

PB-5

벼 고세대 육성 계통의 종실 모양의 GWAS 분석

함태호¹, 장성규², 산마라², 이주현¹, 권순욱^{2*}

¹서울특별시 광진구 능동로 120 건국대학교 식량자원과학과

²경상남도 밀양시 삼랑진읍 삼랑진로 1268-50 부산대학교 식물생명과학과

[서론]

종자의 외형은 품종의 기호도에 영향을 준다. 다양한 소비자 기호에 맞추는 종자외형 품종을 육성하기 위한 기초연구로, 종자 외형과 관련된 유전자를 탐색하기 위한 GWAS 분석을 진행하였다. 본 연구에서는 하나의 종자외형형질이 아닌, 6개의 종자 외형형질에 대한 multi-trait GWAS 분석을 수행하여 종자외형 관련 형질관련 QTLs을 선발하였다.

[재료 및 방법]

실험 재료로는 고세대 우수품종 952 품종을 대상으로 전장유전체연관연구(GWAS)를 수행하였다. 종자외형 특성 표현형으로는 종실 특성으로 길이, 폭, 두께, 부피중과 천립중을 측정하였다. 유전체 data는 KNU Axiom Oryza 580K Genotyping Array를 활용하였다. Significance threshold를 $-\log_{10}(P) > 5.17$ 로 설정되었고, Multi-trait GWAS 분석을 하였다. LD block의 SNPs는 동일한 QTL로 하여 lead SNP를 선정하고 QTL로 명명하였다. RAP-DB(<http://rapdb.dna.aafric.go.jp>) 와 Gramene (<http://www.gramene.org>)에서 databases 검색을 통해 단일염기서열(SNP) 위치 및 유전자 annotation 정보를 얻고 후보유전자를 탐색하였다.

[결과 및 고찰]

Multi-trait GWAS 분석을 통해 총 58개의 통계적으로 유의미한 SNP가 검출되었으며, LD block을 고려하여, 5개의 lead SNP를 선정하였다. 이들 QTL은 2번, 4번, 6번, 7번, 8번 염색체에 각각 1개씩 위치한다.

[사사]

본 연구는 농촌진흥청 공동연구사업(사업번호: PJ015794)의 지원에 의해 이루어진 결과로 이에 감사드립니다.

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