, cropas@korea.kr