

## OB-02

## 들깨 들불병 저항성 자원을 이용한 분리집단 육성 및 병 저항성 관련 QTL 분석

김상우<sup>1\*</sup>, 김정인<sup>1</sup>, 이은수<sup>1</sup>, 이명희<sup>1</sup>, 김성업<sup>1</sup>, 오은영<sup>1</sup>, 이정은<sup>1</sup>, 김민영<sup>1</sup>, 조광수<sup>1</sup>, 김춘송<sup>1</sup>

<sup>1</sup>농촌진흥청 국립식량과학원 남부작물부 발작물개발과

## [서론]

2009년 이후 김해, 부산, 밀양 등 잎들깨 시설재배농가에서 잎이 황화되고 괴사되면서 생육이 지연되는 들불병(*Pseudomonas amygdali* pv. *tabaci*)이 발생하였으며, 잎들깨 생산에 큰 제한요인이 되고 있다. 본 연구에서는 들깨 들불병 저항성 자원인 'YCPL547'과 감수성 품종인 '남천'을 2021년 교배하여 F<sub>1</sub>, F<sub>2</sub>, F<sub>3</sub> 세대를 양성하였고, F<sub>2</sub> 집단의 유전분석과 F<sub>3</sub> 계통의 병 저항성 검정결과를 통해 들깨 들불병 저항성 관련 QTL을 탐색하였다.

## [재료 및 방법]

식물체 재료로 들깨(*Perilla frutescens*) 들불병 저항성 자원인 'YCPL547'과 감수성인 잎들깨 품종 '남천'을 2021년 인공교배하여 세대진전한 F<sub>2</sub> F<sub>3</sub> 집단을 활용하였다. 모부본으로 쓰인 'YCPL547'과 '남천'은 WGS(Whole genome sequencing)를, F<sub>2</sub> 283 점은 GBS(Genotyping by sequencing)를 수행하였다. 세대를 내려 F<sub>3</sub> 283 계통을 한 계통당 20개체를 대상으로 들불병 접종을 하였으며 각 개체별 병징의 면적에 따라 발병지수(DSI)를 부여하였다. 그리고 다음의 식으로 각 계통의 발병률을 계산하였다. 발병률(PDI) = 개체별 발병지수(DSI)합계 / { 3(개체별 발병지수 최대값) \* 총 관찰개체수 } \* 100 이후 GBS 분석을 통해 획득한 SNP를 양친과 비교하여 mapping-용 matrix를 작성하였으며 Kosambi 함수를 이용하여 유전적 거리를 계산하였다. IciMapping 4.2을 사용하여 유의수준(P<0.05)으로 1000회의 permutation을 실시하여 유의성 있는 LOD(logarithm of the odds) 임계값을 결정하였고 조건에 맞는 QTL 영역을 탐색하였다.

## [결과 및 고찰]

양친 'YCPL547'과 '남천'을 WGS 분석한 결과 총 1,592,271개 SNP를 확보할 수 있었다. 그리고 F<sub>2</sub> 283 점의 GBS 결과 선발된 2,995개를 이용하여 길이 2,260,589cM, 평균마커 사이 간격 0.779cM의 유전자지도를 작성할 수 있었다. GBS 분석을 통해 얻은 2,995개의 SNP마커와 F<sub>3</sub> 각 계통의 들불병 저항성 검정 결과(PDI)를 이용하여 QTL 분석을 수행한 결과 LOD 임계값이 8.07로 확인되었고 13번 염색체에서 총 2개의 영역을 확인할 수 있었다. 각 영역을 살펴보면 530cM 위치에 10.15의 LOD 값을 가지고 14.37%의 PVE 값을 나타내는 것과 582cM 위치에 14.85의 LOD 값을 가지고 21.77%의 PVE 값을 나타내는 것을 관찰할 수 있었다.

## [사서]

본 연구는 '기계화 및 가공적성 우수 용도별 유지작물 신품종 육성' 과제(과제번호: PJ014254042023)의 지원에 의해 이루어진 결과로 이에 감사드립니다.

\*Corresponding author: E-mail, kimsw1021@korea.kr Tel. +82-55-350-1224