

## PB-32

## 고시히카리 × 백일미 재조합순계집단(RIL)을 이용한 벼 도열병 저항성 유전자위 탐색

모영준<sup>1\*</sup>, 하수경<sup>1</sup>, 정지웅<sup>1</sup>, 김우재<sup>1</sup>, 정종민<sup>1</sup>, 김보경<sup>1</sup><sup>1</sup>농촌진흥청 국립식량과학원 작물육종과

## [서론]

도열병은 병원균 *Magnaporthe grisea*에 의하여 발생하여 벼의 수확량과 품질을 심각하게 감소시키는 주요 병해로, 저항성 품종 육성 및 저항성 유전자 동정을 위한 연구가 활발하게 진행되고 있다. 본 연구는 고시히카리×백일미 RIL 집단을 이용하여 백일미 유래 도열병 저항성 유전자위를 탐색하고자 수행하였다.

## [재료 및 방법]

고시히카리×백일미 유래 RIL 집단 142계통이 본 연구에 사용되었으며, 도열병 균계 NC11-168과 NC14-054을 접종하여 도열병 저항성을 평가하였다. 유전형은 제한효소 *ApeKI*를 활용한 GBS(genotyping-by-sequencing)를 통하여 분석하였다. 연관 지도 작성 및 양적유전자좌(QTL) 분석에는 QTL IciMapping V4.1 프로그램을 사용하였다.

## [결과 및 고찰]

잎도열병 유묘검정에서 백일미는 고시히카리에 비하여 매우 강한 저항성 반응을 보였다. 특히 백일미는 1985~2014년에 국내에서 수집한 다양한 도열병 균계 35개에 대해서도 광범위한 저항성을 보였다. 두 도열병 균계 NC11-168과 NC14-054을 이용하여 고시히카리×백일미 RIL 142 계통의 도열병 저항성을 평가하고 QTL 분석을 진행한 결과 1번 염색체 하단의 106.4~117.5 cM(물리위치 30.0~34.8 Mb)영역에서 주동 유전자위가 탐지되어 *qBL1<sup>BM</sup>*으로 명명하였다. 두 균계 NC11-168 및 NC14-054 저항성에 대한 *qBL1<sup>BM</sup>*의 LOD 값은 각각 25.0, 14.0이었으며 표현형 변이는 48.7%, 35.1%를 설명하였다. 해당 유전자위에서 백일미 유래 저항성 대립인자를 보유한 RIL 계통은 고시히카리 유래 감수성 대립인자 보유 계통에 비하여 균계 NC11-168과 NC14-054에 대한 저항성 정도가 각각 2.0, 1.2만큼 향상되었다(0: 매우 강함~5: 매우 약함). 백일미 유래 *qBL1<sup>BM</sup>*은 도열병 저항성 벼 품종 개발에 유용할 것으로 기대된다.

## [Acknowledgement]

본 연구는 농촌진흥청 시험연구사업(PJ01248403)의 지원에 의해 이루어진 결과로 이에 감사드립니다.

\*Corresponding author: Tel. +82-63-238-5232, E-mail. moyj82@korea.kr