

PB-13

남평벼 유래 11번 염색체 동할미 저항성 QTL 정밀유전자지도 작성

이소명¹, 박동수¹, 이종희¹, 신동진¹, 박현진¹, 권영호¹, 차진경¹

So-Myeong Lee¹, Dong-Soo Park¹, Jong-Hee Lee*¹, Dongjin Shin¹, Hyeonjin Park¹, Young-Ho Kwon¹, Jin-Kyeong Cha¹

¹농촌진흥청 국립식물과학원 남부작물부

[서론]

벼는 세계 3대 식량작물 중 하나이면서 우리나라의 주요 식량원이기도 하다. 벼가 품질 및 수량을 유지하면서 등숙되려면 등숙기에 고온 스트레스를 피해야 한다. 한편, 최근 기후변화로 인한 이상고온 조건이 증가되고 있으며 이로 인해 동할미가 발생하는 등 벼 품질이 저하될 수 있다. 본 연구에서는 새일미×남평 F₂ 집단 92개체 및 BC₁F₂ 집단 91개체를 활용하여 고온 스트레스로 인한 벼 동할미를 증가와 관련된 QTL을 탐색했다.

[재료 및 방법]

QTL 분석은 2019년 밀양에서 보통기재배한 새일미×남평 F₂ 집단 92개체와 2020년 밀양에서 조기 재배한 새일미×남평 BC₁F₂ 집단 91개체를 이용하였다. 동할미 저항성 QTL 정밀유전자지도는 KASP 마커 2개, InDel 마커 7개를 이용해 작성되었다. 동할미율은 현미 200립을 RN600을 이용하여 측정하였다. 이후 정립에 대한 동할미의 퍼센트 비율을 계산 후 IciMapping 4.1.0.0 버전을 이용하여 11번 염색체 상의 동할미율 관련 QTL을 탐색했다.

[결과 및 고찰]

2019년 밀양에서 보통기재배한 새일미×남평 F₂ 집단 92개체를 KASP 마커 유전자형 및 동할미율 데이터를 바탕으로 QTL을 분석한 결과 11번 염색체 2.83-5.01Mb 영역 및 9번 염색체 21.01-22.17Mb 영역에서 동할미율 관련 QTL이 발견되었다. 9번 염색체 상의 동할미 저항성 QTL *qFIS9*은 LOD 값이 3.71이면서 전체 표현형 변이의 9.94%를 설명하였고 11번 염색체 상의 동할미 저항성 QTL *qFIS11*의 LOD 값은 8.94이고 전체 표현형 변이의 17.74%를 설명한다고 나타났다. 이 중 11번 염색체 상의 동할미 저항성 QTL *qFIS11*의 정밀유전자지도 작성을 위해 새일미를 반복친으로 여교배한 새일미×남평 BC₁F₂ 집단 91개체를 육성했다. 이 여교배 집단을 활용하여 다시 QTL을 분석한 결과 11번 염색체 3.91-4.79Mb 영역에서 LOD는 3.34이고 전체 표현형 변이의 16.13%를 설명하는 QTL이 탐색되었다. 해당 영역 내 유전자형이 완전미율이 높은 품종인 남평 유형일 경우 BC₁F₂ 개체의 동할미율 역시 낮아지는 것으로 나타났다. *qFIS11*은 동할미 발생 관련 신규 QTL로서, 해당 QTL의 정밀유전자지도 작성은 벼 내열성 관련 육종의 실마리가 될 것이다.

[사사]

본 연구는 농촌진흥청 연구사업(사업번호: PJ01477403)의 지원에 의해 이루어진 결과로 이에 감사드립니다.

*Corresponding author: E-mail, ccriljh@korea.kr Tel, +82-55-350-1168